



(19)



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA

(11) Número de publicación: **2 364 152**

(51) Int. Cl.:
C12N 15/82 (2006.01)

(12)

TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

(96) Número de solicitud europea: **05749568 .1**

(96) Fecha de presentación : **25.04.2005**

(97) Número de publicación de la solicitud: **1737965**

(97) Fecha de publicación de la solicitud: **03.01.2007**

(54) Título: **Secuencias de nucleótidos y polipéptidos codificados por ellas, útiles para la modificación de las características de eficacia de utilización del nitrógeno en plantas.**

(30) Prioridad: **23.04.2004 US 564659 P**

(45) Fecha de publicación de la mención BOPI:
25.08.2011

(45) Fecha de la publicación del folleto de la patente:
25.08.2011

(73) Titular/es: **CERES, Inc.**
1535 Rancho Conejo Boulevard
Thousand Oaks, California 91320-1440, US

(72) Inventor/es: **Schneeberger, Richard;**
Margolles-Clark, Emilio y
Magpantay, Gerard

(74) Agente: **Arpe Fernández, Manuel**

ES 2 364 152 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

Secuencias de nucleótidos y polipéptidos codificados por ellas, útiles para la modificación de las características de eficacia de utilización del nitrógeno en plantas.

Campo de la invención

La presente invención se refiere a la utilización de polinucleótidos aislados y los polipéptidos codificados por ellos, para la obtención de plantas transgénicas con una mayor eficacia de utilización del nitrógeno. La presente invención se refiere asimismo a la utilización de dichas secuencias de nucleótidos en el ámbito de la ingeniería genética de las plantas, para la obtención de una mayor capacidad de asimilación y de utilización del nitrógeno, a fin de que crezcan más, de forma más eficaz o con mayor rapidez, y/o tengan un contenido de nitrógeno enriquecido en partes de la planta vegetativas y/o reproductivas y/o un aumento de la biomasa. Más concretamente, esta invención se refiere a la fabricación de plantas transgénicas diseñadas de forma que se altere la expresión de componentes clave en los mecanismos de asimilación y utilización del nitrógeno. Las plantas sometidas al proceso de ingeniería pueden cultivarse de forma productiva en condiciones de bajo aporte de fertilizante nitrogenado o en terrenos pobres en nitrógeno. Alternativamente, las plantas modificadas mediante ingeniería pueden utilizarse para conseguir unos cultivos que crezcan o maduren con mayor rapidez, unas cosechas más abundantes y/o unos productos más nutritivos en condiciones de cultivo ideales.

Antecedentes de la invención

El nitrógeno suele ser con frecuencia el elemento que constituye el factor límite en el crecimiento de la planta, y todos los cultivos agrícolas tienen una dependencia fundamental de fuentes de nitrógeno exógenas. Los abonos nitrogenados, que suelen suministrarse en forma de nitrato de amonio, nitrato potásico, o urea, suelen representar un 40% de los costes asociados a cultivos como el del maíz y el trigo en la agricultura intensiva. Una mayor eficacia en la utilización del nitrógeno por parte de las plantas debería permitir la consecución de unos mayores rendimientos con los actuales aportes de fertilizante y/o permitir la obtención de las cosechas actuales con un menor aporte de fertilizante, o conseguir unos mayores rendimientos en terrenos de baja calidad. También se pueden producir de forma más rentable unas mayores cantidades de proteínas en los cultivos.

Las plantas cuentan con diversos medios para hacer frente a las deficiencias de nutrientes, como una reducida disponibilidad de nitrógeno. Están constantemente tratando de detectar el nitrógeno disponible en el suelo, y responden en consecuencia, modulando la expresión del gen. Aunque se han realizado muchos descubrimientos en torno al nitrógeno y a los componentes que participan en la regulación de su absorción y utilización, todavía se desconocen muchas cosas acerca de un gran número de estas complejas interacciones. Por este motivo, resulta interesante cuando se observa que un gen con una función conocida o desconocida presenta una respuesta al nitrógeno, ya que abre nuevas posibilidades y perspectivas sobre la utilización del nitrógeno y la eficiencia de la utilización del nitrógeno en un entorno competitivo (es decir, con niveles bajos y/o elevados de nitrógeno).

Las plantas cuentan con diversos medios para hacer frente a las deficiencias de nutrientes. Uno de los mecanismos más importantes para ello consiste en secuestrar o almacenar el nitrógeno en épocas de abundancia para su posterior utilización. Los transportadores de péptidos son una de las clases de proteínas que es probable que participen en este proceso. Existen muy pocos informes publicados en relación con los transportadores de péptidos en plantas, lo que indica que su función en el crecimiento y desarrollo de la planta está aún sin explorar. Los transportadores de péptidos son transportadores mediados por portadores y dependientes de la energía. Los péptidos, que se han internalizado en la célula, se descomponen en aminoácidos, que a su vez se utilizan como fuentes de nitrógeno y carbono. La sobreexpresión de un transportador de péptidos puede proporcionar nitrógeno a una planta de forma más adecuada, lo que constituye una ventaja en entornos competitivos en nitrógeno (N). La utilización de un inhibidor de asimilación del nitrógeno como representación de este entorno competitivo proporciona un filtro muy útil para los candidatos que tienen una mejor eficiencia en el uso del nitrógeno (NUE). Este filtro proporciona un método bien definido para la identificación de los candidatos N, ya que elimina el carácter subjetivo de la limitación de los filtros de N en función de ligeros incrementos en el tamaño y verdor.

Resumen de la invención

Por lo tanto, la presente invención se refiere a la utilización de polinucleótidos aislados y los polipéptidos codificados por ellos, para la creación de plantas transgénicas con una NUE.

En el campo agrícola y forestal se realizan constantes esfuerzos para producir plantas con un mayor potencial de crecimiento, para alimentar a la siempre creciente población mundial y garantizar el suministro de materias primas reproducibles. Normalmente, esto se lleva a cabo mediante la cría y selección de las plantas. No obstante, para el proceso de cría suele ser necesario invertir mucho tiempo y trabajo. Además, deben llevarse a cabo los adecuados programas de reproducción para cada especie vegetal correspondiente.

Se han logrado avances parciales mediante la manipulación genética de las plantas, o lo que es lo mismo, introduciendo y expresando moléculas de ácido nucleico recombinantes en plantas. Estos métodos presentan la ventaja de que por lo general no se limitan a una sola especie vegetal, sino que pueden transferirse entre diversas especies de plantas. Por ejemplo, el documento EP-A 0 511 979 describe la expresión de un gen de la asparagina sintetasa procariota en células vegetales, que implica el incremento de la producción de biomasa. Igualmente, el documento WO96/21737 describe plantas con un mayor rendimiento (potencial de crecimiento) como consecuencia de un aumento en la tasa de fotosíntesis y de la expresión de fructosa-1,6-bisfosfatasa desregulada o no regulada.

Sorprendentemente, se observó que la expresión de las proteínas utilizadas de acuerdo con la invención implica específicamente un aumento del potencial de crecimiento.

El término “aumento del potencial de crecimiento” se refiere preferiblemente a un continuo crecimiento a bajos niveles de nitrógeno, con o sin elevadas cantidades de ácido abscísico, una mejor recuperación del suelo tras la exposición a un medio bajo en nitrógeno y abundante en ácido abscísico, y a una mayor tolerancia a la variabilidad de las condiciones del nitrógeno. Preferiblemente, dicho aumento del potencial de crecimiento conlleva un incremento de la NUE.

La invención se refiere al uso de ácidos nucleicos y polipéptidos para mejorar la eficiencia en el uso del nitrógeno, de acuerdo con lo definido en las reivindicaciones.

Breve descripción de las tablas individuales

Las Tablas I-A-J aportan información acerca de cada uno de los nucleótidos, incluyendo la información relativa a la secuencia, la descripción de la función de cada secuencia y los resultados experimentales. Dicha información se presenta en los campos siguientes:

A: Número de informe.

B: Esta entrada indica la ID del cDNA de Ceres y la ID del Clon Ceres.

C: Esta entrada identifica una función específica que se puede modular utilizando el gen.

D: Esta entrada identifica qué rasgo genético modulan el gen, sus productos genéticos y sus homólogos/ortólogos.

E: Esta entrada identifica qué sub-rasgos genéticos pueden modular el gen, sus productos genéticos y sus homólogos/ortólogos.

F: Esta entrada resume la función del gen, basada en los datos de expresión y el fenotipo observado.

G: Esta entrada proporciona un comentario detallado del uso del gen, en función del análisis experimental y por ordenador.

H: En esta entrada se comenta el uso del gen, sus productos genéticos y sus homólogos/ortólogos en especies diferentes de la *Arabidopsis*.

I: Esta entrada proporciona la secuencia de ácido nucleico determinada a partir de los datos del Clon Ceres.

J: Esta entrada proporciona la secuencia de ácido nucleico determinada a partir de las plantas transformadas.

K: Esta entrada proporciona la secuencia proteínica traducida del cDNA.

L: Esta entrada identifica las secuencias públicas que muestran similitudes con la proteína identificada en el campo “K”.

M: Esta entrada indica cualesquiera diferencias entre la secuencia proteínica identificada en el campo “K” y otras secuencias similares identificadas en el campo “L”.

N: Esta entrada identifica las secuencias proteínicas que desempeñan actividades similares a la secuencia proteínica identificada en el campo “K”. Las secuencias que aparecen en este campo se identifican mediante la ID del Clon Ceres, la ID del cDNA de Ceres o un número “gi”. Siempre que es posible, se incluye una secuencia de nucleótido que codifica la proteína. Obsérvese que una proteína específica se puede identificar por más de un número “gi”. En estos casos, tan sólo se incluye una secuencia de nucleótido correspondiente a uno de los números “gi”. Pueden encontrarse otras secuencias de nucleótidos correspondientes a los restantes números “gi” en Internet, en la página de NCBI.

ES 2 364 152 T3

O: Este campo contiene información de secuencia para una secuencia de consenso obtenida a partir de las secuencias ortólogas indicadas en el campo “N”. Esta secuencia de consenso indica qué aminoácidos aparecen en cada posición.

P: Esta entrada identifica el promotor enlazado de forma operativa a la secuencia de ácido nucleico del campo “J” en los experimentos que generaron los datos del fenotipo.

Q: Esta entrada proporciona la ID de la línea de plantas o evento que demuestra un índice de segregación estadísticamente significativo con respecto al fenotipo observado.

R: Esta entrada proporciona datos cualitativos y cuantitativos generados en los experimentos del fenotipo. Los datos se organizan en tablas discretas, y cada tabla proporciona resultados para una línea, ensayo, tratamiento y/o evento específicos.

S: Este campo contiene dos tablas (Tabla S-1 y Tabla S-2). La Tabla S-1 de esta entrada proporciona la comparación de la transcripción de la secuencia de ácido nucleico del campo “J” en plantas sometidas a diversas condiciones experimentales. La Tabla 2 proporciona los parámetros de cada experimento indicado en la Tabla 1.

T: Este campo describe los materiales y métodos utilizados para llevar a cabo los experimentos de filtrado y caracterización del fenotipo.

La Tabla II proporciona los resultados del análisis ortólogo de secuencias. La tabla se divide en cuatro partes (A-D), y cada parte proporciona los resultados del análisis para una secuencia. La primera secuencia indicada en cada sección de la tabla describe la “Secuencia de Búsqueda” que se utilizó como secuencia de búsqueda para determinar la existencia de ortólogos. La siguiente lista de “Coincidencias” proporciona la secuencia de aminoácidos correspondiente a cada proteína que se ha determinado que es un ortólogo de la “Secuencia de Búsqueda”. Los aciertos se obtuvieron a partir de la base de datos propietaria de los solicitantes (identificada como “Clon Ceres”) o de la base de datos pública GENBANK (identificada como “gi”). Cada sección de la tabla concluye con una secuencia de consenso para dicho grupo ortólogo. Los códigos correspondientes a la secuencia son los mismos que los de la Tabla I.

Se observará que aunque los ortólogos se definen en función de su secuencia de aminoácidos, también se describen secuencias de nucleótidos que codifican cada una de las secuencias proteínicas ortólogas.

Debido a la degeneración del código genético, pueden utilizarse diferentes codones de nucleótidos para la codificación de un aminoácido específico. Una célula huésped suele mostrar un patrón preferido de utilización del codón.

Las secuencias de ácido nucleico suelen construirse de forma que utilizan el patrón de uso del codón de la célula huésped específica. Por lo general, esto mejora la expresión de la secuencia de ácido nucleico en una célula huésped transformada. Cualquiera de las secuencias de ácido nucleico y aminoácidos anteriormente descritas puede modificarse de forma que refleje la utilización del codón preferido de una célula huésped u organismo en el que actúan de contenedores. La modificación de una secuencia de ácido nucleico para una utilización óptima del codón en plantas se describe en la Patente estadounidense N° 5.689.052. Las variaciones adicionales de las secuencias de ácido nucleico pueden codificar proteínas que tengan unas características equivalentes o superiores en comparación con las proteínas a partir de las cuales se han realizado.

Debe comprenderse que ciertos aminoácidos pueden reemplazarse por otros aminoácidos en una estructura de proteína o péptido (y la secuencia de ácido nucleico que la codifica) sin que se produzca un cambio apreciable o pérdida de su utilidad o actividad biológica. Por ejemplo, las sustituciones de aminoácidos se pueden llevar a cabo sin una pérdida apreciable de capacidad de enlace interactiva en las regiones de enlace de antígeno de los anticuerpos, o en los puntos de enlace de las moléculas sustrato. Las modificaciones pueden tener como resultado cambios conservadores o no conservadores en la secuencia de aminoácido. Los cambios en el aminoácido pueden lograrse mediante el cambio de los codones de la secuencia de ácido nucleico, de acuerdo con los codones que se facilitan en la Tabla A.

TABLA A

Degeneración del codón de los aminoácidos

	Aminoácido	Una letra	Tres letras	Codones
5	Alanina	A	Ala	GCA GCC GCG GCT
	Cisteína	C	Cys	TGC TGT
	Ácido aspártico	D	Asp	GAC GAT
	Ácido glutámico	E	Glu	GAA GAG
10	Fenilalanina	F	Phe	TTC TTT
	Glicina	G	Gly	GGA GGC GGG GGT
	Histidina	H	His	CAC CAT
	Isoleucina	I	Ile	ATA ATC ATT
	Lisina	K	Lys	AAA AAG
15	Leucina	L	Leu	TTA TTG CTA CTC CTG CTT
	Metionina	M	Met	ATG
	Asparagina	N	Asn	AAC AAT
	Prolina	P	Pro	CCA CCC CCG CCT
	Glutamina	Q	Gln	CAA CAG
20	Arginina	R	Arg	AGA AGG CGA CGC CGG CGT
	Serina	S	Ser	AGC AGT TCA TCC TCG TCT
	Treonina	T	Thr	ACA ACC ACG ACT
	Valina	V	Val	GTA GTC GTG GTT
25	Triptófano	W	Trp	TGG
	Tirosina	Y	Tyr	TAC TAT

Es bien conocido en la técnica que uno o más aminoácidos de una secuencia nativa pueden sustituirse por otros aminoácidos, cuya carga y polaridad sean similares a las del aminoácido nativo, es decir, una sustitución conservadora del aminoácido, con lo que se produce un cambio silencioso. Los sustitutos conservadores de un aminoácido en la secuencia nativa de polipéptidos se pueden seleccionar entre otros miembros de la clase a la que pertenece el aminoácido. Los aminoácidos pueden dividirse en los cuatro grupos siguientes: (1) aminoácidos acídicos (con carga negativa), como el ácido aspártico y el ácido glutámico; (2) aminoácidos básicos (con carga positiva), como la arginina, la histidina y la lisina; (3) aminoácidos polares neutros, como la glicina, serina, treonina, cistina, tirosina, asparagina y glutamina; y (4) aminoácidos neutros no polares (hidrófobos), como la alanina, leucina, isoleucina, valina, prolina, fenilalanina, triptófano y metionina.

La Tabla III proporciona los resultados de la alineación de parejas de secuencias para cada uno de los grupos ortólogos que se describen en la Tabla II, y específicamente, el alineamiento de la “Secuencia de Búsqueda” de la Tabla II con cada uno de sus ortólogos identificados. Los resultados que se muestran en la Tabla III, al igual que los de la Tabla II, se dividen en cuatro partes (A-D) correspondientes a los resultados de una secuencia, y el código de letra de la subparte corresponde al mismo código de letra de las subpartes de la Tabla II.

La Tabla IV proporciona la alineación por parejas de dos secuencias específicas.

La Tabla V proporciona un resumen de las diversas tablas correspondientes a varias de las secuencias, estableciendo una correlación para cada secuencia con los diversos identificadores utilizados en las Tablas (es decir, el Número de Informe. El cADN Ceres, la ID del clone y el n° de línea ME) así como la ubicación de la información comunicada para cada secuencia.

Descripción detallada de la invención

1. Definiciones

Se utilizarán los siguientes términos a lo largo de esta solicitud:

Variante alélica: Una “variante alélica” es una forma alternativa del mismo SDF, que reside en el mismo locus cromosómico del organismo. Las variaciones alélicas se producen en cualquier porción de la secuencia del gen, incluyendo las regiones reguladoras. Las variantes alélicas pueden surgir por variación genética normal en una población. Las variantes alélicas también se pueden producir mediante métodos de ingeniería genética. Una variante alélica puede encontrarse de forma natural en una planta, incluyendo una variante cultivar o ecotipo. Una variante alélica puede dar lugar o no a un cambio fenotípico y puede o no estar expresada. Un alelo puede dar lugar a un cambio detectable en el fenotipo del rasgo genético representado por el locus. Un alelo fenotípicamente silente puede dar lugar a un producto.

Quimérico: El término “quimérico” se utiliza para describir genes, como se ha descrito anteriormente, o constructos en los que al menos dos de los elementos del gen o constructo, como el promotor o la secuencia de codificación y/u otras secuencias reguladoras y/o secuencias de relleno y/o los complementos de las mismas, son heterólogos entre sí.

Promotor constitutivo: Los promotores que aquí se denominan “promotores constitutivos” promueven activamente la transcripción en la mayoría, pero no necesariamente en todas las condiciones medioambientales y fases de desarrollo o diferenciación celular. Entre los ejemplos de promotores constitutivos destacan la región de iniciación del transcripto 35S del virus del mosaico de la coliflor (CaMV) y el promotor 1' o 2' obtenido del T-ADN del *Agrobacterium tumefaciens*, y otras regiones de iniciación de la transcripción procedentes de diversos genes vegetales, como el promotor de la ubiquitina de maíz-1, conocido para cualquier persona versada en la materia.

Expresado coordinadamente: El término “expresado coordinadamente”, según se utiliza en la presente invención, se refiere a los genes expresados en el mismo momento o en un momento y/o fase similar, y/o en las mismas o similares condiciones medioambientales.

Dominio: Los dominios son huellas dactilares o firmas que se pueden utilizar para caracterizar familias de proteínas y/o partes de proteínas. Dichas huellas dactilares o firmas pueden comprender de forma conservada (1), la secuencia primaria, (2), la estructura secundaria, y/o (3) la conformación tridimensional. Por lo general, cada dominio se encuentra asociado a una familia de proteínas o motivos. Normalmente, estas familias y/o motivos se han correlacionado con actividades específicas *in Vitro* y *in Vivo*. Un dominio puede tener cualquier longitud, incluyendo la totalidad de la secuencia de una proteína. Más adelante se describen detalladamente los dominios, familias asociadas y motivos, así como las actividades correlacionadas de los polipéptidos en el uso de la presente invención. Por lo general, los polipéptidos con dominios designados pueden presentar al menos una actividad que es exhibida por cualquier polipéptido que comprende el mismo dominio.

Endógeno: El término “endógeno” dentro del contexto de la presente invención se refiere a cualquier polinucleótido, polipéptido o secuencia proteínica que es un componente natural de una célula o de organismos regenerados a partir de dicha célula.

Exógeno: El término “exógeno”, tal y como se hace referencia a él en este documento, es cualquier polinucleótido, polipéptido o secuencia proteínica, quimérica o no, que se introduce inicialmente o posteriormente en el genoma de una célula huésped individual o del organismo regenerado a partir de dicha célula a través de cualquier medio distinto de un cruce sexual. Más adelante se describen ejemplos de los medios a través de los cuales se puede llevar esto a cabo, entre ellos, la transformación mediada por *Agrobacterium* (de dicotiledóneas por ejemplo, Salomón *et al.* EMBO J. 3:141 (1984); Herrera-Estrella *et al.* EMBO J. 2:987 (1983); de monocotiledóneas, destacando los trabajos de Escudero *et al.*, Plant J. 10:355 (1996), Ishida *et al.*, Nature Biotechnology 14:745 (1996), May *et al.*, Biol. Technology 13:486 (1995)), Biolistic methods (Armaleo *et al.*, Current Genetics 17:97 (1990)), electroporación, técnicas *in planta* y similares. En este documento, la planta que contiene el ácido nucleico exógeno se denominará T₀ en el caso de la planta transgénica primaria y T₁ en el de la primera generación. El término “exógeno”, como se utiliza en el presente documento, también pretende incluir la inserción de un elemento encontrado de forma natural en un punto no encontrado de forma natural.

Proteínas funcionalmente comparables: Este término describe aquellas proteínas que comparten al menos una característica en común. Dichas características incluyen la similitud de secuencias, la actividad bioquímica, la similitud del patrón de transcripción y la actividad fenotípica. Normalmente, las proteínas con una funcionalidad comparable comparten una cierta similitud de secuencia o al menos un “y” bioquímico. Dentro de esta definición, se considera que los homólogos, ortólogos y análogos son comparables desde el punto de vista funcional. Además, las proteínas con una funcionalidad comparable comparten en general al menos una actividad bioquímica y/o fenotípica.

Gen: El término “gen”, como se utiliza en el contexto de la actual invención, incluye todas las secuencias reguladoras y de codificación contiguamente asociadas a una sola unidad hereditaria con una función genética. Los genes pueden incluir secuencias de no codificación que modulan la función genética y que incluyen, sin limitación, las que especifican la poliadenilación, la regulación transcripcional, la conformación del ADN, la conformación de la cromatina, el alcance y la posición de la metilación básica y los centros de los enlaces de las proteínas que controlan todo el proceso. Los genes formados por “exones” (secuencias de codificación) que pueden ser interrumpidos por “intrones” (secuencias de no codificación) codifican proteínas. La función genética de un gen puede requerir únicamente la expresión del ARN o la producción de proteínas, o tan sólo puede requerir el enlace de proteínas y/o ácidos nucleicos sin expresión asociada. En determinados casos, los genes adyacentes pueden compartir secuencia de tal forma que un gen solape al otro. Puede encontrarse un gen dentro del genoma de un organismo, de un cromosoma artificial, plásmido, vector, etc., o como una entidad aislada independiente.

Secuencias heterólogas: “Secuencias heterólogas” son aquellas que no están operativamente enlazadas o que no son contiguas entre sí. Por ejemplo, un promotor del maíz se considera heterólogo de una *Arabidopsis* que codifique secuencias de región. Asimismo, un promotor procedente de un gen que codifique un factor de cre-

cimiento del maíz se considera heterólogo de una secuencia que codifique el receptor del maíz para el factor de crecimiento, y las secuencias reguladoras de elementos, como las UTRs o las secuencias de terminación del extremo 3' y que no tienen su origen en el mismo gen en el que tiene su origen la secuencia de codificación se consideran heterólogos de dicha secuencia de codificación. Los elementos conectados operativamente y contiguos entre sí no son heterólogos entre sí. Por otra parte, estos mismos elementos permanecen operativamente vinculados pero pasan a ser heterólogos si se sitúa entre ellos otra secuencia de relleno. De este modo, las secuencias promotora y de codificación de un gen del maíz que exprese un transportador de aminoácido no son heterólogas entre sí, pero el promotor y la secuencia de codificación de un gen del maíz operativamente vinculado de una forma nueva son heterólogos.

Condiciones de elevado nivel de nitrógeno: Esta frase se refiere a una concentración total de nitrógeno de 240 mM (por ejemplo, KNO₃ y NH₄NO₃ combinados).

Gen homólogo: En esta invención, “gen homólogo” se refiere a un gen que comparte una similitud de secuencia con el gen de interés. Esta similitud puede encontrarse tan sólo en un fragmento de la secuencia y representa a menudo un dominio funcional, como por ejemplo, sin limitación, un dominio de enlace de ADN con actividad de tirosina quinasa o similar. Las actividades funcionales de genes homólogos no son necesariamente iguales.

Promotor inducible: Un “promotor inducible” en el contexto de la actual invención se refiere a un promotor que se regula en ciertas condiciones, como la luz, la concentración química, la concentración proteínica, las condiciones en un organismo, célula u orgánulo, etc. Un ejemplo típico de un promotor inducible, que puede utilizarse en la presente invención, es el PARSK1, el promotor del gen de la Arabidopsis que codifica una enzima quinasa de serina-treonina, induciéndose dicho promotor por deshidratación, ácido abscísico y cloruro sódico (Wang and Goodman, Plant J. 8:37 (1995)). Entre las condiciones medioambientales que pueden afectar a la transcripción por parte de promotores inducibles se incluyen las condiciones anaeróbicas, la temperatura elevada o la presencia de luz.

Condiciones de bajo nivel de nitrógeno: La frase “Condiciones de bajo nivel de nitrógeno” se refiere a una concentración de 100 µM de KNO₃ o a una concentración total de nitrógeno de 100-300 µM (por ejemplo, una combinación de KNO₃ y NH₄NO₃).

Grupo principal: El término “Grupo principal”, como se utiliza en estos experimentos, consiste en un grupo de semillas procedentes de cinco plantas diferentes. Cada una de estas plantas se ha transformado con la misma combinación de promotor/cADN. Se utiliza el mismo número de semillas procedentes de cada planta para constituir el grupo.

Expresión incorrecta: El término “expresión incorrecta” se refiere a un incremento o disminución en la transcripción de una región de codificación en una secuencia complementaria de ARN comparada con el estado natural. Este término también incluye la expresión de un gen o región de codificación para un período de tiempo diferente, en comparación con el estado natural y/o procedente de un emplazamiento no natural del genoma de la planta.

Inhibidor de asimilación del nitrógeno: El término “inhibidor de asimilación del nitrógeno” se refiere a un compuesto, polipéptido o proteína que interfiere con la conversión del amonio en nitrógeno utilizable (por ejemplo, glutamina) o con la vía de inhibición de la realimentación que tiene como resultado el cese de la absorción del nitrógeno cuando se dan acumulaciones de nitrógeno. Entre los ejemplos de inhibidores de asimilación del nitrógeno se encuentran la sulfoximina de metionina (MSX; bloquea la conversión de amonio en glutamina), la azaserina (un inhibidor de la amidotransferasa de glutamina) y la Abizzina (un inhibidor de la glutamasa).

Condiciones normales de nitrógeno: Esta frase se refiere al nitrógeno total presente en los medios MSO estándar, 60 mM.

Gen ortólogo: “Gen ortólogo” se refiere a un segundo gen que codifica un producto genético que lleva a cabo una función similar a la del producto de un primer gen. El gen ortólogo puede también tener un grado de similitud de secuencias con respecto al primer gen. El gen ortólogo puede codificar un polipéptido que presente un grado de similitud de secuencia con respecto a un polipéptido correspondiente a un primer gen. La similitud de secuencia se puede encontrar dentro de un dominio funcional o a lo largo de toda la longitud de la secuencia de codificación de los genes y/o sus correspondientes polipéptidos.

Porcentaje de identidad de secuencia: El “Porcentaje de identidad de secuencia”, tal y como se utiliza en el presente documento, se determina mediante comparación de dos secuencias óptimamente alineadas con respecto a una ventana de comparación, donde el fragmento del polinucleótido o de la secuencia de aminoácido de la ventana de comparación puede comprender adiciones o supresiones (por ejemplo, déficits o excedentes) en comparación con la secuencia de referencia (que no comprende adiciones ni supresiones) para una alineación óptima de las dos secuencias. El porcentaje se calcula mediante la determinación del número de posiciones en las que la base idéntica de ácido nucleico o el residuo de aminoácido se encuentran en ambas secuencias, para obtener el número de posiciones coincidentes, dividiendo el número de posiciones coincidentes por el número total de posiciones de la ventana de comparación y multiplicando el resultado por 100 para obtener el porcen-

taje de identidad de la secuencia. La alineación óptima de las secuencias para la comparación puede ser llevada cabo mediante el algoritmo de homología local de Smith y Waterman Add. APL. Math. 2:482 (1981), mediante el algoritmo de alineación homológica de Needleman y Wunsch J. Mol. Biol. 48:443 (1970), mediante el método de búsqueda de similitudes de Pearson y Lipman Proc. Natl. Acad. Sci. (USA) 85: 2444 (1988), mediante implementaciones informatizadas de estos algoritmos (GAP, BESTFIT, BLAST, PASTA, y TFASTA, en el paquete de software de Wisconsin Genetics, Genetics Computer Group (GCG), 575 Science Dr., Madison, WI), o mediante inspección. Teniendo en cuenta que se han identificado dos secuencias para su comparación, se utilizan preferiblemente GAP y BESTFIT para determinar su alineación óptima. Normalmente, se utilizan unos valores predeterminados de 5,00 para la ponderación del déficit y de 0,30 para la duración de la ponderación del déficit. El término “identidad sustancial de la secuencia” entre secuencias de polinucleótidos o polipéptidos se refiere a polinucleótidos o polipéptidos que comprenden una secuencia que tiene al menos una identidad de secuencia del 80%, preferiblemente de al menos un 85%, más preferiblemente de al menos un 90% y comas más preferiblemente de al menos un 95%, e incluso más preferiblemente de al menos un 96%, 97%, 98% o 99% en comparación con una secuencia de referencia utilizando los programas.

Promotor de la planta: Un “promotor de la planta” es un promotor capaz de iniciar la transcripción en células de plantas y que puede controlar o facilitar la transcripción de un fragmento del SDF de la invención, o una secuencia de codificación del SDF de la invención. Dichos promotores no requieren tener un origen vegetal. Por ejemplo, los promotores obtenidos a partir de virus de plantas, como el promotor del CaMV35S, o a partir del *Agrobacterium tumefaciens*, como los promotores T-ADN pueden ser promotores de plantas. Un ejemplo típico de un promotor de planta con origen vegetal es el promotor de la ubiquitina del maíz-1 (ubi-1) conocido para las personas versadas en la materia.

Promotor: El término “promotor”, tal y como se utiliza en este documento, se refiere a una región de determinantes de secuencia situados antes del inicio de la transcripción de un gen y que participan en el reconocimiento o en el enlace de la polimerasa del ARN y otras proteínas, para iniciar y modular la transcripción. Un promotor basal es la secuencia mínima necesaria para el montaje de un complejo de transcripción necesario para iniciar la transcripción. Los promotores basales suelen incluir un elemento de caja TATA, situado normalmente entre 15 y 35 nucleótidos por encima del punto de inicio de la transcripción. Los promotores basales incluyen en ocasiones un elemento “caja CCAAT” (normalmente, una secuencia CCAAT) y/o una secuencia GGGCG, situada por lo general entre 40 y 200 nucleótidos, y preferiblemente de 60 a 120 nucleótidos por encima del punto de inicio de la transcripción.

Secuencia reguladora: El término “secuencia reguladora”, tal y como se utiliza en esta invención, se refiere a cualquier secuencia de nucleótidos que incluye en el inicio y la frecuencia de la transcripción o de la traslación, y en la estabilidad y/o movilidad del transcrito o del producto del polipéptido. Las secuencias reguladoras incluyen, sin limitación, promotores, elementos de control del promotor, secuencias de enlaces de proteínas UTRs 5' y 3', punto de inicio de la transcripción, secuencia de terminación, secuencia de poliadenilación, intrones, ciertas secuencias incluidas en una secuencia de codificación, etc.

Péptido de señal: Un “Péptido de señal”, en la forma utilizada en la presente invención, es una secuencia de aminoácidos que localiza la proteína para la secreción, para el transporte a un compartimento intracelular u orgánulo o para su incorporación a una membrana. Los péptidos de señal se indican en las tablas, y más adelante figura una descripción más detallada.

Promotor específico: En el contexto de la presente invención, “promotores específicos” se refiere a un subconjunto de promotores inducibles que tienen una elevada preferencia por ser inducidos en un tejido o célula específicos y/o en un momento específico durante el desarrollo de un organismo. “elevada preferencia” significa al menos un aumento de 3 veces, preferiblemente de 5 veces, más preferiblemente al menos de 10 veces, y más preferiblemente al menos de 20 veces, 50 veces o 100 veces en la transcripción en el tejido respectivo con respecto a la transcripción en cualquier otro tejido. Entre los ejemplos típicos de promotores temporales y/o específicos del tejido con origen en plantas y que pueden utilizarse con los polinucleótidos de la presente invención se encuentran el PTA29, un promotor capaz de inducir la transcripción del gen específicamente en el tapetum y tan sólo durante otro desarrollo (Koltonow *et al.*, Plant Cell 2:1201 (1990); los promotores RCc2 y RCc3, que dirigen la transcripción del gen específico de la raíz en el arroz (Xu *et al.*, Plant Mol. Biol. 27:237 (1995); el TobRB27, un promotor específico de la raíz procedente del tabaco (Yamamoto *et al.*, Plant Cell 3:371 (1991)). Entre los ejemplos de promotores específicos del tejido que se encuentran bajo control de desarrollo se incluyen los promotores que inician la transcripción únicamente en ciertos tejidos u órganos, como la raíz, el óvulo, el fruto, las semillas o las flores. Entre otros promotores adecuados se incluyen los procedentes de genes que codifican proteínas de almacenamiento o la proteína de la membrana del cuerpo lípido, la oleosina. Anteriormente se han indicado algunos promotores específicos de la raíz.

Constricción: “Constricción”, en la forma utilizada en este documento, es una función de la longitud de la sonda, de la composición de la sonda (contenido de G + C) y de la concentración de sal, de la concentración de disolvente orgánico y de la temperatura de hibridación o de las condiciones de lavado. La construcción suele compararse mediante el parámetro T_m , que es la temperatura a la que se hibrida un 50% de las moléculas complementarias de la hibridación, en términos de diferencial de temperatura con respecto a T_m . Unas condiciones de elevada constricción son aquellas que proporcionan unas condiciones de T_m -5°C a T_m -10°C.

ES 2 364 152 T3

Unas condiciones de constricción media o moderada son aquellas que proporcionan de T_m -20°C a T_m -29°C. Unas condiciones de baja constricción son aquellas que aportan unas condiciones de T_m -40°C a T_m -48°C. La relación entre las condiciones de hibridación y T_m (en °C) se expresa mediante la ecuación matemática

$$T_m = 81.5 - 16.6(\log_{10}[\text{Na}^+]) + 0.41(\%G+C) - (600/N) \quad (1)$$

Donde N es la longitud de la sonda. Esta ecuación funciona adecuadamente para sondas con una longitud de 14 a 70 nucleótidos que son idénticas a la secuencia objetivo. La siguiente ecuación, para T_m de los híbridos ADN-ADN resulta útil para las sondas de entre 50 y más de 500 nucleótidos, y para unas condiciones que incluyen un disolvente orgánico (formamida).

$$T_m = 81.5 + 16.6 \log \{ [\text{Na}^+]/(1 + 0.7[\text{Na}^+]) \} + 0.41(\%G+C) - 500/L - 0.63(\%\text{formamida}) \quad (2)$$

Donde L es la longitud de la sonda en el híbrido. (P. Tijessen, "Hybridization with Nucleic Acid Probes" en Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology, P.C. van der Vliet, ed., c. 1993 by Elsevier, Amsterdam.) El término T_m de la ecuación (2) se ve afectado por la naturaleza del híbrido; para los híbridos ADN-ARN, T_m es de 10-15°C más alta que lo calculado, y para los híbridos ARN-ARN, T_m es de 20-25°C más alta. Dado que T_m desciende alrededor de 1°C por cada 1% de reducción de la homología cuando se utiliza una sonda larga (Bonner *et al.*, J. Mol. Biol. 81:123 (1973)), las condiciones de constricción se pueden ajustar para favorecer la detección de genes idénticos o de miembros de la familia relacionados.

La ecuación (2) se obtiene asumiendo el equilibrio, y por tanto, las hibridaciones de acuerdo con la presente invención se efectúan preferiblemente en condiciones de exceso de sonda y durante un tiempo suficiente como para alcanzar el equilibrio. El tiempo necesario para alcanzar el equilibrio puede acortarse mediante la inclusión de un acelerador de la hibridación, como el sulfato de dextrano u otro polímero de elevado volumen en la solución tampón de hibridación.

La constricción puede controlarse durante la reacción de hibridación o una vez que se ha producido la hibridación mediante la alteración de las condiciones de salinidad y temperatura de las soluciones de lavado utilizadas. Las fórmulas que se muestran más arriba son igualmente válidas cuando se utilizan para calcular la constricción de una solución de lavado. Las constricciones preferidas de la solución de lavado se encuentran dentro de los intervalos indicados anteriormente; una elevada constricción está entre 5-8°C por debajo de T_m , una constricción media o moderada es de 26-29°C por debajo de T_m y una baja constricción está situada en 45-48°C por debajo de T_m .

Sustancialmente libre de: Una composición que contiene A se encuentra "sustancialmente libre" de B cuando al menos un 85% en peso del total de A+B de la composición es A. Preferiblemente, A comprende al menos en torno a un 90% en peso del total de A+B de la composición, y más preferiblemente es al menos de en torno al 95% o incluso un 99% en peso. Por ejemplo, un gen de una planta o una secuencia de ADN se pueden considerar sustancialmente libres de otros genes de plantas o secuencias de ADN.

Superpool: Tal y como se utiliza en el contexto de la invención, un "superpool" se refiere a una mezcla de cantidades iguales de semillas de procedentes de 00 grupos principales diferentes. De este modo, el superpool contiene una cantidad equivalente de semillas procedentes de 500 plantas diferentes, pero tan sólo representa 100 cADN ya que cada masterpool está compuesto por semillas procedentes de 5 plantas diferentes transformadas conteniendo cada una de ellas el mismo cADN.

T_1 : Tal y como se utiliza en la presente solicitud, el Término T_1 se refiere a la célula o planta que es el resultado directo de un experimento de transformación.

T_2 : Tal y como se utiliza en la presente solicitud, el Término T_2 se refiere a la progenie de la célula o planta que es el resultado directo de un experimento de transformación.

T_3 : Tal y como se utiliza en la presente solicitud, el Término T_3 se refiere a la progenie de segunda generación de la célula o planta que es el resultado directo de un experimento de transformación.

Emplazamiento de inicio de la traslación: En el contexto de la actual invención, un "emplazamiento de inicio de la traslación" suele ser un ATG del transcrito cADN, y más concretamente, el primer ATG. No obstante, un cADN único puede tener múltiples emplazamientos de inicio de la traslación.

Punto de inicio de la transcripción: "Punto de inicio de la transcripción" se utiliza en la presente invención para describir el punto en el cual se inicia la transcripción. Este punto suele estar situado a unos 25 nucleótidos después del punto del enlace TFIID, como una caja TATA. La transcripción puede iniciarse en uno o más puntos del interior del gen, y un solo gen puede tener múltiples emplazamientos de inicio de la transcripción, algunos de los cuales pueden ser específicos para la transcripción en un tipo de célula o tejido específico.

Región no trasladada (UTR): Una “UTR” es cualquier serie contigua de bases de nucleótido que se transcribe, pero que no se traslada. Estas regiones no trasladadas pueden estar asociadas a funciones específicas, como el incremento de la estabilidad del mensaje mRNA. Entre los ejemplos de UTRs destacan, sin limitación, las señales de poliadenilación, secuencias de terminaciones, secuencias situadas entre el emplazamiento de inicio de la transcripción y el primer exón (5’ UTR) y secuencias situadas entre el último exón y el final del mRNA (3’ UTR).

Variante: El Término “variante” se utiliza en este documento para indicar un polipéptido o proteína o molécula de polinucleótido que se diferencia de algún modo de otras de su mismo tipo. Por ejemplo, las variantes de polipéptido y proteína pueden consistir en cambios en la secuencia de aminoácidos y/o en cambios y/o modificaciones posteriores a la traslación (como la glicosilación, etc.).

En condiciones de nitrógeno variables: En el contexto de la presente invención, la frase “en condiciones de nitrógeno variables” se refiere a unas condiciones de crecimiento en las que la concentración de nitrógeno disponible fluctúa. Esta frase incluye situaciones en las que la concentración de nitrógeno disponible es inicialmente baja, pero aumenta hasta unos niveles normales o elevados, así como otras situaciones en las que la concentración de nitrógeno disponible es inicialmente elevada, pero disminuye hasta unos niveles normales o bajos. Las situaciones que implican múltiples cambios en la concentración de nitrógeno disponible, como las fluctuaciones desde un nivel bajo a uno alto y de nuevo a uno bajo también están incluidas en esta frase. Estos cambios en la concentración de nitrógeno disponible pueden producirse de forma gradual o con carácter puntual.

Condiciones de nitrógeno cero: Esta frase se refiere a una concentración total de nitrógeno de 0 mM.

2. Características importantes de los polinucleótidos

Los genes y polinucleótidos utilizados en la presente invención resultan de interés debido a que están incorrectamente expresados (es decir, cuando se expresan en un centro no natural o en una cantidad creciente o decreciente) producen plantas con un NUB modificado, como se comenta más adelante, y como lo demuestran los resultados de experimentos con expresiones diferenciales y expresiones incorrectas. Estos rasgos pueden utilizarse para explotar o maximizar los productos de la planta. Por ejemplo, los genes y polinucleótidos de la presente invención se utilizan para aumentar la expresión de los productos de genes de transporte de nitrato y amonio. Estos productos de genes de transporte aumentan la absorción de nitrógeno y el transporte del nitrógeno desde las raíces hasta las yemas, lo que produce un aumento en la cantidad de nitrógeno disponible para su reducción a amoníaco. Por todo ello, dichas plantas transgénicas requieren menos fertilizante, lo que supone un menor coste para el agricultor y una menor contaminación de la capa freática por nitrato.

Los ácidos nucleicos que responden al nitrógeno y se utilizan en la invención también regulan por reducción el número de genes que llevan a la inhibición por retroalimentación de la absorción del nitrógeno y su reducción. Un ejemplo de estos genes son aquellos que codifican las proteínas 14-3-3, las cuales reprimen la nitrato reductasa (Swiedrych A *et al.*, 2002, J Agric Food Chem 27;50(7):2137-41. *Repression of the 14-3-3 gene affects the amino acid and mineral composition of potato tuber*). Su expresión antisentido en plantas transgénicas provoca un aumento del contenido de aminoácidos y del contenido de proteínas de la semilla y/o las hojas. Dichas plantas resultan especialmente útiles para alimentar el ganado. Por ejemplo, un incremento en el contenido de aminoácidos y/o proteínas de la alfalfa proporciona un incremento de la calidad del forraje, y por ende, un mayor valor nutritivo.

3. Los genes de la invención

Las secuencias de la invención se han aislado a partir de plantas, especialmente *Arabidopsis thaliana*, *Glycine max*, *Orgzasativa* y *Zeg mays*.

La secuencia del nucleótido utilizada en la presente invención modula la biomasa y la tasa de crecimiento de las plantas transformadas. La expresión incorrecta de las secuencias conduce a un incremento de la producción de aminoácidos, péptidos y proteínas por parte de la planta, con el consiguiente incremento de su valor nutricional. Las plantas transformadas que exhiben una sobreexpresión de los genes de la invención crecen bien en condiciones de baja concentración de nitrógeno, y presentan una mayor tolerancia a la variación en las condiciones del nitrógeno, requiriendo menos abono, lo que supone un menor coste para el agricultor y una menor contaminación por nitrato de la capa freática.

Se considera que las secuencias de nucleótidos utilizadas en la invención codifican las proteínas de transporte. Sin que ello esté vinculado a ninguna teoría, se cree que la expresión del gen transportador ayuda a incrementar el transporte desde el tejido de almacenamiento hasta el meristema, y el desarrollo de hojas a partir de las semillas. Por lo tanto, estos genes pueden hacer que las plantas sean insensibles al nitrógeno ambiente, permitiendo cambios en las funciones de fertilidad.

Puede simularse un entorno competitivo utilizando un inhibidor de la asimilación de nitrógeno (N), lo que proporciona un filtro útil para identificar los genes con una mayor eficiencia en el uso del nitrógeno (NUE). La selección consiguiente proporciona un filtro muy útil para los genes N al eliminar el carácter subjetivo de los experimentos que se basan en la limitación de N y en la identificación de plantas con ligeros incrementos de tamaño y verdor.

Los filtros del inhibidor de la asimilación del nitrógeno se basan en el hecho de que en condiciones normales el amonio se convierte en glutamina mediante la glutamina sintetasa (Fig. 1). Cuando existen acumulaciones de N, la absorción del amonio es desactivada mediante la regulación de retroalimentación. Pero un inhibidor de la glutamina sintetasa, como la metionina sulfoximina (MSX) bloquea la conversión del amonio en glutamina y afecta a la biosíntesis de los principales compuestos que contienen nitrógeno, como los aminoácidos, nucleótidos, clorofilas, poliaminas y alcaloides (Fig. 1). De este modo, el cultivo de plantas en presencia de un inhibidor de la asimilación de N permite la identificación de las plantas con expresión errónea de un gen, y que como consecuencia de ello, han mejorado su NOTE, independientemente del N disponible en el terreno. Dichos “inductores de expresión incorrecta” se identifican mediante un aumento en el verdor y unas raíces más largas, en comparación con la planta en estado natural.

La invención resulta útil para mejorar unas importantes características agronómicas de las plantas cultivadas. Una de las mejoras consistiría en la capacidad de las plantas de diseño para cultivarse de forma productiva con un menor aporte de abonos nitrogenados y en terrenos pobres en nitrógeno. Entre las mejoras adicionales destacan un crecimiento más vigoroso (es decir, más rápido) y un mayor rendimiento vegetativo y reproductivo en condiciones de cultivo normales (es decir, en condiciones que no se de una limitación de los nutrientes). Para conseguir estas mismas mejoras, los métodos tradicionales de cría de especies de cultivo requerirían el filtrado de una enorme población. La presente invención elimina la necesidad de dicho filtrado a gran escala mediante la producción de plantas, muchas de las cuales, si no la mayoría, presentarían las características deseadas.

De acuerdo con la presente invención, la consecución de las mejoras deseadas en la planta puede requerir en algunos casos la sobreexpresión ectópica de un solo gen o de múltiples genes. La expresión modificada puede implicar la ingeniería de la planta con uno o varios de los genes siguientes: a) un transgen en el que la secuencia de codificación pueda asociarse de forma operativa a un potente promotor constitutivo; b) copias adicionales del gen nativo que codifica el componente deseado; c) genes reguladores que activan la expresión del gen deseado para la asimilación o utilización del nitrógeno; d) una copia del gen nativo cuya región reguladora se ha modificado para mejorar la expresión; y e) un transgen que exprese una versión mutada, alterada o quimérica de una asimilación de nitrógeno o de un componente de utilización.

En otros casos, la consecución de las mejoras deseadas en la planta puede exigir la alteración del nivel de expresión y/o del patrón de un componente de asimilación o utilización de nitrógeno. El patrón de expresión alterada puede implicar la ingeniería de la planta mediante uno o varios de los genes siguientes: a) un transgen en el que la secuencia de codificación pueda asociarse de forma operativa a un promotor con el patrón de expresión deseado (dichos promotores pueden incluir aquellos de los que se considera que tienen patrones de expresión específicos de tejidos o de desarrollo); b) genes reguladores modificados que activan la expresión del gen de codificación en el patrón preferido; c) una copia nativa del gen de codificación de la enzima cuya región reguladora se ha modificado para su expresión en el patrón preferido.

En otros casos, la consecución de las mejoras deseadas en la planta puede requerir la supresión del nivel de expresión y/o del patrón de un componente de asimilación o utilización del nitrógeno. La supresión de la expresión puede implicar la ingeniería de la planta mediante genes que codifiquen ARNs antisentido, ribozimas, constructos de co-supresión o mutaciones “dominantes negativas” (véase en Herskowitz, 1987, Nature 329:219-222 una explicación del mecanismo de supresión del gen mediante mutaciones dominantes negativas). Asimismo, la supresión del gen puede también conseguirse mediante el diseño de la planta con un constructo de recombinación homólogo que sustituye el gen nativo por una copia de un gen defectuoso o de una secuencia de codificación de enzimas que se encuentre bajo el control de un promotor con el nivel de expresión y/o el patrón deseados.

En todos los casos, una planta que posea la mejora deseada puede aislarse buscando en las plantas diseñadas un patrón o nivel de expresión alterada del componente de asimilación o utilización del nitrógeno, un patrón o nivel de expresión alterada del mRNA o proteína correspondientes, una alteración en las capacidades de asimilación o utilización del nitrógeno, una mayor tasa de crecimiento, un mejor rendimiento vegetativo o un mejor rendimiento reproductor (por ejemplo, semillas o frutos más grandes o más numerosas). El filtrado de las plantas de diseño puede implicar ensayos e inmunoensayos para medir los niveles de enzima/proteína; análisis Northern, protección de la RNasa, prolongación del cebador, PCR Transcriptasa inversa, etc. para medir los niveles de mRNA; medición de la composición del aminoácido, cantidad de aminoácidos libres o contenido total de nitrógeno de diversos tejidos vegetales; medición de las tasas de crecimiento en términos de aumento de peso a lo largo del tiempo; o medición del rendimiento de la planta en términos de peso total en seco y/o peso total de la semilla.

4. Utilización de los genes para la fabricación de plantas transgénicas

4.1 Constructos de ácido nucleico

Las propiedades de las secuencias de ácido nucleico varían al igual que las estructuras genéticas de las diversas posibles células vegetales huésped. Las realizaciones preferidas describirán diversas características que cualquier persona en la materia reconocerá como no absolutamente esenciales, pero claramente ventajosas. Estas incluyen métodos de aislamiento, síntesis o construcción de constructos genéticos, y determinadas características de los vectores asociados a los constructos genéticos, las manipulaciones de los constructos genéticos que han de introducirse en las células vegetales, ciertas características de los constructos genéticos y ciertas características de los vectores asociados a los constructos genéticos.

Asimismo, los constructos genéticos utilizados en la presente invención pueden codificarse en moléculas de ADN o ARN. De acuerdo con la presente invención, se prefiere que el cambio deseable, estable, genotípico de la planta objetivo se efectúa a través de la integración genómica de constructos de ácido nucleico introducidos de forma exógena, y especialmente, constructos de ADN recombinante. No obstante, de acuerdo con la presente invención, dichos cambios genotípicos también pueden efectuarse mediante la introducción de episomas (ADN o ARN) que puedan replicarse de forma autónoma y que sean somática y germinalmente estables. Cuando los constructos de ácido nucleico que se han introducido incluyen ARN, la transformación de la planta o la expresión del gen a partir de dichos constructos puede efectuarse a través de un intermedio de ADN obtenido por transcripción inversa.

Los constructos de ácido nucleico descritos en este documento pueden producirse utilizando métodos bien conocidos para cualquier persona versada en la materia. Los técnicos pueden remitirse a fuentes como Sambrook *et al.*, 1989, Molecular Cloning: a laboratory manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Plainview, N.Y. en lo referente a métodos de ADN recombinante que se pueden utilizar para aislar, caracterizar y manipular los componentes de los constructos y para construir los propios constructos. En determinados casos, cuando se conoce la secuencia de ácido nucleico de un componente deseado, puede resultar ventajoso sintetizarlo en lugar de aislarlo a partir de una fuente biológica. En dichos casos, la persona versada en la materia puede hacer referencia a lo enseñado por Caruthers *et al.*, 1980, Nuc. Acids Res. Symp. Ser. 7:215-233, y por Chow and Kempe, 1981, Nuc. Acids Res. 9:2807-2817. En otros casos, los componentes deseados pueden producirse ventajosamente mediante la amplificación de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR). En lo que respecta a lo divulgado acerca de la PCR, cualquier persona versada en la materia puede hacer referencia a Gelfand y similares, 1989, PCR Technology, Principles and Applications for DNA Amplification, H. A. Erlich, ed., Stockton Press, N.Y., Current Protocols In Molecular Biology, Vol. 2, Ch. 15, Ausubel *et al.* eds., John Wiley & Sons, 1988.

De acuerdo con la presente invención, una planta con sobreexpresión ectópica de un componente de asimilación o utilización de nitrógeno puede someterse a un proceso de ingeniería mediante la transformación de una célula de la planta con un constructo genético que comprenda un promotor vegetal que esté asociado operativamente a una secuencia que codifique el componente deseado. (en este caso, asociado operativamente significa que la transcripción controlada por el promotor "asociado" produciría un ARN mensajero funcional, cuya traslación produciría el componente). En una realización preferida de la presente invención, el promotor asociado es un promotor vegetal potente y no específico del tejido o del desarrollo (por ejemplo, un promotor que se exprese con fuerza en muchos o en todos los tipos de tejido). Entre los ejemplos de dichos promotores potentes y "constitutivos" se encuentran, sin limitación, el promotor del CaMV 35S, el promotor de la manopina sintetasa del T-ADN y sus diversos derivados.

En otra realización de la presente invención, puede resultar ventajoso someter a un proceso de ingeniería una planta con un constructo genético que asocie operativamente un promotor específico de tejido o de desarrollo a una secuencia que codifique el componente deseado. Por ejemplo, cuando se desee la expresión en tejidos y órganos fotosintéticos, pueden utilizarse promotores como los de la ribulosa bifsosfato carboxilasa (RUBISCO) o los genes de la proteína de enlace a/b de la clorofila (CAB); cuando se desee la expresión en semillas, pueden utilizarse promotores como los genes de la leghemoglobina o nodulina; cuando se desea la expresión específica en la raíz, pueden utilizarse promotores como los de los diversos genes de proteínas de almacenamiento de la semilla; cuando se desea la expresión en nódulos de fijación del nitrógeno, pueden utilizarse promotores como los que codifican los genes de la sintetasa glutamina específicos de la raíz (véase Tingey *et al.*, 1987, EMBO J. 6:1-9; Edwards *et al.*, 1990, Proc. Nat. Acad. Sci. USA 87:3459-3463).

En una realización adicional de la presente invención, puede resultar ventajoso transformar una planta con un constructo genético que asocie operativamente un promotor inducible a una secuencia que codifique el componente deseado. Los ejemplos de dichos promotores son muchos y variados. Incluyen, sin limitación, los de los genes de choque térmico, el gen de respuesta de defensa (por ejemplo, los de la fenilalanina amonio liasa), los genes inducidos por heridas (por ejemplo, los genes de proteínas de la pared celular ricos en hidroxiprolina), genes químicamente inducibles (por ejemplo, genes de nitrato reductasa, genes de gluconasa, genes de quitinasa, etc.) o genes inducibles por la oscuridad, por nombrar tan sólo algunos.

En otra realización de la presente invención, puede resultar ventajoso transformar una planta con un constructo genético que enlace operativamente un promotor modificado o artificial a una secuencia que codifique el componente deseado. Normalmente, dichos promotores, contruidos mediante recombinación de elementos estructurales de diferentes promotores, tienen patrones de expresión únicos y/o niveles no encontrados en promotores naturales. Véanse,

por ejemplo, en Salina *et al.*, 1992, Plant Cell 4:1485-1493, ejemplos de promotores artificiales contruidos a partir de la combinación de elementos cis-reguladores con un núcleo promotor.

En otra realización adicional de la presente invención, la sobreexpresión ectópica de un componente de asimilación o de utilización del nitrógeno puede diseñarse incrementando el número de copias del gen que codifica el componente deseado. Un método de producción de una célula de una planta con un mayor número de copias del gen deseado consiste en transformar con ácido nucleico constructos que contengan múltiples copias del gen. Alternativamente, un gen que codifique el componente deseado se puede situar en un constructo de ácido nucleico que contenga un gen marcador seleccionable por amplificación (ASM) como el gen de la glutamina sintetasa o la dihidrofolato reductasa. Las células transformadas mediante dichos constructos se someten a regímenes de cultivo que seleccionan líneas celulares con un número mayor de copias del gen ASK. Véase en Donn *et al.*, 1984, J. Mol. Appl. Genet. 2:549-562, un protocolo de selección utilizado para aislar una línea celular de plantas que contiene copias amplificadas del gen GS. Debido a que el gen deseado está estrechamente relacionado con el gen ASH, las líneas celulares que amplifican el gen ASH también tendrían probablemente amplificado el gen que codifica el componente deseado.

En otra realización de la presente invención, la sobreexpresión ectópica de un componente de asimilación o utilización del nitrógeno puede diseñarse mediante la transformación de una célula vegetal con un constructo de ácido nucleico que codifique un gen regulador que controle la expresión del gen endógeno o un transgen que codifique el componente deseado, en el que el gen regulador introducido se modifica para permitir una expresión potente del componente en los tejidos y/o en las fases de desarrollo deseados, el promotor de la sintetasa y sus diferentes derivados.

Constructos de supresión

La planta deseada puede diseñarse mediante la supresión de la actividad GS o las actividades de los demás componentes que participan en la asimilación/metabolismo del nitrógeno (Fig. 1). En una realización, la supresión puede diseñarse mediante la transformación de una célula vegetal mediante un constructo genético que codifique un ARN antisentido complementario de un segmento o de todo el transcripto ARN objetivo huésped, incluyendo el mARN objetivo maduro. En otra realización, la supresión del gen objetivo (por ejemplo, el GS mARN) puede diseñarse mediante la transformación de una célula vegetal con un constructo celular que codifique una ribozima que divida un transcripto ARN objetivo huésped (por ejemplo, un transcripto GS ARN, incluyendo el GS mARN maduro).

En otra realización, la supresión del gen objetivo puede diseñarse mediante la transformación de una célula de una planta con un constructo genético que codifique el componente objetivo que contiene una mutación "dominante negativa". Las mutaciones preferidas son aquellas que afectan a la catálisis, a la unión al sustrato, (por ejemplo, en el caso de GS, el punto de unión del ión glutamato o amonio) o a la liberación del producto. Una mutación útil puede consistir en el borrado o mutación puntual de los residuos críticos que participan en los procesos anteriormente mencionados. Un experto en la materia puede remitirse a lo descrito en este documento y en Herskowitz (Nature, 329:219-222, 1987) en lo tocante a los métodos y estrategias de obtención de mutaciones dominantes negativas.

Para todos los constructos de supresión anteriormente mencionados, se prefiere que dichos constructos genéticos se expresen con el mismo tejido y especificidad de desarrollo que el gen objetivo. De este modo, se prefiere que estos constructos de supresión estén operativamente asociados al promotor del gen objetivo. Alternativamente, puede preferirse que los constructos de supresión se expresen constitutivamente. De este modo, también se puede utilizar un promotor constitutivo potente como el promotor de la CaMV 35S para expresar los constructos de supresión. Uno de los promotores preferidos de estos constructos de supresión es un promotor modificado del gen objetivo, en el que las modificaciones tienen como resultado una expresión mejorada del promotor del gen objetivo sin cambios en las especificidades del tejido o del desarrollo.

De acuerdo con la utilización de la presente invención, las plantas deseadas con expresión del gen objetivo suprimida pueden también diseñarse mediante la transformación de una célula de la planta con un constructo de co-supresión. Un constructo de co-supresión comprende un promotor funcional operativamente asociado a una secuencia de codificación parcial o completa del gen objetivo. Se prefiere que el promotor asociado operativamente sea un potente promotor constitutivo, como el promotor CaMV35S. Alternativamente, el promotor del constructo de cosupresión puede ser uno que se exprese con las mismas especificidades de tejido y desarrollo que el gen objetivo. Dichos promotores alternativos podrían incluir el promotor del propio gen objetivo (por ejemplo, un promotor GS para orientar la expresión de un constructo de co-supresión GS).

De acuerdo con la presente invención, se prefiere que el constructo de co-supresión codifique un mARN objetivo incompleto o una enzima objetivo defectuosa, aunque un constructo que codifique un ARN o enzima objetivo plenamente funcional también puede resultar útil a la hora de efectuar la co-supresión.

En las realizaciones, cuando se desea la supresión de la mayoría, si no de todas las isozimas, se prefiere que el constructo de co-supresión codifique una copia total o parcial del mARN GS cloroplástico (por ejemplo, el mARN pea GS2). Como se describe en el presente documento (sección 6.2.2), dichos constructos resultan especialmente útiles a la hora de suprimir la expresión del gen objetivo.

Las plantas deseadas con expresión suprimida del gen objetivo también se pueden diseñar mediante la transformación de la célula de una planta con un constructo que pueda efectuar una mutagénesis dirigida al punto, del gen objetivo endógeno (Véanse en Offringa *et al.*, 1990, EMBO J. 9:3077-84; y Kanevskii *et al.*, 1990, Dokl. Akad. Nauk. SSSR 312:1505-1507 las discusiones relativas a constructos nucleicos para llevar a cabo mutagénesis dirigidas al punto de genes objetivo en plantas). Se prefiere que dichos constructos lleven a cabo la supresión del gen objetivo mediante la sustitución de la secuencia del gen objetivo endógena mediante la recombinación homóloga con ninguna secuencia o con una secuencia de codificación inactiva.

Otras características de los Constructos de Ácido Nucleico Recombinantes

El Constructo recombinante utilizado en la presente invención puede incluir un marcador seleccionable para la propagación del constructo. Por ejemplo, un constructo que ha de propagarse en bacterias contiene preferiblemente un gen de resistencia antibiótica, como el que confiere resistencia frente a la canamicina, tetraciclina, estreptomycin, o cloranfenicol. Los vectores adecuados para la propagación del constructo incluyen los plásmidos, cósmidos, bacteriófagos o virus, por nombrar tan sólo unos pocos.

Además, los constructos recombinantes pueden incluir genes marcadores expresables en plantas, seleccionables o filtrables, para aislar, identificar o efectuar el seguimiento de las células de plantas transformadas por estos constructos. Los marcadores seleccionables incluyen, sin limitación, los genes que codifican las resistencias a los antibióticos (por ejemplo, resistencia a la canamicina o la higromicina) o la resistencia a los herbicidas (por ejemplo, resistencia a la sulfonilurea, a la fosfonitrotricina, o al glifosato). Entre los marcadores filtrables se incluyen, sin limitación, los genes que codifican la beta-glucoronidasa (Jefferson, 1987, Plant Molec Biol. Rep 5:387-405), la luciferasa (Ow *et al.*, 1986, Science 234:856-859), productos genéticos B y C1 que regulan la producción del pigmento antocianina (Goff *et al.*, 1990, EMBO J 9:2517-2522).

En las realizaciones utilizadas en la presente invención y que recurren al sistema *Agrobacterium* para transformar las plantas (véase más adelante) los constructos de ADN recombinante comprenden adicionalmente al menos la secuencia frontera de T-ADN derecha que flanquea las secuencias de ADN que van a transformarse en células de planta. En las realizaciones preferidas, las secuencias que se han de transferir están flanqueadas por las secuencias fronteras de T-ADN derecha e izquierda. El diseño y la construcción adecuados de dichos vectores de transformación basados en T-ADN son perfectamente conocidos por las personas versadas en la materia.

Para utilizar las secuencias de la presente invención, o una combinación de las mismas o partes y/o mutantes y/o fusiones y/o variantes de las mismas, se preparan constructos de ADN recombinante que comprenden las secuencias de polinucleótidos de la invención, insertadas en un vector, y que son adecuadas para la transformación de las células de la planta. El constructo puede obtenerse utilizando técnicas estándar de ADN recombinante (Sambrook *et al.*, 1989 y puede introducirse en las especies de interés mediante una transformación mediada por *Agrobacterium* o por cualquier otro de los medios de transformación que se indican más adelante.

El núcleo del vector puede ser cualquiera de los más comunes en la técnica, como plásmidos, virus, cromosomas artificiales, BACs, YACs y PACs y vectores del tipo descrito por:

- (a) BAC: Shizuya *et al.*, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 89: 8794-8797 (1992); Hamilton *et al.*, Proc. Natl. Acad. Sci. USA 93: 9975-9979 (1996);
- (b) YAC: Burke *et al.*, Science 236:806-812 (1987);
- (c) PAC: Stemberg N. *et al.*, Proc Natl Acad Sci U S A. Jan;87(1):103-7 (1990);
- (d) Bacteria-Yeast Shuttle Vectors: Bradshaw *et al.*, Nucl Acids Res 23: 4850-4856 (1995);
- (e) Lambda Phage Vectors: Replacement Vector, e.g., Frischauf *et al.*, J. Mol Biol 170: 827-842 (1983); or Insertion vector, e.g., Huynh *et al.*, In: Glover NM (ed) DNA Cloning: A practical Approach, Vol. 1 Oxford: IRL Press (1985); T-DNA gene fusion vectors: Walden *et al.*, Mol Cell Biol 1: 175-194 (1990); y
- (g) Plasmid vectors: Sambrook *et al.*, *infra*.

Normalmente, el constructo comprende un vector que contiene una secuencia de la presente invención con cualquier secuencia reguladora transcripcional y traslacional deseada, como promotores, UTRs y secuencias de terminación del extremo 3'. Los vectores también pueden incluir los orígenes de la replicación, regiones de unión al armazón (SARs), marcadores, secuencias homólogas, intrones, etc. El vector puede comprender un gen marcador que confiere un fenotipo seleccionable en células de plantas. Normalmente, el marcador codifica la resistencia a los biocidas, especialmente la resistencia a los antibióticos, como la resistencia a la canamicina, G418, bleomicina, higromicina, o resistencia a los herbicidas, como la resistencia al clorsulfurón o a la fosfonitrotricina.

Se utiliza un fragmento promotor de la planta que dirige la transcripción del gen en todos los tejidos de una planta regenerada y que puede ser un promotor constitutivo, como el 35S. Alternativamente, el promotor de la planta dirige la transcripción de una secuencia de la invención en un tejido específico (promotores específicos del tejido) o se encuentra de otro modo bajo un control medioambiental más preciso (promotores inducibles).

Si se desea producir el polipéptido adecuado, se incluye normalmente una región de poliadenilación en el extremo 3'- de la región de codificación. La región de poliadenilación puede obtenerse a partir del gen natural, de otros genes de plantas o del T-ADN.

Constructos Knockin

La expresión ectópica de las secuencias utilizadas en la invención también se lleva a cabo utilizando el método "knockin". En este caso, el primer componente, una "línea activadora" es una planta transgénica que comprende un activador transcripcional operativamente unido a un promotor. El segundo componente comprende la secuencia de cADN deseada unida operativamente a la secuencia/región de unión objetivo del activador transcripcional. El segundo componente se transforma en la "línea activadora" o se utiliza para transformar una planta huésped a fin de producir una línea "objetivo" que se cruza con la "línea activadora" mediante métodos de reproducción ordinarios. En cualquiera de los casos, el resultado es el mismo. Es decir, el promotor impulsa la producción de la proteína de activación transcripcional que a su vez se une a la región de unión objetivo para facilitar la expresión del cADN deseado.

Cualquier promotor que funcione en plantas puede ser utilizado en el primer componente, como el promotor 35S del virus del mosaico de la coliflor o un promotor de tejidos u órganos específicos. Entre los polipéptidos activadores transcripcionales adecuados se encuentran, sin limitación, los que codifican HAP1 y GAL4. La secuencia de unión reconocida y seleccionada por la proteína de activación transcripcional seleccionada se utilizará en el segundo componente.

Transformación

Son bien conocidas las técnicas de transformación de una amplia variedad de especies de plantas superiores, y se encuentran descritas en la literatura técnica, como por ejemplo, Weising *et al.*, Ann. Rev. Genet. 22:421 (1988); y Christou, Euphytica, v. 85, n.1-3: 13-27, (1995).

El experto en la materia conoce procesos para la transformación de planta monocotiledóneas y dicotiledóneas. Se dispone de diversas técnicas para la introducción del ADN en una célula de la planta huésped. Estas técnicas comprenden la transformación de las células de la planta mediante inyección de ADN, electroporación de ADN, métodos balísticos, fusión de protoplastos y mediante el T-ADN utilizando *Agrobacterium tumefaciens* o *Agrobacterium rhizogenes*, así como otras posibilidades.

Los constructos de ADN utilizados en la invención se introducen en el genoma de la planta huésped deseada mediante diversas técnicas convencionales. Por ejemplo, el constructo de ADN se introduce directamente en el ADN genómico de la célula de la planta utilizando técnicas como la electroporación, la microinyección y la precipitación de glicol de polietileno procedente de los protoplastos de la célula o de la fusión de protoplastos. Las técnicas de electroporación se describen en Fromm *et al.* Proc. Natl Acad Sci. USA 82:5824 (1985). Las técnicas de microinyección se conocen en la técnica y están perfectamente descritas en la literatura científica y de patentes. Los plásmidos no tienen que cumplir unos requisitos específicos para su utilización en la electroporación del ADN o en la inyección del ADN en células de la planta. Pueden utilizarse plásmidos simples, como los derivados de tipo pUC.

La introducción de los constructos de ADN utilizando la fusión de protoplastos se describe en Paszkowski *et al.* EMBO J. 3:2717 (1984). Introduction of foreign DNA using protoplast fusion is described by Willmitzer (Willmitzer, L., 1993 Transgenic plants. In: Biotechnology, A Multi-Volume Comprehensive Treatise (H.J. Rehm, G. Reed, A. Puhler, P. Stadler, eds.), Vol. 2, 627-659, VCH Weinheim-New York-Basel-Cambridge).

Alternativamente, los constructos de ADN utilizados en la invención se introducen directamente en el tejido de la planta utilizando métodos balísticos, como el bombardeo de partículas de ADN. Las técnicas de transformación balística son descritas por Klein *et al.* Nature 327:773 (1987). La introducción de ADN ajeno utilizando la balística es descrita por Willmitzer (Willmitzer, L., 1993 Transgenic plants. En: Biotechnology, A Multi-Volume Comprehensive Treatise (H.J. Rehm, G. Reed, A. Puhler, P. Stadler, eds.), Vol. 2, 627-659, VCH Weinheim-New York-Basel-Cambridge).

Los constructos de ADN también se introducen con la ayuda de las Agrobacterias. La utilización de las agrobacterias para la transformación celular de la planta se ha examinado ampliamente y se describe de forma suficiente en la especificación de EP-A 120 516, así como por Hoekema (En: The Binary Plant Vector System Offsetdrukkerij Kanters B.V., Alblasserdam (1985), Chapter V), Fraley *et al.* (Crit. Rev. Plant. Sci. 4, 1-46) y por An *et al.* (EMBO J. 4 (1985), 277-287). Mediante esta técnica, los constructos de ADN de la invención recombinan con unas regiones adecuadas de flanco del T-ADN y se introducen en un vector huésped convencional de *Agrobacterium tumefaciens*. Las funciones de virulencia del huésped del *Agrobacterium tumefaciens* dirigen la inserción del constructo y de los

marcadores adyacente en el ADN celular de la planta cuando la célula se infecta con la bacteria (McCormac *et al.*, 1997, Mol. Biotechnol. 8: 199; Hamilton, 1997, Gene 200:107; Salomon *et al.*, 1984 EMBO J. 3:141; Herrera-Estrella *et al.*, 1983 EMBO J. 2:987). Las técnicas de transformación mediada por el *Agrobacterium tumefaciens*, incluyendo el desarmado y la utilización de vectores binarios o cointegrados, se encuentra bien descrita en la literatura científica.

Véase, por ejemplo, Hamilton, CM., Gene 200:107 (1997); Müller *et al.* Mol. Gen. Genet. 207:171 (1987); Komari *et al.* Plant J. 10:165 (1996); Venkateswarlu *et al.* Biotechnology 9:1103 (1991) y Gleave, AP., Plant Mol. Biol. 20:1203 (1992); Graves and Goldman, Plant Mol. Biol. 7:34 (1986) y Gould *et al.*, Plant Physiology 95:426 (1991).

Para la transferencia de ADN al T-ADN de la célula de la planta, los explantes de plantas, o células de la planta que se han cultivado en suspensión o protoplastos, se cultivan conjuntamente con *Agrobacterium tumefaciens* o *Agrobacterium rhizogenes*. Las plantas completas se regeneran a partir del material vegetal infectado utilizando un medio adecuado que contenga antibióticos o biocidas para la selección de las células transformadas. Las plantas obtenidas de esta forma se examinan a continuación para detectar la presencia del ADN introducido. La transformación de las plantas dicotiledóneas mediante sistemas de vector del Plásmido Ti y *Agrobacterium tumefaciens* está perfectamente documentada.

Las plantas monocotiledóneas también se transforman mediante vectores basados en *Agrobacterium*. (Véase Chan *et al.*, Plant Mol. Biol. 22 (1993), 491-506; Hiei *et al.*, Plant J. 6 (1994), 271-282; Deng *et al.*, Science in China 33 (1990), 28-34; Wilmsink *et al.*, Plant Cell Reports 11 (1992), 76-80; May *et al.*, Bio/Technology 13 (1995), 486-492; Conner and Domisse; Int. J. Plant Sci. 153 (1992), 550-555; Ritchie *et al.*, Transgenic Res. 2 (1993), 252-265). Concretamente, en la literatura se ha descrito la transformación del maíz (véase, por ejemplo, WO95/06128, EP 0 513 849; EP 0 465 875; Fromm *et al.*, Biotechnology 8 (1990), 833-844; Gordon-Kamm *et al.*, Plant Cell 2 (1990), 603-618; Koziel *et al.*, Biotechnology 11 (1993), 194-200). En EP 292 435, así como en Shillito *et al.* (1989, Bio/Technology 7, 581) se obtienen plantas fértiles a partir de un callo de maíz blando (friable) libre de mucosidad. Prioli y Söndahl (1989, Bio/Technology 7, 589) también informan acerca de la regeneración de plantas fértiles a partir de protoplastos de líneas puras del maíz Cateto, Cat 100-1.

Otras especies de cereales también se han transformado con éxito, como la cebada (Wan y Lemaux, véase más arriba; Ritala *et al.*, véase más arriba) y el trigo (Nehra *et al.*, 1994, Plant J. 5, 285-297).

Las alternativas a la transformación mediante *Agrobacterium* en el caso de las plantas monocotiledóneas las constituyen la balística, fusión de protoplastos, electroporación de células parcialmente permeabilizadas y el uso de fibras de vidrio (Véase Wan and Lemaux, Plant Physiol. 104 (1994), 37-48; Vasil *et al.*, Bio/Technology 11 (1993), 1553-1558; Ritala *et al.*, Plant Mol. Biol. 24 (1994), 317-325; Spencer *et al.*, Theor. Appl. Genet. 79 (1990), 625-631)).

El ADN introducido suele ser estable tras su integración en el genoma de la planta y se transmite a la progenie de la célula o planta transformada. Por lo general, la célula transformada de la planta contiene un marcador seleccionable que hace a las células transformadas resistentes a un biocida o antibiótico, como la canamicina, el G 418, la bleomicina, la higromicina, la fosfonitricina u otras. Por lo tanto, el marcador seleccionado individualmente debería permitir la selección de células transformadas a partir de células que carezcan del ADN introducido.

Las células transformadas crecen en el interior de la planta de la forma habitual (McCormick *et al.*, 1986, Plant Cell Reports 5, 81-84) y las plantas resultantes se cultivan normalmente. Las células de plantas transformadas obtenidas mediante cualquiera de las anteriores técnicas de transformación se cultivan para regenerar una planta completa que posea el genotipo transformado y por tanto el genotipo deseado. Dichas técnicas de regeneración se basan en la manipulación de una serie de fitohormonas en un medio de crecimiento de cultivo de tejidos basándose normalmente en un marcador de biocida y/o herbicida que se ha introducido conjuntamente con las secuencias de nucleótido deseadas.

La regeneración de la planta a partir de los protoplastos cultivados se describe en Evans *et al.*, Protoplasts Isolation and Culture in "Handbook of Plant Cell Culture", pp. 124-176, MacMillan Publishing Company, New York, 1983; y Binding, Regeneration of Plants, Plant Protoplasts, pp. 21-73, CRC Press, Boca Raton, 1988. La regeneración también se produce a partir de callos, explantes, órganos o partes de los mismos. Dichas técnicas de regeneración se han descrito en términos generales en Klee *et al.* Ann. Rev. of Plant Phys. 38:467 (1987). La regeneración de las monocotiledóneas (arroz) es descrita por Hosoyama *et al.* (Biosci. Biotechnol. Biochem. 58:1500 (1994)) y por Ghosh *et al.* (J. Biotechnol. 32:1 (1994)).

Las semillas se obtienen a partir de las plantas y se utilizan para verificar la estabilidad y la herencia. Por lo general, se cultivan dos o más generaciones para asegurarse de que la característica fenotípica se mantiene y transmite de forma estable.

Un experto reconocerá que una vez que el casete de expresión se haya incorporado de forma estable a las plantas transgénicas y se haya confirmado su operatividad, podrá introducirse en otras plantas mediante cruce sexual. Puede utilizarse cualquiera de las técnicas de cultivo estándar, en función de la especie que vaya a cruzarse.

Los ácidos nucleicos utilizados en la invención se utilizan para conferir el rasgo genético de una mayor eficiencia en el uso del nitrógeno, sin reducir la fertilidad, esencialmente en cualquier planta.

Las secuencias de nucleótidos utilizadas de acuerdo con la invención codifican generalmente una proteína adecuada a partir de cualquier organismo, especialmente a partir de plantas, hongos, bacterias o animales. Preferiblemente, las secuencias codifican proteínas procedentes de plantas u hongos. Preferiblemente, las plantas son plantas evolucionadas, y especialmente, plantas útiles que almacenan almidón o aceites, como las patatas o los cereales como el arroz, el maíz, el trigo, la cebada, el triticale, la avena, el mijo, etc., así como las espinacas, el tabaco, la remolacha azucarera, la soja, el algodón, etc.

En principio, la utilización de acuerdo con la invención puede aplicarse a cualquier planta. Por lo tanto, resultan especialmente adecuadas especies de plantas monocotiledóneas y dicotiledóneas. El proceso se utiliza preferiblemente con plantas que resultan interesantes para la agricultura, la horticultura y la silvicultura. Entre los diversos ejemplos se encuentran verduras como el pepino, el melón, la calabaza, la remolacha, el calabacín, el tomate, las espinacas, diversas especies de repollos, guisantes, judías, etc., así como con frutas como las peras, manzanas, etc.

De este modo, la invención puede utilizarse con una amplia gama de plantas, incluyendo especies procedentes de los géneros *Anacardium*, *Arachis*, *Asparagus*, *Atropa*, *Avena*, *Brassica*, *Citrus*, *Citrullus*, *Capsicum*, *Carthamus*, *Cocos*, *Coffea*, *Cucumis*, *Cucurbita*, *Daucus*, *Elaeis*, *Fragaria*, *Glycine*, *Gossypium*, *Helianthus*, *Heterocallis*, *Hordeum*, *Hyoscyamus*, *Lactuca*, *Linum*, *Lolium*, *Lupinus*, *Lycopersicon*, *Malus*, *Manihot*, *Majorana*, *Medicago*, *Nicotiana*, *Olea*, *Oryza*, *Panicum*, *Pennisetum*, *Persea*, *Phaseolus*, *Pistachia*, *Pisum*, *Pyrus*, *Prunus*, *Raphanus*, *Ricinus*, *Secale*, *Senecio*, *Sinapis*, *Solanum*, *Sorghum*, *Theobromus*, *Trigonella*, *Triticum*, *Vicia*, *Vitis*, *Vigna*, y *Zea*.

4. Utilización de los genes en la generación de plantas transgénicas

4.2 Transformación de Plantas y de Células de Plantas

De acuerdo con la presente invención, puede obtenerse una planta deseable mediante la transformación de la célula de una planta con los constructos de ácido nucleico descritos en este documento. En ciertos casos, podría resultar deseable diseñar una planta o célula de una planta con diversos constructos genéticos diferentes. Dicho diseño puede llevarse a cabo mediante la transformación de una planta o de una célula de una planta simultáneamente con todos los constructos genéticos deseados. Alternativamente, la ingeniería puede llevarse a cabo de forma secuencial. Es decir, la transformación con un constructo genético, la obtención del transformante deseado tras la selección y el filtrado, la transformación del transformante con un segundo constructo genético, y así sucesivamente. En las realizaciones preferidas, todos los constructos genéticos estarían vinculados a un diferente gen marcador seleccionable o filtrable, para facilitar la identificación de transformantes de plantas que contienen múltiples inserciones de genes. En otra realización, pueden incorporarse diferentes tipos de genes a una planta mediante el cruce de líneas parentales transformadas para cada gen.

En una realización de la presente invención, se utiliza el *Agrobacterium* para introducir los constructos genéticos en las plantas. Preferiblemente, dichas transformaciones utilizan vectores de T-ADN binarios de *Agrobacterium* (Bevan, 1984, Nuc. Acid Res. 12: 8711-8721), y el procedimiento de co-cultivo (Horsch *et al.*, 1985, Science 227:1229-1231). En general, el sistema de transformación por *Agrobacterium* se utiliza para la transformación de plantas dicotiledóneas (Bevan *et al.*, 1982, Ann. Rev. Genet 16:357-384; Rogers *et al.*, 1986, Methods Enzymol. 118:627-641). La transformación mediante el sistema del *Agrobacterium* también puede utilizarse para transformar y transferir ADN a plantas monocotiledóneas y células de plantas. (Véase Hernalsteen *et al.*, 1984, EMBO J 3:3039-3041; Hooykass-Van Slogteren *et al.*, 1984, Nature 311:763-764; Grimsley *et al.*, 1987, Nature 325:1677-179; Boulton *et al.*, 1989, Plant Mol. Biol. 12:31-40.; Gould *et al.*, 1991, Plant Physiol. 95:426-434).

En otras realizaciones, también se pueden utilizar diversos métodos alternativos para la introducción de constructos de ácido nucleico recombinantes en plantas y células de plantas. Estos otros métodos resultan especialmente útiles cuando el objetivo es una planta o célula de planta monocotiledónea. Los métodos alternativos de transferencia y transformación de genes incluyen, sin limitación, la transformación de protoplastos mediante la absorción de ADN desnudo mediada por calcio, glicol de polietileno (PEG) o electroporación (véase Paszkowski *et al.*, 1984, EMBO J 3:2717-2722, Potrykus *et al.* 1985, Molec. Gen. Genet. 199:169-177; Fromm *et al.*, 1985, Proc. Nat Acad. Sci. USA 82:5824-5828; Shimamoto, 1989, Nature 338:274-276) y la electroporación de tejidos de plantas (D'Halluin *et al.*, 1992, Plant Cell 4:1495-1505). Entre los métodos adicionales para la transformación de las células de las plantas incluyen la microinyección, la absorción de ADN mediada por carburo de silicio (Kaeppeler *et al.*, 1990, Plant Cell Reporter 9:415-418), y el bombardeo con microproyectiles (véase Klein *et al.*, 1988, Proc. Nat. Acad. Sci. USA 85:4305-4309; Gordon-Kamm *et al.*, 1990, Plant Cell 2:603-618).

De acuerdo con la utilización de la presente invención, puede diseñarse una amplia variedad de plantas y de sistemas de células de plantas para las características fisiológicas y agronómicas deseadas que se describen en el presente documento utilizando los constructos de ácido nucleico de la presente invención y los diversos métodos de transformación que se han mencionado anteriormente. En las realizaciones preferidas, las plantas objetivo y las células de plantas para ser sometidas a ingeniería incluyen, sin limitación, las del maíz, trigo, arroz, soja, tomate, tabaco, zanahorias, patatas, remolachas azucareras, girasol, batata, *Arabidopsis*, colza y petunia.

4.3 Selección e identificación de las Plantas y Células de plantas transformadas

De acuerdo con el uso de la presente invención, las plantas deseadas se pueden obtener sometiendo a un proceso de ingeniería los constructos genéticos descritos con una serie de tipos de células de plantas, incluyendo, sin limitación, protoplastos, células de cultivos de tejidos, explantes de tejidos y órganos, pólenes, embriones y plantas enteras. En una realización de la presente invención, el material de la planta se selecciona o filtra para detectar transformantes (los que incorporan o integran el constructo genético introducido) de acuerdo con los métodos descritos más adelante. A continuación, un transformante aislado puede regenerarse en una planta. Alternativamente, el material de la planta sometido a un proceso de transformación mediante ingeniería puede regenerarse para formar una planta o plántula antes de someter la planta o plántula obtenida a selección o filtrado de los rasgos genéticos del marcador. Los procedimientos de regeneración de plantas a partir de células de plantas, tejidos u órganos, bien antes o después de seleccionar o filtrar los genes marcadores son bien conocidos para las personas versadas en la materia.

Una célula de planta transformada, un callo, tejido o planta puede identificarse y aislarse mediante la selección o filtrado del material de la planta sometido a un proceso de ingeniería para detectar los rasgos genéticos codificados por los genes marcadores presentes en el ADN de transformación. Por ejemplo, la selección puede llevarse a cabo cultivando el material de la planta sometido al proceso de ingeniería en un medio que contenga una cantidad inhibitoria del antibiótico o herbicida frente al que confiere resistencia el constructo genético de la transformación. Asimismo, las plantas transformadas y las células de plantas pueden también identificarse mediante filtrado de las actividades de cualquier gen marcador visible (por ejemplo, los genes .beta.-glucuronidasa, luciferasa, B o C1) que pueden estar presentes en los constructos de ácido nucleico recombinante de la presente invención. Dichas metodologías de selección y filtrado son bien conocidas para las personas versadas en la materia.

También pueden utilizarse métodos físicos y bioquímicos para identificar los transformantes de la planta o de las células de la planta que contienen los constructos genéticos de la presente invención. Estos métodos incluyen, sin limitación: 1) análisis de Southern o amplificación de PCR para la detección y determinación de la estructura del inserto de ADN recombinante. 2) Método de Northern blot, protección de la S1 RNasa, prolongación del cebador, o amplificación de la PCR Transcriptasa inversa, etc. para detectar y examinar los transcritos de ARN de los constructos genéticos; 3) ensayos enzimáticos para detectar la actividad de las enzimas o ribozimas, cuando dichos productos genéticos son modificados por el constructo genético; 4) electroforesis de proteínas en gel, técnicas de Western blot, inmunoprecipitación o inmunoensayos enlazados por enzimas, cuando los productos del constructo genético son proteínas. También pueden utilizarse técnicas adicionales, como la hibridación *in situ*, la tinción por enzimas, y la inmunotinción, para detectar la presencia o expresión del constructo recombinante en órganos y tejidos específicos de la planta. Los métodos de realización de todos estos ensayos son bien conocidos para las personas versadas en la materia.

4.4 Filtrado de Plantas Transformadas para la detección de aquellas con unos rasgos agronómicos mejorados

De acuerdo con la utilización de la presente invención, para la obtención de plantas con unas características agronómicas mejoradas, las plantas transformadas pueden filtrarse para detectar aquellas que presenten la alteración fisiológica deseada. Por ejemplo, cuando las plantas se han sometido a un proceso de ingeniería para detectar la sobreexpresión ectópica de una enzima GS, se examinan las plantas transformadas para detectar aquellas que expresan la enzima GS al nivel deseado y en los tejidos y fases de desarrollo deseadas. Cuando se han diseñado las plantas para la supresión de un gen objetivo, se examinan las plantas transformadas para detectar aquellas que expresan el producto genético objetivo (por ejemplo, ARN o proteína) a niveles reducidos en diversos tejidos. Las plantas que presentan los cambios fisiológicos deseados, por ejemplo, sobreexpresión de la GS ectópica o supresión de la enzima GS, pueden filtrarse posteriormente para detectar aquellas plantas que presentan los cambios agronómicos deseados.

Alternativamente, las plantas transformadas pueden filtrarse para detectar las que exhiben los cambios agronómicos deseados. En una realización, dicho filtrado puede referirse al crecimiento productivo de las plantas transformadas en condiciones de deficiencia de nutrientes nitrogenados. Esto consiste en detectar el crecimiento de las plantas transformadas en unas condiciones, con respecto a los nutrientes nitrogenados disponibles, que causen el cese o la disminución del crecimiento de la planta natural y reduzcan significativamente el tamaño o la calidad de la planta natural. Un ejemplo de unas condiciones de deficiencia de los nutrientes nitrogenados del tabaco y las plantas con unas necesidades de nutrientes nitrogenados similares es que cuando el único nutriente nitrogenado del suelo o del medio sintético es (a) nitrato suministrado o aplicado periódicamente a una concentración de 0,5 mM o inferior, o (b) los equivalentes fisiológicos del nitrato (por ejemplo, amonio o una mezcla de nitrato y amonio) suministrados o periódicamente aplicados a una concentración que sea fisiológicamente equivalente a 0,5 mM de nitrato o inferiores (Véase Eckes *et al.*, 1988, documento no. AU-A-17321/88 de la oficina australiana de patentes). Otro ejemplo de una condición deficiente de nutrientes nitrogenados es cuando el nivel en fase estable del nutriente nitrogenado disponible en el suelo o medio sintético es de menos de 0,02 mN de nitrato o equivalentes fisiológicos del mismo. El término nitrato, tal y como se utiliza en este documento, significa una de las sales de nitrato, normalmente utilizadas como fertilizante nitrogenado para plantas, o cualquier mezcla de las mismas, como por ejemplo, nitrato potásico, nitrato cálcico, nitrato sódico, nitrato de amonio, etc. El término amonio, tal y como se utiliza en este documento, significa una de las sales de amonio, normalmente utilizadas como fertilizante nitrogenado para plantas, o cualquier mezcla de las mismas, como por ejemplo, nitrato de amonio, cloruro de amonio, sulfato de amonio, etc.

En otras realizaciones, el filtrado de las plantas transformadas puede llevarse a cabo para detectar mejoras en las características agronómicas (por ejemplo, un crecimiento más rápido, un mayor rendimiento vegetativo o reproductivo, un mayor contenido en proteínas, etc.) en comparación con las plantas progenitoras no modificadas, cuando se cultivan en unas condiciones de crecimiento no limitadoras del nitrógeno (es decir, cultivadas utilizando terrenos o medios que contengan o reciban suficientes cantidades de nutrientes nitrogenados que respalden el crecimiento saludable de la planta). Un ejemplo de condiciones no limitadoras de tabaco y plantas con unas similares necesidades de nutrientes nitrogenados es aquel en el que el único nutriente nitrogenado del suelo o del medio sintético es (a) nitrato suministrado o aplicado periódicamente a una concentración de 10 mM o superior, o (b) los equivalentes fisiológicos del nitrato suministrados o periódicamente aplicados a una concentración que sea fisiológicamente equivalente a 10 mM de nitrato o superior. Otro ejemplo de condiciones en las que no se limita el nitrógeno sería cuando el nivel en fase estable del nutriente nitrogenado disponible en el suelo o medio sintético es de al menos 1,0 mM de nitrato potásico o equivalentes fisiológicos del mismo. Pueden encontrarse en la técnica orientaciones adicionales con respecto a lo que son unas condiciones deficientes o “no limitativas” en relación con los nutrientes nitrogenados. Véase, por ejemplo, Hewitt, E. J., *Sand and Water Culture Methods Used in the Study of Plant Nutrition*, 2nd ed., Farnham Royal (Bucks), Commonwealth Agricultural Bureaux, 1966; y Hewitt, E. J., *Plant Mineral Nutrition*, London, English University Press, 1975.

En las realizaciones en las que las plantas transformadas son legumbres, puede efectuarse un filtrado directo para la detección de plantas transformadas con los cambios agronómicos y mejoras deseadas en la forma descrita más arriba, pero en unas condiciones en las que se suprime la formación de nódulos de o la fijación del nitrógeno.

De acuerdo con el uso de la presente invención, las plantas diseñadas con las alteraciones en la asimilación del nitrógeno o los procesos de utilización pueden presentar un mejor contenido de nitrógeno, composiciones de proteínas o aminoácidos alterados, características de crecimiento vigoroso, mayores rendimientos vegetativos o un mayor rendimiento y calidad de las semillas. Las plantas modificadas y las líneas de plantas que presentan dichas características agronómicas mejoradas pueden identificarse mediante el examen de cualquiera de los siguientes parámetros: 1) la tasa de crecimiento, medida en términos de tasa de aumento en el peso fresco o en seco; 2) rendimiento vegetativo de la planta madura, en términos de peso fresco o en seco; 3) el rendimiento de las semillas o frutos; 4) el peso de las semillas o frutos; 5) el contenido total de nitrógeno de la planta; 6) el contenido total de nitrógeno del fruto o semilla; 7) el contenido de aminoácidos libres de la planta; 8) el contenido de aminoácidos libres de la semilla o el fruto; 9) el contenido total de proteínas de la planta; y 10) el contenido total de proteínas del fruto o la semilla. Los procedimientos y métodos de examen de dichos parámetros son bien conocidos para un experto en la materia.

De acuerdo con el uso de la presente invención, una planta deseada es una que presenta mejoras con respecto a la planta de control (es decir, la planta progenitora) en uno o más de los parámetros anteriormente mencionados. En una realización, una planta deseada es una que presenta al menos un aumento del 5% con respecto a la planta de control en al menos un parámetro. En una realización preferida, una planta deseada es aquella que presenta al menos un aumento del 20% con respecto la planta de control al menos en un parámetro. La planta preferida es una planta que presenta al menos un aumento del 50% con respecto la planta de control al menos en un parámetro.

5. Ensayos para la determinación de las características de eficiencia en el uso del nitrógeno

Se ensayó la eficiencia en el uso del nitrógeno por parte de las secuencias de nucleótidos de la invención mediante diversos ensayos.

5.1 Determinación del inhibidor de la asimilación del nitrógeno (MSX)

Una serie de semillas procedentes de las líneas T₁, T₂ y T₃ que contenían el gen de interés se situaron en placas de cultivo en un medio MS que contenía MSX (0,1 nM). También se plantaron semillas de control naturales tipo WS y transgénicas (vector 750). Las placas de cultivo se sometieron a evaluación al cabo de nueve días tras su plantación. Las plantas mas verdes se transfirieron a un medio MS para que se recuperasen durante una semana y después se transfirieron a un medio sólido para prestar atención a las semillas selfed y someterlas a pruebas en la generación T₃.

Se asignó una resistencia al BastaTM en las generaciones T₂ y T₃.

Finalidad: La sulfoximina de metionina inhibe la enzima GS/GOGAT, lo que afecta a la biosíntesis de los principales compuestos que contienen nitrógeno (aminoácidos, nucleótido, clorofila, poliamina y biosíntesis de alcaloides). La ventaja de esta determinación es que encontrará sobre-expresores con una mejor absorción del nitrógeno y/o utilización independiente del nitrógeno disponible en el suelo.

ES 2 364 152 T3

Procedimiento

1. Esterilización de las semillas

5 Se toma una muestra alícuota de 1200 semillas para T2 o 1700 semillas para T3, introduciéndolas en un tubo eppendorf de 1.5 mL.

- 10 • Trasvasar mediante un pipeta 1,5 mL de solución de lejía al tubo (15 mL de lejía Clorox de uso industrial, añadiendo agua hasta alcanzar 50 mL). Incubar la semillas en la solución de lejía durante 5 minutos, invirtiendo el tubo periódicamente. Hacer girar en la centrifugadora Eppendorf hasta obtener la velocidad máxima (aproximadamente 14-15K) y detenerla. Eliminar la solución de lejía utilizando una punta de pipeta nueva P1000.
- 15 • Trasvasar mediante un pipeta 1,5 mL de agua esterilizada en el tubo. Invertir el tubo para suspender las semillas (2X). hacer girar el tubo en la centrifugadora Eppendorf hasta que se obtenga la velocidad máxima. Eliminar el agua utilizando una punta de pipeta nueva P1000, evitando absorber las semillas. No importa si queda un poco de agua. Repetir este paso dos veces más.
- 20 • Trasvasar mediante un pipeta 1 mL de Phytagar esterilizado al 0,2% al tubo.
- Tapar los tubos con film de aluminio y estratificar en un refrigerador a 4°C durante 3 días.

2. Preparar 100 nM de sulfoximina de metionina esterilizada mediante filtro

- 25 • Disolver 27,03 mg de sulfoximina de metionina en 1.5 mL de agua. Utilizar 1.3 mL de agua para la disolución y añadir posteriormente agua hasta obtener 1.5 mL.
- 30 • Esterilizar el filtro utilizando 0.20 mm de filtro no pirogénico Super Membrane.

3. Obtener 1 L de medio MS

35	(por litro)	Cantidad añadida 15
	Medio MS	4,3g
40	Hidrato de MES	0,5g
	Sucrosa (0.5%)	5g 20
45	sulfoximina de metionina (100 mM) (tras someterla a autoclave)	1000 µl

- 50 • Llenar un cubo de Nalgeno de 2 L con 900 mL de agua. Colocar la varilla agitadora en el tubo y comenzar a agitar el agua.
- 55 • Disolver 4,3 g de medio MS, 0,5 g de hidrato de MES, y 5 g de sucrosa en agua. Agitar hasta que se hayan disuelto todos los componentes.
- Verter el medio en un matraz graduado de 1 L y añadir agua hasta completar 1 L. Devolver el medio al cubo de Nalgeno de 2 L y removerlo durante unos minutos.
- Utilizar una solución 10N de KOH para que el pH del medio alcance 5,7.
- 60 • Verter el medio en una botella de Pyrex de 2 L. Añadir 10 g of de Agar-Agar granulado para microbiología a la botella. Colocar una barra de agitación magnética en la botella.
- Someter a autoclave el medio en las condiciones siguientes: 35 min de tiempo de esterilización a 121°C.
- 65 • Cuando el medio se haya terminado de someter a autoclave, retirar el medio del autoclave y dejar que se enfríe en un baño de agua a 55°C durante aproximadamente una hora.
- Introducir las placas de cultivo en la Campana de flujo laminar estéril y etiquetarlas.

ES 2 364 152 T3

- Cuando el medio se haya enfriado a aproximadamente 55°C, colocarlo en la placa de agitación hasta que el agar se haya mezclado correctamente con el medio.
- Añadir 1000 µl de Metionina Sulfoximina esterilizada en filtro de 100 mM. Agitar hasta que se mezcle. Utilizar una pipeta desechable de 50 mL para trasvasar 45 mL del medio a las placas de cultivo.
- Dejar que se solidifique toda la noche en la campana de flujo laminar, asegurándose de que la campana se desconecta por la noche para garantizar que el medio no se seque.

4. Plantar las semillas

- Retirar aproximadamente 1.5 mL de tubo eppendorf conteniendo aproximadamente 1200 semillas a 4°C y retirar la lámina que las cubre.
- Utilizando una pipeta P1000, trasvasar todo el contenido del tubo eppendorf a la placa colocando uniformemente gotitas de líquido alrededor de la placa.
- Utilizando la punta del esparcidor, distribuir uniformemente las semillas por la placa.
- Colocar en una cámara de crecimiento a 22°C.

5. Evaluación de las plantas que presentan una respuesta positiva al stress

- Proceder a la evaluación de las placas a los 9 días de su plantación en placas de cultivo.
- Transferir las plantas que presenten una respuesta positiva al stress (es decir, las verdes) a placas de cultivo con un medio MS para su recuperación.
- Al cabo de una semana de recuperación, extraer el ADN de una muestra de la hoja y amplificarlo mediante PCR de acuerdo con el protocolo Ceres-HTP para el control de calidad de las plantas, etapas 2-13.
- Transplantar las plantas al suelo para obtener semillas T3.
- Comprobar las semillas T3 como se ha indicado anteriormente.

5.2 Evaluación de la clorofila

Medidas de la clorofila a partir de brotes de Arabidopsis

Referencias primarias: Moran and Porath (1980) Chlorophyll determination in intact tissues using N,N-dimethylformamide. Plant Physiol. 65:478-479.

Moran (1982) Formulae for determination of chlorophyllous pigments extracted with N,N-dimethylformamide. Plant Physiol. 69: 1376-1381.

En el caso del Arabidopsis cultivado en placas, pueden utilizarse brotes o plantas enteras. (Suele ser muy difícil recuperar raíces en agar sin el agar pegado, y las raíces suelen quebrarse.

Se recomienda limitar la recolección de tejidos a tejidos de los brotes, si la masa es suficiente.

Las plantas individuales o los tejidos procedentes de las plantas se retiran de la placa con unas tijeras finas, y se colocan en una balanza que sea capaz de determinar masas de un solo miligramo. El material de la planta se sumerge en una solución al 10% (W/v) de N,N-dimetilformamina acorde con la masa de la planta (por ejemplo, 5,0 mg de tejido se sumergen en 500 µl de N,N-DMF).

También se pueden utilizar puntas de 200 µl utilizando la “otra punta” para perforar un orificio de tamaño consistente (para At).

Peso de la hoja perforada= ~0.0043 (0.0258/6) o 4.3 mg

radio = 2.5 mm

Circunferencia = 15.7 mm

ES 2 364 152 T3

Área = 19.625 mm

Sumergida en 400 ul de N,N-DMF

Perforadora (para maíz)

Peso de la hoja= ~0.0032 (0.0228/7) o 3.2 mg

radio= 4 mm

Circunferencia = 25.12 mm

Área = 50.24 mm

Sumergida en 300 ul of N,N-DMF

Las muestras se mantienen en un sitio oscuro a 4 grados centígrados durante una noche. De acuerdo con las referencias, la clorofila de las muestras permanece bastante estable en este estado durante algunos días. Antes de medirlas, se hacen girar las muestras durante 5 minutos a la máxima velocidad en una microcentrifugadora para empaquetar el tejido y facilitar la extracción de la muestra de N,N-DMF para la espectrofotometría.

Retirar 100 μ l de la muestra y colocarla en una microcubeta en el espectrofotómetro. Leer el OD₆₆₄ y el OD₆₄₇ de cada muestra. Existe un protocolo en la especificación Lab3 titulado “Ed_CHL”.

La cantidad de clorofila A, de clorofila B, y de clorofila total se calcula mediante la siguiente fórmula:

$C_t = C_a + C_b$, donde C_t = clorof. total, C_a = clorof. A, y C_b = clorof. B.

$$C_t = 7.04 A_{664} + 20.27 A_{647}$$

$$C_a = 12.64 A_{664} - 2.99 A_{647}$$

$$C_b = 5.6 A_{664} + 23.26 A_{647}$$

5.3 Ensayo de Nitrógeno en suelo

Finalidad

Confirmar los principales candidatos para la MSX mediante pruebas cuantitativas con 3 diferentes condiciones de nitrógeno en el terreno.

Procedimiento

1. Estratificar las semillas (día uno)

- Distribuir en partes alícuotas el número de semillas que va a necesitar, introduciéndolas en un tubo corning de 15 ml.
- Teniendo en cuenta que van a sembrarse aproximadamente cinco semillas por recipiente, necesitará unas 540 semillas para cada evento transgénico y aproximadamente 540 semillas para las semillas de segregación naturales. En caso de la variedad natural WS y el Col se necesitará alrededor de la mitad (270) de semillas.
- Añadir a cada tubo 10 ml de una solución de agar-agar al 0,2%. Suspende las semillas volteando el tubo varias veces.
- Colocar los tubos en un lugar oscuro a 4°C durante 4 días, para que se produzca la estratificación. De este modo se garantizará una germinación uniforme.

ES 2 364 152 T3

2. A. Preparación del terreno (día tres)

- Preparar 36 bandejas de cultivo de disolución del suelo 3:2 para cada una de las líneas que van a verificarse. Se utilizarán nueve bandejas para un tratamiento (o una concentración 1 N). La mezcladora de cemento puede contener bastante terreno para 9 bandejas.

En la mezcladora de cemento, mezclar 3 partes de Metromix 200 con 2 partes de *Thermorock vermiculite*. Para 9 bandejas de cultivo, esto equivale a 54 L de Metromix 200 y 36 L de *Thermorock vermiculite*.

- Para mantener el suelo consistente durante todo el experimento es preferible preparar suelo de sobra a preparar dos lotes, y tomar suelo del mismo lote cada vez.
- Desechar el exceso de suelo.

B. Rellenar 24 pacs de las bandejas de cultivo con el suelo

- Rellenar 36 bandejas de 24 pacs colmadas con el material del suelo ya preparado.
- Nivelar el suelo con un borde recto.
- Colocar el recipiente relleno en una bandeja sin orificios.

3. Saturar el suelo (día cuatro)

- Introducir 3 L de agua por bandeja de cultivo en la bandeja auxiliar sin orificios.
- Dejar que se sature durante algunas horas. No verter el exceso de líquido.

4. Sembrar las semillas (día cuatro)

- Cada bandeja contendrá 6 recipientes del evento uno, 6 recipientes del segundo evento y 6 recipientes de cada una de las semillas de control de segregación natural (2 eventos y 2 segregantes naturales = 24 recipientes = 1 bandeja de cultivo). Normalmente hay 2 eventos para cada candidato principal a la MSX que va a comprobarse.
- Colocar una bandeja en el banco.
- Separar etiquetas de 5/8" x 5" y colocar una en cada recipiente.
 - Las etiquetas contendrán solamente la información del número único de planta y las condiciones de nitrógeno.
 - Se necesitará llevar una hoja Excel que informe de las líneas de semillas que se encuentran en cada recipiente en las condiciones de nitrógeno especificadas.
- Seleccionar la correspondiente semilla que coincida con el recipiente/bandeja de cultivo etiquetados.
- Verter con la pipeta el agar al 0,2% que contiene 5 semillas en los 6 recipientes situados aleatoriamente en la bandeja (obsérvese que la pipeta puede reutilizarse para cada tipo de semilla, pero no debe contaminarse). Si se colocan 5 semillas en cada recipiente se asegura que cada recipiente tendrá una planta superviviente.
- Repetir las fases de plantación en todas las condiciones de nitrógeno.
- Una vez finalizado el proceso, cubrir cada bandeja con un domo de propagación y cerrar la tapa.
- Colocar las bandejas de cultivo en el invernadero (fotoperíodo de 16 horas).

5. Retirar el domo de propagación

- Retirar el domo de propagación al cabo de una semana de la siembra.
- Añadir aproximadamente 1 L de agua al día siguiente a cada una de las bandejas.

ES 2 364 152 T3

6. *Eliminar el exceso de plántulas. En este experimento, las plantas de segregación natural se utilizarán también como controles internos para su análisis cuantitativo. Por lo tanto, NO se utilizará la pulverización final.*

- Utilizando unos fórceps, eliminar cuidadosamente el exceso de plántulas de forma que quede una planta en cada uno de los recipientes de la bandeja.
- Esto suele llevarse a cabo cuando parece que va a sobrevivir al menos una de las plantas (es decir, están comenzando a formarse auténticas hojas).

7. *Programa de riego recomendado Debe regarse dos veces por semana (martes y viernes) empezando en la segunda semana con posterioridad a la plantación*

- El tratamiento con nitrógeno se lleva a cabo durante la segunda semana de plantación, una vez que las plantas están bien asentadas.
- Preparar ¼ X de solución de Hoagland (sin nitrógeno) a partir de una solución madre 2X (2.5 L de la solución 2X de Hoagland disuelta con agua hasta 20 litros).
- Añadir la cantidad de nitrógeno necesaria para obtener 25, 250 y 1500 ppm de NO₃ como única fuente de nitrógeno. Véanse más abajo los cálculos de la muestra.

Fuente de nitrógeno	Solución madre (mM)		vol. Req (ml)	vol. total (li)
KNO ₃	ppm	mM		
	25	1.78	17.8	20
	250	17.8	178	20
	750	53.4	534	20
100 (VALOR DE REF)		7.12		
se ha utilizado KNO ₃ solamente para este experimento				

- Regar las bandejas correspondientes con 2 L de la concentración de nitrógeno requerida. Esta operación se lleva a cabo una vez durante la 2ª semana.
- En la 3ª semana (exactamente una semana después) se riega una vez más con una concentración de 750 ppm, y el resto de las bandejas se regarán SOLAMENTE con una solución de Hoagland ¼ X (sin nitrógeno).
- Utilizar solamente agua en el resto de las ocasiones, hasta la finalización del experimento.

*Nota: Este calendario puede variar en función de la humedad del suelo en el invernadero durante la realización del experimento.

8. *Captación de medidas cuantitativas*

- Tomar nota de los fenotipos cualitativos inesperados (es decir, retrasos en la maduración de la planta, atrofia del crecimiento y/o cualquier síntoma de stress, etc.).
- En el momento de la maduración (cuando aproximadamente un 80% de las plantas ha madurado).
 - Medir la longitud y la anchura de la roseta para obtener la superficie de la roseta y el diámetro medio.

10. *Toma de la biomasa. Toma efectuada 7 días después*

- Tomar toda la parte aérea de la planta cortando por la base de la planta, bajo las hojas de la roseta, e introducirla en los sobres etiquetados.
- Colocar los sobres en el horno de secado durante 1-2 días.
- Extraer las plantas del horno de secado y dejar que se enfríen durante un par de horas.
- Pesar las plantas en la balanza.

5.4 Ensayo realizado a elevados niveles de pH

Este ensayo proporciona una herramienta para la determinación de las plantas que son más capaces de desarrollarse y/o recuperarse bajo las limitaciones nutricionales impuestas por unas elevadas condiciones de pH. Se evaluó el verdor y el tamaño de las plantas transformadas con el gen de interés en un medio con un pH elevado. Las semillas se esterilizan y se plantan en bandejas de cultivo en un medio con un pH elevado (pH 9,0). El pH se ajusta a 8,5 en lugar de 9,0 en el caso de los ensayos de eventos individuales. Cuando se efectúa el ensayo de eventos individuales en los que sólo se plantan 36 semillas (en lugar de las aproximadamente 1700 semillas de los supergrupos) se precisa un pH más bajo, de 8,5, para evaluar el crecimiento con mayor precisión. Las bandejas se evaluaron al cabo de 7 y 12 días tras su plantación en las bandejas. La semilla natural de control Wassilewskija (Ws) se esteriliza y estratifica en paralelo con ME00175-01, -02, y -03.

Finalidad

Determinación de aquellos mutantes que puedan desarrollarse más adecuadamente en las condiciones de deficiencia nutricional (fosfato, manganeso, hierro, boro) impuestas por las condiciones alcalinas.

Procedimiento

1. Agrupación de semillas

- GRUPO PRINCIPAL: Se agruparon en un tubo aproximadamente 200 semillas para cada uno de los 5 cADNs independientes. A esta agrupación se le denominó “Grupo Principal”. Se adoptaron las precauciones necesarias para tomar aproximadamente el mismo número de semillas de cada una de las cinco líneas.
- SUPERGRUPO: Se agruparon aproximadamente 200 semillas de los 500 “Grupos principales” en un tubo. A esta agrupación se le denominó “Supergrupo”. Se adoptaron las precauciones necesarias para tomar el mismo número de semillas de cada uno de los Grupos Principales.

2. Esterilización de las semillas

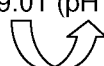
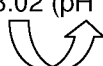
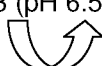
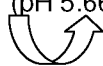
- Distribuir en partes alícuotas 50 semillas de cada Grupo Principal en tubos de 1,5 mL para su esterilización.
- Distribuir 1200 semillas agrupadas de cada supergrupo en un tubo de 2 mL para su esterilización.
- Añadir 600 µl de solución de lejía fresca al 50%. Invertir el tubo para suspender las semillas. Agitar durante 5 minutos invirtiendo los tubos en estantes de microtubos de plástico. Dejar que se asienten las semillas y eliminar la solución de lejía.
- Aplicar 600 µl de agua destilada esterilizada. Invertir el tubo para suspender las semillas (2X). Dejar que se asienten las semillas y eliminar el agua con una pipeta. Repetir 3 veces. Tras el último lavado, volver a suspender las semillas en 500 µl de agua destilada esterilizada. Invertir para suspender las semillas.
- Estratificar a 4°C durante 3 días.

3. Preparación de un medio de ensayo con un pH elevado (por litro)

- Preparar MS + Sucrosa al 0,5% (S0389, Sigma), 0.5 g/L hidrato de MES (M8250, Sigma) y 7.0 g/L de agar-agar. Ajustar el pH con KOH 10 N.
- Los ensayos iniciales se realizaron con un abanico de valores de pH: pH 5.7 (CONTROL), pH 7.03, pH 8.02, pH 9.01, pH 10.18.
- Esterilizar durante 20 minutos a 122°C.
- Verter 45 mL de medio por cada placa de cultivo cuadrada. Comprobar que se agita el medio cada vez que se vierte el producto para asegurarse de que la precipitación que se produce como resultado de los ajustes del pH se distribuye homogéneamente por todas las placas y se distribuye homogéneamente en cada placa de cultivo.
- Comprobar de nuevo el pH del medio frío pasado por autoclave para verificar el pH final del cultivo. Esto se lleva a cabo fabricando un fango con el medio solidificado mediante una espátula.

ES 2 364 152 T3

- pH 5.7 (pH 5.66), pH 7.03 (pH 6.50), pH 8.02 (pH 7.50), pH 9.01 (pH 8.91), pH 10.18 (pH 9.91)



5 Los resultados iniciales demostraron que los valores del pH descendieron tras el paso por el autoclave, como se ha demostrado más arriba. Por consiguiente, el pH del medio debe verificarse tras el paso por el autoclave en todos los experimentos. El análisis de los resultados demostró que un pH 9.01 (pH 8.91) es el más eficaz para un ensayo con pH elevado, ya que permite la germinación pero no el crecimiento por encima de los 2 a 5 mm. A un pH de 9 tampoco se observó ningún crecimiento de las raíces. Un pH más elevado tuvo como resultado la ausencia de germinación (pH 10,18). Nuestro objetivo consiste en percibir una gran diferencia de vigor y verdor entre los grupos no resistentes de tipo natural (WS) y los de los grupos putativos resistentes. Por consiguiente se utilizará un pH de 9.0 para filtrar todos los Grupos principales y un pH de 9.5 para filtrar los supergrupos. Se utilizará un pH más elevado para filtrar todos los Supergrupos, ya que la mayor densidad de semillas por placa de cultivo provoca un rápido cambio en el pH de la placa al cabo de tan sólo 2 días después de sembrar las semillas.

15 Por consiguiente, se precisa un pH inicial más elevado para conseguir los mismos resultados de determinación utilizados para la determinación del Grupo principal con un pH de 9.0.

20 4. Sembrar en placas de cultivo

- 25 • **GRUPOS PRINCIPALES:** Sembrar en bandeja de cultivo 12 semillas (de líneas de Grupos Principales en línea recta en dos placas con MS con un pH de 9.0 (24 plántulas) y 2 placas con MS con un pH de 5.7 (MEDIO DE CONTROL) verticalmente orientadas. Las plántulas sembradas en MS con un pH de 5.7 Se utilizaron como medio de determinación visual para el control del crecimiento de brotes y raíces. Se sembraron 10 bandejas de WS natural, utilizadas como control, en un medio MS con un pH de 9.0 para asegurarse de que no se produjesen escapes en cada uno de los experimentos.
- 30 • **SUPERGRUPOS.** Sembrar 1200 semillas en bandejas cuadradas de gran tamaño, de 22.5 x 22.5 cm. Se incluyeron en la misma bandeja aproximadamente 100 semillas de WS naturales y de WS transgénico (Vector 35S-YFP) para asegurar que los cambios en el pH se ajusten al método de identificación descrito.
- 35 • Envolver las bandejas con cinta porosa Micropore y apilarlas verticalmente en un estante (Sólo los grupos principales). Las placas de los supergrupos están orientadas horizontalmente.
- Colocar las placas en una cámara de crecimiento refrigerada a 22°C. Tomar medidas de la iluminación en unidades LUX para asegurarse de que todas las pilas de placas recibían suficiente luz.

40 5. Puntuación de cada bandeja

- 45 • Al cabo de 7 y 14 días, puntuar el crecimiento de raíces y brotes de acuerdo con los métodos de determinación visual (MS pH 5,7) y de pH elevado (solución MS con un pH 9,0).
 - Un pH elevado del suelo o del medio (el pH del suelo normal es de 6.0 a 6.5) no permite que las plantas absorban suficiente hierro, boro y manganeso. El hierro es uno de los componentes de la clorofila, por lo que las plantas resultantes carecen de color verde y no se desarrollan. En este ensayo estamos buscando plántulas que puedan superar esta deficiencia.

50 5.5 Ensayo de Rendimiento del suelo II

Se inició un segundo ensayo en el suelo para comprobar el efecto de una amplia gama de concentraciones de nitrógeno en las raíces. Se obtuvo un auténtico segregante natural del evento ME03118-01, utilizándose en este experimento. El experimento se llevó a cabo en dos entornos de invernadero, uno en Thousand Oaks, CA y el segundo en Malibú, CA. El diseño del experimento modificado se describe en la sección de métodos y materiales “*Suelo-Ensayo de rendimiento del nitrato II*”. Las principales diferencias con respecto al ensayo de suelo anterior fueron el uso de nitrato como fuente única de N, y el uso de una gama más amplia de concentraciones de nitrato, variables entre 25 y 1500 ppm de nitrato. Se incluyó como control una línea segregada de un transgen de UDP-Glucosa epimerasa, para efectuar la comparación.

Los resultados del experimento del invernadero de Thousand Oaks indican que el ME3118-04 muestra en todo momento una tendencia a un mejor rendimiento a unas concentraciones de N medias y altas en al menos 2 replicas de la biomasa y en 3 reps en la superficie de la roseta. La mejora de la biomasa tiene una importancia estadística a $P \leq 0.05$ en una de las réplicas de 1500 ppm, y también es importante cuando se agrupan los datos replicados. En segundo evento de ME3118, ME3118-01 no mostró una mejora del rendimiento en comparación con su segregante de control natural. Además, las líneas ME3228 no mostraron un aumento del rendimiento a ninguna concentración de nitrógeno.

El experimento del invernadero de Malibú mostró unos resultados en cierta medida similares a los del experimento de Thousand Oaks. Una vez más, el ME3118-04 muestra en todo momento un mejor rendimiento que su variedad de control a las tres concentraciones de N en todas las réplicas, en la biomasa y en la superficie de la roseta. No obstante, la mejora en la biomasa y la superficie de la roseta es menos pronunciada que en el caso del experimento realizado en el invernadero de Thousand Oaks y no resultan estadísticamente significativos al nivel de $P \leq 0.05$ en cualquier condición de medida. La línea transgénica de control que expresa erróneamente el gen de la UDP-glucosa epimerasa no mostró mejoras significativas en la superficie de la roseta o la producción de biomasa en ninguno de los experimentos realizados en invernadero.

En general, los resultados indican que el ME3118 puede conllevar una mejora en las características de uso del nitrógeno en la Arabidopsis transgénica, pero las mejoras pueden verse significativamente afectadas por las condiciones medioambientales en las que se cultivan las plantas. Otro factor lo constituyen los antecedentes genéticos del germoplasma. Se observa una sorprendente diferencia entre los ecotipos Columbia y WS en lo tocante a la superficie de su roseta y acumulación de biomasa en función del nitrógeno suministrado. Columbia continúa respondiendo positivamente a la adición de nitrógeno hasta 1500 ppm mientras que el crecimiento de la variedad WS se inhibe a 1500 ppm. Esto indica que será importante examinar el candidato principal 32 en otros entornos genéticos.

Resultados

Los resultados de los ensayos se recogen en las secciones individuales de la Tabla I, es decir, las Tablas I-A-J. Los resultados demuestran la actividad de los nucleótidos de la invención, y su utilidad para obtener plantas genéticamente modificadas con unas mejores características en lo tocante a la eficiencia en el uso del nitrógeno. Dichas plantas genéticamente modificadas pueden fabricarse utilizando una de las secuencias descritas en la Tabla I, así como uno o más de sus ortólogos descritos en la Tabla II.

(Tabla pasa a página siguiente)

TABLA I-A

Nombre de la fila	Datos
A: N° de Informe	32.1
B: Descripción general del gen	Ceres cDNA 12422368; clon 15650
C: Utilidad general del gen:	Modula la biomasa y la tasa de crecimiento en unas condiciones de disponibilidad de nitrógeno que normalmente limitarían el crecimiento.
D: Rasgos que pueden modular el Gen y sus Homólogos/Ortólogos:	Nutriente. Este gen, cuando se expresa incorrectamente, provoca un incremento de la producción de aminoácidos, péptidos y proteínas en la planta, con el resultado de un mayor valor nutricional. Dichas plantas transgénicas son útiles para conseguir unos forrajes y piensos de calidad superior.
E: Subrasgos que pueden modular el Gen y sus Homólogos/Ortólogos:	Eficiencia en el uso del nitrógeno. Este gen, cuando se sobreexpresa, produce una planta que crece adecuadamente en condiciones de escasez de nitrógeno. Como resultado de ello, estas plantas transgénicas requieren menos fertilizante, lo que representa un menor coste para el agricultor y una menor contaminación de la capa freática por nitrato.
F: Resumen de las Funciones del Gen:	- La expresión ectópica del Ceres cDNA 12422368 bajo el control del promotor 35S induce los siguientes fenotipos: - Aumento del tamaño y raíces más largas en un inhibidor de asimilación del nitrógeno, como la sulfoximina de metiomina (MSX). - Aumento del tamaño y del verdor en condiciones de escasez y ausencia de nitrógeno. - Aumento de tamaño y verdor en condiciones de elevada presencia de nitrógeno en el suelo Las líneas de plantas, que son heterocigóticas u homocigóticas en el caso del Ceres cDNA 12422368, no presentan ningún fenotipo negativo en condiciones normales de crecimiento. Las plantas florecen normalmente y presentan una fertilidad natural. Las plantas cuentan con diversos medios para hacer frente a las deficiencias de nutrientes. Uno de los mecanismos más importantes para ello consiste en secuestrar o almacenar el nitrógeno en épocas de abundancia para su posterior utilización. Los transportadores de péptidos son una de las clases de proteínas que participan en este proceso, como la proteína codificada por este cDNA y sus homólogos/ortólogos. Existen muy pocos informes publicados en relación con los transportadores de péptidos en plantas, lo que indica que su función en el crecimiento y desarrollo de la planta está aún sin explorar. Los transportadores de péptidos son transportadores mediados por portadores y dependientes de la energía. Los péptidos, que se han internalizado en la célula, se descomponen en aminoácidos, que a su vez se utilizan como fuentes de nitrógeno y carbono. La sobreexpresión de un transportador de péptidos puede proporcionar nitrógeno a una planta de forma más adecuada, lo que constituye una ventaja en entornos competitivos de nitrógeno (N). La utilización de un inhibidor de asimilación del nitrógeno como representación de este entorno competitivo proporciona un método de determinación muy útil para los candidatos que tienen una mejor eficiencia en el uso del nitrógeno (NUE). Este método de determinación proporciona un método bien definido para la identificación de los candidatos N, ya que elimina el carácter subjetivo de la limitación de los métodos de determinación de N en función de ligeros incrementos en el tamaño y verdor. El inhibidor de asimilación de N funciona como sigue: En condiciones normales, el amonio se convierte en glutamina mediante la glutamina sintetasa. Cuando se acumulan N grupos, la absorción del amonio se interrumpe debido a la regulación de feedback. En presencia de metiomina sulfoximina (MSX), se bloquea la conversión del amonio en glutamina y la biosíntesis de los

	principales compuestos que contienen nitrógeno, como los aminoácidos, nucleótidos, clorofilas, poliaminas y alcaloides. De este modo, el método de determinación del inhibidor de la asimilación de N se desarrolló como un método de determinación global para la búsqueda de inductores de sobreexpresión con una mayor NUE independiente del N disponible en el suelo. Las líneas que mostraron un mayor crecimiento se comprobaron con métodos de determinación más focalizados. Mayor verdor y raíces más largas en plantas que contienen 35S::cDNA12422368 en condiciones inhibitorias; de este modo, la modulación de este gen y de sus homólogos/ortólogos mejorará el crecimiento en diversas condiciones de nitrógeno (es decir, con contenidos de nitrógeno bajos y/o elevados). - La expresión ectópica de del cDNA 12422368, bajo un un potente promotor constitutivo (35S), permite obtener plantas más grandes y más verdes, en diversas condiciones de nitrógeno. - El cDNA 12422368 está ligeramente regulado a la baja en las rosetas tratadas con 15 mM de nitrato de amonio, así como en las raíces tratadas con 1 mM de nitrato potásico (datos no mostrados). La sobreexpresión de este cDNA ha superado esta regulación a la baja en presencia/ausencia de nitrógeno, para obtener plantas que sean más verdes y más altas en condiciones de abundancia o escasez de nitrógeno. Estas plantas no muestran ningún fenotipo severo en condiciones de crecimiento normales o en condiciones de stress. Este gen, sus productos genéticos y sus homólogos/ortólogos pueden modularse en los siguientes ejemplos para alterar la utilización del nitrógeno en una planta: - El transporte de los péptidos desde el origen a los tejidos sumidero mejora la eficiencia en el uso del nitrógeno durante la germinación de la semilla, el establecimiento de la potencia y la senescencia de semilla. La expresión de este transportador y sus homólogos/ortólogos a través de promotores con diferentes patrones de expresión temporal y espacial que se corresponden con el proceso objetivo se incluyen en la invención. Por ejemplo, la expresión del transportador a través de un promotor que presenta una gran actividad durante la germinación de la semilla y que se encuentra localizado en el tejido vascular aumenta el transporte desde el tejido de almacenamiento hasta el meristema y las hojas en desarrollo. En otro ejemplo, el incremento de la expresión durante la senescencia de la hoja mejora el transporte del nitrógeno desde las hojas de origen hasta las semillas en desarrollo. - Además, las plantas no son sensibles al N ambiente, lo que permite cambios en las prácticas de fertilización que llevan a la conservación del fertilizante nitrogenado y la conservación del medio ambiente. - Los transgénicos con un mayor o menor N ambiente se identifican mediante un ensayo del contenido de clorofila (verdor) y la capacidad de fotosíntesis (transporte de electrones). Las plantas con un mayor verdor pueden mejorar la capacidad en origen, como por ejemplo, los niveles de sucrosa, el transporte de sucrosa. Plants with increased greenness can enhance source capacity, e.g., sucrose levels, sucrose transport and the refilling of the seed.
H: Aplicabilidad del Gen/rasgo al Maíz y otras especies:	Los transportadores de péptidos, como los de la presente invención resultan útiles para mejorar el transporte y la utilización del nitrógeno en maíz y otros cultivos mediante la manipulación de la expresión temporal y espacial del gen. Además de los aminoácidos, los péptidos de pequeñas dimensiones constituyen una importante fracción de los compuestos que contienen nitrógeno en la savia del xilema y el floema. De este modo, la actividad de los transportadores de péptidos resulta especialmente útil para mejorar el movimiento a gran escala de los productos de degradación de las proteínas durante el proceso de germinación y senescencia de la semilla. Este gen sus productos genéticos y sus homólogos/ortólogos resulta útil para alterar el balance de nitrógeno/carbón en una planta C4 en comparación con una planta C3.
I: Secuencia del nucleótido (del clon de E. Coli):	15650_12422368 atTATAGAATATCTAATAATGAAGAATCGGTTTCAAAATTAATGACTGATTATTAATTGACAACATGCAGGGACTAATAACAAT TAGACTCACAGCATCGTTTCTCAACTCCACCCAGCATCATGCAACAGCCAGGACCCACTCAGTTGCGGGGTCCGAATAGCTCCA

5	GATCGGAGTTTTCGTTATGGGACTCTGTTTCTCTCCGTAGGAGTGAGGAATACGAACCTGTAGCATCCCTTTGGGTTGATCAG TTTGACCAACGAACCTGAGGAAGGGGTTAAAGGAGTGGCCAGTTCTTCAACGTGATTACATGACTTTCACITGIGGTTCTGATCATTAAC GCAGACCGTAGTTGTATATCCAGGATCAAGTCAGTTGGATTATCGGTTTATAGTATCCCTACCGGACTCATGGCTCTTGGGTTGTT ATGTTTTTCCCGGAATGAAGCGTTATGTCACGTAAACGAAGAAAGTATATCTCTGGGATCGCTCAAGTTATCGTGGCAGCTC GTAAgAAGCGAAAGCTGAAACTTCGGGCGGAAGATGACGGCACGTGCACCTATACGACCCAGCCCATCAAGTCTAGCGTGTATCCAA GTTACACCGCagtaacCAATTCAAGTGTCTTGACAAAGCCGGTGGTTATAGAAGTGACCTAACACCGGAGGACCTCCCGCAGAC AAGTGCGGTTATGACGCGTCCAAGAGTGAAGAGTGAAGTGTGATCCGAATTGTTCTATCTGTCGGCCGGAATAATCTCA CTCGCGGCCATGACAACACAAAGGCATTTCAACGGTCTCTCAAGCTTTGAAATGGATCGAAACTTAGGTCCTAAATTCGAGATTCCGG CTGGTTCACTCTCCGTCATCTCTCTCACAATCGGCATCTTCTCCCTGACGACCGGTTTTTGATCCATTATCGCGCGGAATC ACCGCCATAAATCCGGAATCACACTCCCTCCAAAGTAGAACAGGATCGTTTTTCAAGATCTTTCTATGATCGTTCGGGCAATTG TGGAGCGTATGAGACGCATACGCTCCATCAATGCCGGAGATCCAACGGGAATGACTCCAATGTCGGTGTTCGGCTTCGCCCGCAGC TAATTCATGGGACTATGTAAGCATTCATATATCATCGGACAAATGAGTCTTCAACAGTCAGTTCCAGAGCACATGAGAAGTATC GCTAATCTCTCTTATCTGTCGCGGTTCCAGCTACCTAGTAGTTCCCTGTGACTGCTGTTCAAAATTCCTCGGTGGCA TGATCGTCGGGATTGGCTAAACAAGAAATCTCAACCGCGGAAATGGATTACTTCTATTATCTGATTCGGTGTTCGGTGTGTTAATC TGGTTACTTTTGGTATgtgcTCGGGATACCGGTACAAGTCCGTTACCGATTGAAGACTTTGAGGAGGACAAGTCCCTCGGATGATG TTGAGATGACTTCCAAGAAATCGATGGAATGATTTAATAGACTATCCTTAGGACAAACAAGAAAGATTGTCGATGTTGTTGAATAATTA CTATGACAAATGATATCATAATATGTAAGAACTAGAAATATAATAATTTTACCTacc	
60	K: Secuencia proteínica:	YRISNEESVKLIMTDYNIIDNMQLITITLTASFPQLHPASCNQDPLSCGGPNKLIQVLLGLCFLSVSGGIRPCSIPIFGVDQDQRTEE GVKGVASFFNWYYMTFTVLITQTVVYIQDVSWIIGFSIPTGLMALAVMFFAGMKRYVYVKPEGSFSGIAQVIVAARKKRKLKLPAAEDDG TVTYDPAIKSSVLSKLRNSNQFRCLDKAAVIEGDLTPEGPPADKWRLCSVQEEVEVKLRIVPIWSAGIISLAAMTTQGTFTVSOALKMDR NLGPKFEIPAGLSVISLITIGIFLPFYDRVFPFMRITGHKSGITLLQRIGTIGVFTIFSMIVAGIVERMRRIRPSINAGDPTGMTPMVSVFWLSPQL ILMGLCEAFNIIGQIEFFNSQFPEHMRSIANSLSFSAFGSSVLSFLVTVVHKFSGGHRDPDWLNKNLNAGKLDYFYLYIAVLGVVNLVYFWY CARGYRYKVGLPIEDFEEDKSSDDVEMTSKKSM*
65	N: Secuencias Homólogo/Ortólogo a:	>gil125404847 pir A96721 probable transportador de péptido T17F3.10 [importado] - Arabidopsis thaliana >gil12325237 gb AAG52567.1 transportador de péptido putativo; 37139-33250 [Arabidopsis thaliana] MVLEDRKDGSSLPGRSGFSKSSPELVDVDPYKRISPSGILDAEKVEKKPGGWRAVSF ILGNETLERLGSIGLLANFMVYLTKVFHLEQVDAANVINWSGFTNLTPLVGAYISDTYV GRFKTIAFASFATLLLLNYFCIVRKRMNLLRDHAEDDKGLITITLTASFPQLHPASCN QDPLSCGGPNKLIQVLLGLCFLSVSGGIRPCSIPIFGVDQDQRTEEGVKGVASFFNW YYMTFTVLITQTVVYIQDVSWIIGFSIPTGLMALAVMFFAGMKRYVYVKPEGSI SGIAQVIVAARKKRKLKLPAAEDDGTYYDPAIKSSVLSKLRNSNQFRCLDKAAVIEGD LTPEGPPADKWRLCSVQEEVEVKLRIVPIWSAGIISLAAMTTQGTFTVSOALKMDRNL GPKFEIPAGLSVISLITIGIFLPFYDRVFPFMRITGHKSGITLLQRIGTIGVFAIFS MIVAGIVERMRRIRPSINAGDPTGMTPMVSVFWLSPQLIMGLCEAFNIIGQIEFFNSQFPE HMRSIANSLSFSAFGSSVLSFLVTVVHKFSGGHRDPDWLNKNLNAGKLDYFYLYIAVL GVVNLVYFWYCARGYRYKVGLPIEDFEEDKSSDDVEMTSKKSMK >(gil12325222:c37139-36953, c36387-36170, c35703-35632, c34828-34263, c34141-33250) Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC T17F3 secuencia genómica, secuencia completa ATGTTTTGGAGGATAGAAAGGACGGTCTCTTTGCCGGGACGATCCGGGTAGTTTCTCTAAATCGTCAC CGTCGGAGTTGGATGTTGTGATCCCTACAAGCGGATAAGTTCGCCGGGATCTATATTGGATGCTGAGAA GGTAGAGAAAAAGCCTGGAGGATGGAGAGCCGCTCTCGTTTCATTTTAGGAAATGAGACGCTGGAGAGACTG

GGATCGATAGGATTGTTGGCAAACTTCATGGTTTATCTAACCAAAAGTGTTCACTTAGAACAAAGTCGACG
 CTGCAAAATGTCATCAACATTTGGTCAGGTTTACCAATCTCACTCCTCTCGTCGGAGCGTATATCTCAGA
 CACTATGTTGGCGCTTCAAGACCATCGCTTCGCCCTCATTGCCACCTCTCCTTATTAATAATTACTTT
 TGTATCGTACGAAACGCAATGAACCTATTAGGAGGACCAAGCTATCGAGGACGATAAGGACATAATAACAA
 TTACACTCACAGCATCGTTTCTCAACTCCACCCAGCATATGCAACAGCCAGGACCCACTCAGTTGCGG
 CGGTCCGAATTAAGTCCAGATCGAGTTTGTATTGGGACTCTGTTCTCTCCGTAGGGAGTGGAGGA
 ATACGACCTTGAGCATCCCTTTTGGGGTTGATCAGTTTGACCAACGAACTGAGGAAGGGGTTAAAGGAG
 TGGCCAGTTTCTTCAACTGGATTACATGACTTTTCACTGTGGTCTGATCATTACACAGACCCGTAGTTGT
 GTATATCCAGGATCAAGTCAGTTGGATTATCGGTTTAGTATCCCTACCGGACTCATGGCTCTTGGCGTT
 GTTATGTTTTTGGCGGAATGAAGCGTTATGTCTACGTTAAACAGAGAAAGTATATTCTCTGGGATCG
 CTCGAAGTTATCGTGGCAGCTGTAAGAAGCGAAAGCTGAACCTCCGGCGGAAGATGACGGCACTGTAC
 CTATTACGACCCAGCATCAAGCTAGCGTGTATCCAGTTACACCGCAGTAACCAATTCAAGGTGCTT
 GACAAAGCCGCGGTGTTATAGAAAGTGACCTAACACCCAGGAGACCTCCCGAGACAAAGTGGCGGTTAT
 GCAGCGTCCAAAGAGTGAAGAGTGAAGTGTGATCCGAATGTTCTCTATCTGTCGGCCGGAATAAT
 CTCACCTCGGCGCATGACAAACAAAGGCATTTACGGTCTCTCAAGCTTGAAAATGGATCGAAACTTA
 GGCTCTAAATCGAGATCCGGCTGGTTCACCTCCGTCATCTCTCTCTCAACATCGGATCTTTCTCTC
 CCTTCTACGACCGCGTTTTGTACCATTCATCGGGCGAATCACCGGCCATAAATCCGGAATCACACTCCT
 CCAAGGATAGAACAGGATCGTTTCGCGATCTTCTATGATGTCGCGGCAATGTGGGCGTATG
 AGACGATACGCTCCATCAATGCCGAGATCCAAACGGAATGACTCCAAATGTCGGTGTGTTGGCTTCGC
 CGAGCTAAATTCATGAGCATGTGAAGCATCAATATCATCGGACAAATGAGTCTTCAACAGTCA
 GTTCCAGAGCACATGAGAAGTATCGCTAACTCTCTCTCTTATCGTCCCGGTTCCGAGCTACCTT
 AGTAGTTCTGTGACTGCTGCATATAAATCTCCGGTGGGATGATCGTCCGATGCGTAAACAAAGA
 ATCTCAACCGGGAAATGGATTACTTCTATTATCTGATGCGGTTTTGGGTGTTAATCTGGTTTA
 GTTTGGTATTGTGCTCGGGATACCGGTACAGGTCGGTTTACCGATTGAAGACTTTGAGGAGGACAAG
 TCCTCCGATGATGTTGAGATGACTTCGAAGAAATCGATGAAATGA

>Clon Ceres:22243 Organismo:3769 Solapado:1 FL5:1 FL3:1
 MVLEDRKDGSSLPGRSGSFKSSPSELDDVDPYKRISSPGSILDAEKEKPKGGWRAVSF
 ILGNETLERLGSIGLANFMVYLTKVFHLEQVDAANVINIWISGFTNL.TPLVGAYISDTYV
 GRFKTIASFATLLGLITL TASFPQLHPASCNSQDPLSCGGPNKLQIGVLLGLCLF
 SVSGGIRPCSPFVGDQDQRTTEEGVKGVASFNNWYMTFTVLITQTVVVIQDQVS
 WIIGFSIPTGLMALVAMFFAGMKRYVYVYKPEGSFGIAQVIVAAARKRKRLKLPEDDG
 TVIYDPAIKSSVLSKLHRSNQFRCLDKAAVIEGDLTPEGPPADKWRLCSVQVEEVKQ
 LIRVPIWSSGLIAAMTTQGTFTVSQALKMDRNLGPKFEIPAGLSVISLITIGIFL
 FYDRVFVPMFRITGHKSGITLLQRTIGTIVFAIFSMIVAGIVERMRRIRINAGDPTGM
 TPMSVFWLSPQLIMGLCEAFNIIGQIEFFNSQFPEHMRSIANSLSLSFAGSSYLSFL
 VTVWHKFSGGHDPDWLNKNLNAGKLDYFYLYIAVLGVVNLVYFWYCARGYRYKVGLP
 DFEEDKSSDDVEMTSKSMK*

cDNA ID: 13488399
 ACTACACCCCAAAAAGCTTCTAACAAAGAGAAAGTGTCTGTATGTTGTGCCACTCTCTACATTTATCAATCACTTCATGTGTGTTACCTT
 GATTGCAAAAAGTGAGAAATATATCTCAACAACATTAAATCCACCCCGAAATCGAAGTGAGTATATCACGAGGTAGTAGTAATCTCTAGAG

5	ATGGTTTTGGAGGATAGAAAAGGACGGTCTCTTTGCCGGGACGATCCGGTAGTTTCTCTAAATCGTCACCGTCGGAGTTGGATGTTGT
10	TGATCCCTACAAGCGGATAAGTTCCCGGGGATCTATATTGGATGCTGAGAAGGTAGAAAAAGCCCTGGAGGATGGAGAGCCGTCCTCG
15	TTCAATTTAGGAAATGAGACGCTGGAGAGACTGGGATCGATAGGATTGTGGCAAACTTCATGGTTATCTAACCAAGTGTTTCACGTTA
20	GAACAACTCGACGCTGCAAAATGTCAACATTTGGTCAGGTTTCACCAATCTCACTCCTCTGTCGGAGCGTATATCTCAGACACTTAT
25	GTTGGCCGCTTCAAGACCATTCCGCTTTCCGCTCATTCGCCACTCTCCTCGGACTAATAACAATTACACTCACAGCATCGTTTCCCTCAACTC
30	CACCCAGCATCATGCAACAGCCAGGACCCACTCAGTTCCGGCGGTCCGAATAAGCTCCAGATCGGAGTTTGTGCTATTGGGACTCTGTT
35	TCCTCCGTAGGAGTGAGGAATACGACCTTGTAGCATCCCTTTGGGTTGATGCAAGTTTGACCAACGAACTGAGGAAGGGGTTAA
40	AGGAGTGGCCAGTTTCTCAACTGGTATTACATGACTTTCACGTGGTCTGATCATACACAGACCGTAGTTGTGTATATCCAGGATCA
45	AGTCAGTTGGATTACGGTTTATAGTATCCCTACCGGACTCATGGCTCTCGGGTTGTTATGTTTTTCCGGAATGAAGCGTTATGTCTA
50	CGTTAAACCAAGGAAGTATATTCTCTGGGATCGCTCAAGTTAGTCTGTCGAGCTCGTAAGAAGCGAAAGCTGAAACTTCCGGCGGAA
55	GATGACGGCACTGTACCTATTACGACCCAGCCATCAAGTTAGCGTGTATCCAAAGTTACACCGCAGTAACCAATTCAGGTGCTTGA
60	CAAAGCCGCGGTGTTATAGAAGTGACCTAACACCCGAGGACCTCCCGACAGCAAGTGGCGGTTATGCAGCGTCCCAAGAAGTGGA
65	AGAAAGTAAAGTTTGTATCCGAATTGTTCCCTATCTGTGTCGGCCGGAATAATCTCACTCGCGCCATGACAACACAAGGCACTTTTCACGG
	TCTCTCAAGCTTTGAAAATGGATCGAAACTTAGGTCCCTAAATTCAGAGTTCGGCTGGTTCACTCTCCGTCATCTCTCTCTCACAAATCG
	GCATCTTCTCCCTTCTACGACCGCGTTTTTGTACCATTCATCGCGCAATCACCGCCATAAATCCGGAATCACACTCTCCCAAAAG
	ATAGAACAGGGATCGTTTTTCGGGATCTTTCTATGATCGTTTGGCGCATTTGGAGCGTATGAGACGCATACGCTCCATCAATGCCG
	GAGATCCAAACGGGAATGACTCCAATGTCCGTTTGGCTTTCGCCGACGTAATCTCATGGGACTATGTGAAGCATCAATATCATC
	GGACAAATGAGTTCTCAACAGTCAGTTCCAGAGCACATGAGAAGTATCGCTAACTCTCTCTCTTATCGTTCGCGGTTCCGAGC
	TACCTAGTAGTTCCCTGTGACTGTGTTCAATAATCTCCGTTGGCATGATCGTCGGATTGGCTAAACAAGAAATCTCAACGCGGG
	AAAAATTGGATTACTCTATTATCTGATTCGGTTTTGGTGTTAACTCTGTTACTTTTGGTATTGTCTCGGGATACCGGTACAA
	GGTCGTTTACCGATTGAAGACTTTGAGGAGGACAAGTCCCTCCGATGATTTGAGATGACTCGAAGAAATCGATGAAATGATTTAATA
	GACTATCCTTAGGGACAACAAGAATTGTCGATGTTGTTGAATAATTACTATGACAAATGTATGATCATAAATATGTAAGAACTAGAATA
	TTTAATAAAATTTACCTTTCATTAG
	>gi 25403285 pir E86397 protein T7N9.14 [importado] - Arabidopsis thaliana >gi 8778857 gb AAF79856.1 T7N9.14 [Arabidopsis thaliana]
	MGVVENRKILPEKLGWRAITFILGMFELSLPIMFFSLKRIINLPFASNIHMITNS
	QSKLKIYTFHNYDSLNLNFIDNTYNDMPSLFSFLIGSCVQHANIMTHEHTKLLLRVMQF
	NNLRKYVIAIEMESEIKLSDFKFIFTVSSNETLEKLSIGVSA NFML YLRNVFHMPEVE
	AFNVYYLWMGLTNFAPLLGALISDAYIGRFKTIAYASLFSILGLMTVTLTACLPLQHPHP
	CNNPHDECDPNKLQLGILFLGLFSLGSGGIRPCSIPIFGVDQDQRTQEQGLKGVASF
	FNWYYLTLMVLIFSHTVVYLTQVSWVIGSIPISLMAVAVLFFVGMRFYVYVKPEGS
	VFSGIARVIVAARKKRDLSLVDDGTEEYEPVPKPGVLSKPLTDQFKFLDKAAVILD
	GDLTSEGVPA NKWR LCSIQEVEEVKCLIRVVPVWSAGISIVAMTTQATFMVFOATKMDR
	HMGPHFEIPAASITVISYITIGIWWPIYEHLLVPFLWRMRKFRVTLQRMGIGIVFAILS
	MFTAGFVEGVRRTATEMTQMSFWLALPLILMGLCESFNFIGLIEFFNSQFPEHMRISIA
	NSLFPLSFAAANYLSLLVTVTHKVSCTKDPDNLNKLDRGKLDYFYLI AVLGWNLV
	YFWYCAHRYQYKAGSQIEDFNEEKSLLDIEPNQRHDQSPS
	>(gi 7958619:42298-42465, 42726-43005, 43216-43433, 43900-44462, 44550-45423) Secuencia genómica de la Arabidopsis thaliana BAC
	T7N9 a partir del cromosoma I, secuencia completa
	ATGGGAGTTGTTGAGAAATCGGAAAAATTTTGCAGAGAAAAAACTTGGAGGCTGGAGAGCCATTACGTTCA
	TCCTAGGTATGTTCTTTCTTCCATTTCGTTTCTCCCAATAATGTTTTTTCTTTGAAGAGAAATTATTAA

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65

TC TTCCATTTGCCTCAAAATATTCAATATGATAACAAACAGTCAATCAAAGTTAAAAATATATACGTTTCAT AACTATGATTCTCTAAATTTAAATTTCAATTGACATACCTACAAATGATATGCCATCACATTTTTCCTTTCC TAATCGGTAGTTGTCCAAACACCATGCTAATATCATGACTCATGAGCACACATAAATCTTTTGGGAGT CATGCAATTCAATAATCTAAGAAAATATATAGTAGCAATAGAAATGGAATCAGAAATCAAAATATATCTGAT TTCAAAGTTATATTTTCGACCGTTTCAAGTAATGAGACGTTGGAGAAATAGGATCGATTGGAGTATACAG CAAAATTTATGTTGATTTGAGGAATGTTTCACATGGAGCCAGTAGAAGCTTTTACAGTATACACTATT GTGGATGGGTCACATACTTTGCTCCACTCTCGGCGATTAAATCTCGACGCTACATTTGGCCGTTTC AAGACCATCGCTTACGATCCCTCTCTCAATTTAGGACTAATGACGTGACACTCACCGCCTGCCTGC CTCAACTCCACCACCGTGCACCAACCCCTCATCCAGACGAATCGGACGATCCGAACAAGCTCCAGCT CGGGATTCTATTCTCGGTCGCGTTCTCTCCATCGGTAGCGCGGAATCCGGCTTGCAGCATTCGA TTCCGGAGTTGATCAGTTTGACCAACGAACAGAGCAAGGCTTTAAAGGAGTGCCAGTTTCTTTAATTGGT ACTACTTGACCTTAACATAGGTTCTCATCTTTTCGCATACCGTTGGTCTACTTACAGACGTGAGTTG GGTCATCGGGTTAGCATCCCGACTAGTTTAAATGGCTTGTCAGTGGTTCTGTTCTTTGTCGGTATGCGG TTTTACGTATATGTCAAACGGGAAGGTAGTATCTCTGTTATTTGCTCGGTCATCGTGCGAGCTCGTA AGAAACGGGACCTCAAAATTTCCGTTGTGGACGATGGGACTGAGGAGTATTATGAGCCGCCGGTGAACCC TGGCGTGTATCCAAAGTTACCTCTTACTGACCAATTCAGTTTCTGGACAAAGCTGCGGTGATACAGAC GGTGATCTTACATCTGAAGGAGTTCCGGCAATTAAGTGGCGGTATGTAGCATCCAAAGATTGAAGAGG TCAAGTGCCTGATCAGAGTTGTTCCGTTTGGTCTGCTGGAATAATTTCAATCGTTGCAATGACCAAGCA AGCAACTTCATGGCTTTCAAGCTACAAAATGGATCGACACATGGGTCCACACTTTGAGATCCCGGCC GCCTCCATAACCGTCAATTTACATCACTATAGGCAATTTGGTGCTATCTACGAACACCTCTTAGTCC CGTTCCTTGGCGAATGAGAAAGTTCAGGGTCACTCTCCTTCAACGGATGGGATAGGGATCGTCTTCGC CATCTCTCCATGTTCACTGCAGGTTTGTAGAGGAGTGAGCGGACACGGCTACTGAAATGACTCAA ATGTCGGTGTGTTGGCTTGGCACTGATTCGATGGGCTCTGCGAGTCAATTTAATTTCAATTGGAC TGATCGAGTTCTCAACAGTCAGTTCCAGAGCATGAGAGCATAGCGAATTCGCTATTTCCACTCTC ATTTGCTGACGTAATATCTGAGCAGTCTGCTGGTACCCCGTGCATAAGTCTCAGGCACAAAAGAC CACCTGACTGGCTGAACAAGGACCTTGATAGAGGGAAGTTGGACTACTTCTACTATCTGATTGCCGTTT TGGGTGTTGTTAACCTTGTTATTTCTGGTACTGTGCCCATAGATACCAATGAAGCCGGTTCGCAAT TGAAGATTTCAATGAGGAGAAGTCTCTTCTAGACATCGAACCAACCCAGAGACGATCAATCTCCAAGT TAG	>gil15223425 ref NP_174028.1 familia de proteínas de transporte de oligopéptidos dependiente de protones (POT) [Arabidopsis thaliana] MEPVEAFNVYLLWMGLTNFAPLLGALISDAYIGRFKTIAYASLSILGLMTVTLTACLPG LHPPCNPHPDECDDPNKLQGLFLGLSIGSGGIRPCSIPIFGVDQDQTEQGLK GVASFFNWYYLTLTMVLIFFSHTVVYVLTQVSWVIGFSIPTSLMACAVLFFVGMRFYVYV KPEGSVSGIARVIVAARKRDLKISLVDDGTEEYEPVPKPVLSKPLTDQFKFLDKA AVILDGDLTSEGVPANKWRLCSIQEEVEVKLIRVWPWSAGIISIVAMTTQATFMVFOA TKMDRHMGPHEIPAASITVISYITIGWVPIYEHLLVPFLWRMRKFRVTLLQRMGIGIV FAILSMFTAGFEGVRRTRATEMTQMSVFWLALPLIMGLCESFNFIGLIEFFNSQPPEH MRSIANSFLPLSFAAANYLSSLLVTTVHKVSGTKDHPDWLNKDLDRGKLDYFYFLI AVLG VWNLVYFWYCAHRYQYKAGSQIEDFNEEKSLLDIEPNQRHDSQSPS >gil18396176:1-1578 Arabidopsis thaliana familia de proteínas de transporte de oligopéptidos dependiente de protones (POT) (At1g27080)

5	mRNA, cds completo	ATGGAGCCAGTAGAAGCTTTTAACGTATACTACTTGTGGATGGGTCCTCACTAACCTTGTCTCCACTCCTCG
10		GCGCATTAAATCCTCCGACGCCTACATTGGCGTTTCAAGACCATCGCTTACGCATCCCTCTTCTCAATTCT
15		AGGACTAATGAGGTGACACTACCGCTGCTGCCTCAACTCACTCCACCCACCGTGCACAAACCCCTCAT
20		CCAGACGAATCGGACGATCCGAACAAGCTCCAGCTCGGGATTCTATCCCTCGGCTCGGCTTTCTCTCCA
25		TCGGTAGCGGGAAATCCGGCTTCAGCATTCCTCGGAGTTGATCAGTTTGACCAACGAACAGAGCA
30		AGGCCTTAAAGAGTGCCAGTTTCTTTAATTGGTACTACTTGACCTTAACATGGTTCTCATCTTTTCG
35		CATACCGTTGTGGTCTACTTACAGACTGTCAGTTGGTCACTCGGTTTAGCATCCCGACTAGTTTAATGG
40		CTTGTGACAGTGGTTCTGTTGTCGGTATCGGTTTACGTATATGTCAAAACCGAAGGTAGTGATT
45		CTCTGTTATTGCTCGGTTATCGTGGCAGCTCGTAAGAACGGGACCTCAAAATTTGCTTTGTGGACGAT
50		GGGACTGAGGAGTATTATGAGCCCGCGGTGAACCTGGCGTGTATCCAAGTTACCTCTTACTGACCAAT
55		TCAAAGTTCTGGACAAAGCTCGGTGATAGACGGTGATCTACATCTGAAGGAGTTCGGGCAAAATAA
60		GTGGCGCTATGTAGCATCCAAGAGTTGAAGAGTCAAGTGCCTGATCAGAGTTGTTCCGGTTTGGTCT
65		GCTGGAATAATTTCAATCGTTGCAATGACCACGCAAGCAACTTTCATGGCTTTTCAAGCTACAAAAATGG
		ATCGACACATGGGTCCACACTTTGAGATCCGGCGCTCCATACCGTCAATTTCTTACATCAGTATAGG
		CATTTGGGTGCTATCTACGAACACCTCTAGTCCCTTCTTGGCGAATGAGAAAGTTCAAGGTCACT
		CTCCTTCAACGGATGGGATAGGATCGTCTTCGCCATCTCTCCATGTTCTACTGCAGGGTTGTAGAGG
		GAGTGAGCGGACACGGCTACTGAAATGACTCAAAATGTCGGTGTGTTGGCTGGCTTGGCCACTGATTCT
		GATGGGCTCTGCGAGTCAATTTAATTCATTGGACTGATCGAGTCTTCAACAGTCAGTTTCCAGAGCAC
		ATGAGAAGCATAGCGAATTCGCTATTTCCACTCTCATTTGCTGCAGCTAATATCTGAGCAGTCTGCTGG
		TGACCAACCGTGATAAAGTCTCAGGCACAAAACCCCTGACTGGCTGAACAAGGACCTTGATAGAGG
		GAAAGTTGACTACTTCTACTATCTGATTGCCGTTTGGGTGGTTAACCTTGTGTTATTTCTGGTACTGT
		GCCCCATAGATACCAGTATAAGCCGGTTCGCAAAATGAAGATTTCAATGAGGAGAAAGTCTCTCTAGACA
		TCGAACCAAAACGAGACACGATCAATCTCCAAGTTAG
		>gil11933410 dbj BAB19759.1 transportador de nitrato putativo NRT1-4 [Glicina max] RALNKAALIMEGELNPDGTRVNWRLVSIQVVEEVKCLARIPIWAAAGILSLISMTQQGT FTVSQAMKMNRLHGAKEQIPAGSVSVISLITIALWLPFYDRILVPKLRKMTKHEGGITLL LRIGIMVFSILSMVAVYVEKVRDRDSANSNPTPLGIAPMSVLWLAAPHLILMGLCEAFNI IGQIEFFNRQFPEHMRFSIGNSFFSCSFGVSVSYVSSIIQGHSSSFYKNT
		>gil11933409.<1-688 mRNA Glicina Max para el transportador de nitrato putativo NRT1-4, cds parcial ACGGGCTTTGAATAAAGCTGCTGATTAATAATGGAGGGTGAGCTAAACCCAGATGGGACCCAGAGTAAATCAA TGGAGACTTTGACGATCCAAACAAGTAGAAGAGGTTAAATGCTTAGCAAGAAATTATCCCAATTTGGGCAG CAGGGATTCCTAGTCTCAATTCCTGACTCAACAAGGAACATTTACTGTGTACAAAGCAATGAAAAATGAA TAGACACCTTGGAGCCAAATCCAAATCCCAGCTGGTTCTGTAGTGTATATCACTAATCACCATAGCT TTATGGTCCATTCTATGACCGAATCCTAGTGCACAACTCAGAAAAATGACTAAGCATGAAGGTGGTA TCACTCTCCTCCTAAGAAATTGGAATTGGCATGGTGTCTCTATCTATCTATGTTGTTGCTGGCTACGT TGAAAAAGTGAGAAAGGATTTCAGCAAAATCAATCCAACTCCACTAGGAATGCTCCAATGTCAGTGTG TGGCTAGCCCCACACTTGATCCTTATGGGTATGTGAGGCTTCAATATTATAGGACAAATGAGTTCT TCAACAGGCAATTTCTGAGCATATGAGAAGCATGGTAATCCCTTCTCGTGTCTTTTGGTGTGTC TAGCTATGTGAGTAGCATAAATAGGTCAACATAGTTTCATCATTCTACAAGAACACATAG

5	>Clon Ceres:1376106 Organismo:311987 Solapado:0 FL5:0 RVLVPFLRRITGHKSGITLLQRIGTGIVFAILSMIVAGLVERKRRIRSINAGDATGMTPM SVFWLSPQLILMGLCEAFNIQIEFFNSQFPEHMRSIANSLSLSFAGSXXLSSLXTT VQXXSXGHAPSGLAEQESQRGKGWII
10	cDNA ID: 13629565 cgtgttagtccgtctccgcgcacacccggccataaatcagggtatcacactcctccacaggtatcgggacaggtatcgttttcgtatccttccatgatcgttgcgtggcctcgtggagcgcaagaga cgcatagctccataaacccggagatcgacaggtatgaccccgatgcagtggtttgctctctcctcagtaactcgtggaactatcggaagcggttaaacatcatcggaacagattgagttcttcaa cagtcagttccggagcacaatgagaagcatcgcaaacctcctctcttctgtctcgtccggttcggnnnnccctagcagttgatntgacgagcgttcaagnnnctcggnggtcatgccccgcgtcog gattgcgaacaagaatctcaacgcgggaaggctggtatttctc
15	>gi 34906908 ref NP_914801.1 transportador de péptido putativo [Oryza sativa (cultivar del grupo japonica)] >gi 20161382 dbj BAB90306.1 transportador de péptido putativo [Oryza sativa (cultivar del grupo japonica)] MEIGAVENGWVGGEVWAGKRGKTPQATETFEKVATIGVVANLTVYLKRFNIGQIEAAN ITNIFGTLNFAPLLGAFISDVYLGFRFKLAYGCFASLLGMLMTLYASLPALPKPICHE KTRLGGCNSPSTLQLSVLYLSGLFIJGGAIRPCSLPFGVDQFDKDEEGRKGLNSYY NWYYGTSTAALVLSMIVIQNNVSWPIGFIPTLLMFLAIIIMFLGTNLVYHVQPEGS IFAGIAQVLVASFKKRNKLPCPHDINQQGLMLYNPPSKGNRVFRLPLTSQFRFLNKGAI VMGDDINVDGSARNSWELCNVQIEEVKCLIRIVPVCISGLVCFVALAQQFTYIILQFTT MDCHFTHFEIPAGSVVSISLIALTLFIPIYDRILVPIARGFTGVESGITLLQRQGIGLA ISPISMVVAGLVERKRRNSALNNGGISPMVSLWLAPQLVLMGIAEAFNAVGGQIEFYNKQF PENMQTLAGSLFFCTIAGANYLSTALANIMRKVTTDRDGHSSWLTNINLGLDYFYFIA LMGVLNLIYFLICSHFYQYKVMSLHSEESIKIPTKEEEATEIDIDTDAPSK
20	>gi 34906907:1-1776 Oryza sativa (cultivar del grupo japonica) transportador de péptido putativo (P0470A12.34), mRNA ATGGAGATCGGCGCCGTTGAGAACGGGGGTGTCGTGGTGAAGTTGTGGCAGGCAAGAGGGGAAGA CGCCGCAAGCAACTGAGACATTTGAAAAGGTTGCGACAAATTTGGAGTGGTAGCAAATTTGACGGTCTATCT TGTGAAGCGCTTCAACATTTGGCAATTTGAGGCAGCTAATATACCAACATATTTCTCGGTACGCTTAAC TTTGGCCATTGCTAGGCGCTTCATCTCCGACGCTACTTTGGGAAGTTCAAACACACTAGCCTATGGAT GCTTCGCCAGCCTCCTGGGATGCTGGGAATGACTTTGTATGCATCATTCCAGCTCTCAAGCCACCGAT CTGCCATGAAAAAACCCGACTAGCGGAGGCTGCAACAGTCCATCAACACTCCAGCTAAGTGTGCTATAC CITTTCTAGGCTTTCTAATTTATCGGTGGAGGAGCATCCGGCTTTGTAGCTTGCCCTTTGGAGTAGACC AGTTTGATAAGACCCGACGAAGGTCGAAAGGGACTAAACAGCTATTATAATTGGTACTATGGAACAAG TACTGTGCCCTTGTTATCTATGATTGTATCATCTAGATCCAGAACATGTAGCTGGCCAAATAGGA TTTGGCATACCCACATTAATCTATGTTTCGCCATTATCATGTTATTTCTGGGTACCAACCTGACGTC ATGTACAACAGAGGGAAGCATATTTGCTGGAATGCCAGGTTTAGTGGCTTCATTTAAAAAGAGAAA TCTCAAGCTTCTTGCTCATGATATAAACCAACAAAGGATTGATGCTTACAACCCCTCCTTCCAAGGGC AACCGGATTTTCAGATTGCCACTTACTCCCACTCAGGTTTCTGAACAAGGGTGCAATTTGTAATGGGTG ATGATATAAATGTTGATGGTCTGCAAGAACTTTGGGAGCTTTGCAACGTCCACAAATAGAGGAGGT CAAATGCTTAATAAGAAATTTGCGCGGTTTGATTTCTGGAGTCTTATGCTTTTGCGCATTTGGCTCAGCAA

5		TTCACCTATATAATCTTGCAACAATTTACAATGGACTGTCACTTTGGGACGCACCTTTGAAATCCCAGCAG
10		GCTCTGTTGATCCATATCCCTTATTGCCCTAACTCTATTATCATCCCAATTTATGACCCGGATTTTAGTACC
15		AATAGCTAGAGGATTCACTGGAGTGGAAGTGGTATTACACTTCTACAGACAGGGTATAGGATTGGCC
20		ATTTCTCCCATTTCAATGGTGGTAGCAGGACTTGTCAACCTTGTCAAGCTTAAGAGGAACTCAGCCTTGTGCAATG
25		GAGGAATATGCGCTATGTCAGTCTTGTGGCTTGACCCCAACTGTTTTAATGGTATTGCTGAGGCCCTT
30		CAATGCAGTTGGACAAATAGAAATCTACAATAAGCAGTTTCCAGAGAACATGCAAACTAGCAGGATCT
35		CTGTTCTCTACTATAGCTGGAGCAAACTACCTGAGTACTGCTGCTGCAAACTCATGAGAAAGGTCA
40		CGACCAGAGATGGTCACTCAAGCTGGTTAACAGACAACATTAACTTTGGCAAACTCGACTATTACTTCTA
45		TTTTATTGCCCTTATGGGAGTCTGAACCTTATTATTCTTATATGCTCACACTTCTACCAATATAAG
50		GTAATGTCACTCCATTCTGAAGAAATCCATCAAAATACCTACCAAGGAAGAAGCCACAGAGATCGACA
55		TTGACACAGATGCACCTAGCAAAATGA
60		>gi 32488322 emb CAE02899.1 OS:JNBa0015K02.16 [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)]
65		MALNAFAQPVNTNLYIKRYNMKPNAAITVANVFSGTYSFSPVVGAFVADAFCGRFWTLFLFG
		AVAAAFVAMVITLSATIRQLKPPSCSDVARQAGTCAGPSGLHRAVLYIGMALLVWATGGA
		NPTSLPFGADQFDHDDASSGSSNEADERRRRAEEEPAGLKRFINWYVVTMMASFALT
		IAYIQDKVSWGLGFIPTALVAATFAVFLAGTPLYVRVPAEGSIFSSVAVRVVASCRRR
		LTLPHPRDARQAEAVLYNPPVVAAAGTGTSRVFKLPLTLQLSFLNKAIVTADADEIRPD
		GSPARPWSLCSVQQVEEVKLVKIPVWISGVMWFISVAELTNYTFLQALTMDLHMGRSF
		TIPPVSAIAIFNLAILFVPVYDLLVARAAQRTVEGGITVLQRQGVGVAISGLALVWA
		AWVERRRRASALDNGTSPMSVFLAPQLAVMGVSAAFNIMQMEFYNTFEPDQMRTLAN
		AAFYCAQGASSYLATAVNVVNARTRRRGQGWVAEDINAGKLDHFYYAMAVFAINFV
		YFLVCSYFYRYKGEPEVAEDSPPTPEAVLLKH
		>(gi 32488306:114549-114746, 115118-116644) ADN genómico de la Oryza sativa, cromosoma 4, clon BAC: OS:JNBa0015K02, secuencia completa
		ATGGCGTTGAACGCGTTGCCCCAGCCCGTCACCAACTACCTCATCAACGTTACAACATGAAGCCGAATG
		CCGCAACAAACGTGGCCAAACGCTTCAGTGGCACCTACAGCTTCTCGCCGGTGGTCGGAGCCCTCGTCGC
		CGATGCGTTCTCGGCAGGTTCTGGACCTCTTGTTCGGAGCCGTCGCCGCTTGTGCAATGGTGGTC
		ATCAGCTATCGGCAGCATCCGTCACTCAAGCCACCGTCTGTGACGACGTGGACGCAAGCCGGCA
		CGTGGCGGGGGCGTCGGGCTCCACCGCGCGTGTCTACATCGGCATGGCGTGTCTGTGGCCAC
		GGCGGCGCGAACCCGACAGCTGCCGTTCCGGCGGACCAAGTTCCACACACGACGACGAGCAGCGG
		AGCAGCAGCAACGAAGCCGACGACGACGAGCGCGCGGAGGAGCCGCGGGCTCAAGCGCTTCTACA
		ACTGGTACTAGTGTCACCATGATGGCTCTGTTCACTGGCGCTCACCTTCACTCGGTACATCCAGGACAA
		GGTGAGCTGGGGCTCGGCTTCGGCATCCCAAGCGGCTGTGGCGCCACCTTCGCCGTGTTCTCGCC
		GGCAGCCGCTGTACGTCCGCTGCCGCGGAGGCGAGCATCTCTCGAGCGTCGCGGGTGGTCGTCG
		CGTCGTGCGGGAAGCGGAGGCTACGCTGCCCTACCCCGCGACGCGCGGCGAGGAGGCGGCTTCTGTA
		CAATCCTCCCGTGTGTCGAGCTGGAACGGGAACCAAGCGGCTTCAAGCTCCCACTACGTTGCAG
		CTGAGCTTTCTGAACAAGGCGGCATTGTAACCGCGACGCGACGAGATACGGCCGAGCGGATCTCCGG
		CGAGCCGTGGAGCCTGTGCAGCGTGCAGCAGGTGGAGGAGTGAAGTGCCTGCTCAAGATCGTCCCGT
		GTGGATCCCGCGTGATGTGGTTCTATCTCGGTGGCGGAGCTGACCAACTACACGTTCTCGAGGCCCTG
		ACCATGGACCTCCACATGGCAGGAGCTTCACCATCCCGCCGCTGTGATCGCCGCCATATTCAACCTCG

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65

	CCATCGTGCTTCGTCGGGTACGATCTGCTGTCGCCCGCGCAGCGCGCTACCGGGGTGGA GGCGGCATACGGTGTGCAGAGCAGGCGTGGCGTGGCGATAGCGGCTGGCGTCTGGTGGCG GCCGTGTCGAGCGCGCGGCTCCGCTTGACACGGCGGACGTGCCGATGTCGGTGTTCG TGCTCGCGCGCAGCTCGCGTGTGCGGCTCGCGGCTTCAACATGATCGGCGAGTGGAGTTCTA CAACACGGAGTTCGCGACAGATGCGCACGCTCGCCACGCGGCTTCTACTGCGCGAGGGCGGAGC AGCTACGCGCACGGCGTGTGAACGTGTGAACGAGGACGAGCGCGCGCGCGCGGCGAGGCT GGGTCGCGGAGACATCAACCGCGGAGCTGGACCACTTCTACTAGCCATGGCGTGTTCGCGCGAT CAACTCGTCTACTTCTGCTGCTCTCTACTTCTACCGCTACAGGCGAGCCAGAGGTGGCGGCGGAG GACTCGCCACCGGCGACTCCAGAGGCGGCTCCTCTGAAGCACTAG
O: Secuencias de Consenso:	Leyenda: "i" se refiere a diminutos aminoácidos, que son específicamente alanina, glicina, serina y treonina. "p" se refiere a aminoácidos polares, que son específicamente la asparagina y la glutamina "n" se refiere a aminoácidos con carga negativa, que son específicamente el ácido aspártico y el ácido glutámico "+" se refiere a residuos con carga positiva, que son específicamente lisina, arginina e histidina "i" se refiere a residuos aromáticos, que son específicamente fenilalanina, tirosina y triptófano. "a" se refiere a residuos alifáticos, que son específicamente isoleucina, valina, leucina y metonina "< >" se refiere a una inserción de residuos de cualquier identidad, cuyo número se especifica entre corchetes >psiblast/cDNA_ID:12422368 <8>GLITITLTASFQQLHPASCN<0-2>SQDPL<0-2>SCGGPNKLQIGVLLGLCFLSVGSGGIRPCSIPIFGVDQFD<0- 16>QRTEEGKGVASFNNYYMTFTVLITQTVVYIQDQVSWIGFSIPTGLMALAVVMFFAGMKRYVYVKPEGSIFSGIAQVIVAARKRKL KLPAEDD<0-3>G<0-4>TVTYDPAI<0-5>KSSVLSKLHRSNQFRCLDKAAVVI<0- 2>EGDLTPEGPPADKWRLCVQVEEVKCLIRIPWISAGIISLAAMTTQGTFTVSOALKMDRNLGPKFEIPAGLSVISLLTIGIFLPFYDRV(F,I)VPFaRRITGHKSGITLLQRIGTGIVF(F,L)SMIVAGaVER(M,K)RRIRSINAGD(P,A)TGMPMSVFWLSPQLILMGLCEAFNIQIEFFNSQFPE HMRSIANSLSLSFAGSSYLSS(F,L)VT(V,T)V(H,Q)K<0-1>FSGGHDRPDWLNKNLNAGKLDYFYLIADVNLVYFWYCARGYRYKV<0- 7>GLPIEDFEEDKSDDDVEMTSKSM(E,K)
P: Promotor utilizado en los experimentos con el Fenotipo:	35S, un potente promotor constitutivo
Q: ID de Evento/Semilla obtenida de los experimentos con	ME03118

fenotipos:																																								
R: Datos del Fenotipo:		Análisis cuantitativo del grupo principal T₂ de cDNA 35S::12422368 plantas en un método de determinación del inhibidor de la asimilación del nitrógeno. Nueve días después de la plantación en bandejas de cultivo con MSX, el grupo principal ME03118 mostró 6 de las 15 plantas más verdes y con las raíces más largas que la planta natural de control y otros grupos principales transgénicos comprobados en ese momento. El fenotipo visual del grupo principal que contenía cDNA 12422368 (ME03118) en agar no mostró alteraciones visibles en el fenotipo, en comparación con las plantas naturales y transgénicas de control. Además, las líneas de plantas que son heterocigóticas para Ceres cDNA 12422368 muestran una floración y unas semillas normales en las condiciones del suelo. Análisis cualitativo y cuantitativo de los eventos individuales T₂ de cDNA 12422368 en un método de determinación del inhibidor de la asimilación del nitrógeno. Se obtuvieron cinco eventos independientes para 35S::12422368 (ME03118) comprobándose de la forma descrita en Materiales y Métodos. Dos de los eventos (ME03118-01 y ME03118-04) mostraron resistencia a la MSX. Para ME03118-01 y ME03118-04, 26 de las 30 plantas mostraron resistencia a la MSX. Los otros tres eventos no mostraron resistencia a la MSX. También se comprobó la segregación de Basta™ para el ME03118 y las frecuencias de segregación del transgen sugieren que hay dos insertos en cada uno de los eventos, de acuerdo con lo calculado en la prueba del cuadrado de Ji (Tablas I-A.1 y I-A.2). Las Plantas se transplantaron a un medio con MS y posteriormente al suelo, para la recogida y el análisis de las semillas T₃. <table><caption>Tabla I-A.1 Frecuencias observadas y esperadas asumiendo una proporción de 15:1 (R:S) de Basta™ entre la progenie del 35S::Eventos cDNA 12422368 T₂ (ME03118-01 y -04) que mostraron un fenotipo de resistencia a la MSX.</caption><thead><tr><th>Evento</th><th>Observado</th><th>Previsto</th><th>X²</th><th>Probabilidad de la Prueba Ji</th></tr></thead><tbody><tr><td>ME03118-01 Resistente a Basta™</td><td>28</td><td>28,1</td><td rowspan="3">0,008</td><td rowspan="3">0,92</td></tr><tr><td>ME03118-01 sensible a Basta™</td><td>2</td><td>1,9</td></tr><tr><td></td><td>30</td><td>30</td></tr><tr><td>ME03118-04 resistente a Basta™</td><td>29</td><td>28,1</td><td rowspan="3">0,436</td><td rowspan="3">0,51</td></tr><tr><td>ME03118-04 sensible a Basta™</td><td>1</td><td>1,9</td></tr><tr><td></td><td>30</td><td>30</td></tr></tbody></table> <table><caption>Tabla I-A.2. Frecuencias observadas y esperadas asumiendo una proporción de 15:1 de fenotipo de resistencia a la MSX al cabo de 9 días después de la plantación entre la progenie del 35S::Evento cDNA 12422368 T₂ ME03118-01</caption><thead><tr><th>Evento</th><th>Observado</th><th>Previsto</th><th>X²</th><th>Probabilidad de la Prueba Ji</th></tr></thead><tbody><tr><td>Resistente a la MSX</td><td>26</td><td>28.1</td><td>0.161</td><td>0.11</td></tr></tbody></table>		Evento	Observado	Previsto	X ²	Probabilidad de la Prueba Ji	ME03118-01 Resistente a Basta™	28	28,1	0,008	0,92	ME03118-01 sensible a Basta™	2	1,9		30	30	ME03118-04 resistente a Basta™	29	28,1	0,436	0,51	ME03118-04 sensible a Basta™	1	1,9		30	30	Evento	Observado	Previsto	X ²	Probabilidad de la Prueba Ji	Resistente a la MSX	26	28.1	0.161	0.11
Evento	Observado	Previsto	X ²	Probabilidad de la Prueba Ji																																				
ME03118-01 Resistente a Basta™	28	28,1	0,008	0,92																																				
ME03118-01 sensible a Basta™	2	1,9																																						
	30	30																																						
ME03118-04 resistente a Basta™	29	28,1	0,436	0,51																																				
ME03118-04 sensible a Basta™	1	1,9																																						
	30	30																																						
Evento	Observado	Previsto	X ²	Probabilidad de la Prueba Ji																																				
Resistente a la MSX	26	28.1	0.161	0.11																																				

Sensible a la MSX		4	1,9	2,401	
		30	30	2,569	
Tabla I-A.3. Frecuencias observadas y esperadas asumiendo una proporción de 15:1 de fenotipo de resistencia a la MSX al cabo de 9 días después de la plantación entre la progenie del 35S::Evento cDNA 12422368 T ₂ ME03118-04					
Evento	Observado	Previsto	X ²		Probabilidad de la Prueba Ji
Resistente a la MSX	26	28,1	0,161		0,11
Sensible a la MSX	4	1,9	2,401		
	30	30	2,569		

Análisis cualitativo y cuantitativo de eventos individuales T₃ de 35S::cDNA 12422368 en un método de determinación del inhibidor de la asimilación del nitrógeno.

Se evaluó en mayor detalle la resistencia al inhibidor en Eventos ME03118-01 y -04, que mostraron resistencia a la MSX, en la generación T₃. Ocho individuos resistentes a la MSX de la generación T₃ procedentes del evento 01 y 18 individuos procedentes del evento 04 se sometieron a una nueva evaluación del verbor en medios con concentración de MSX. La resistencia al inhibidor se hizo evidente a los nueve días de la plantación. Se llegó a la conclusión de que la progenie T₃ de ME03118-01 T₂ (Tabla I-A.4) y ME03118-04 T₂ (Tabla I-A.5) segregaban resistencia al inhibidor. Teniendo en cuenta que las semillas T₂ segregaron 15R:1S esperaríamos que 7/15 de las plantas T₂ resistentes a la MSX fuesen homocigóticas y diesen lugar a una progenie sin segregación, mientras que 4/15 de las plantas deberían ser heterocigóticas dobles, cuya progenie debería segregar 15R:1S y 4/15 deberían haber sido heterocigóticas para un solo inserto, cuya porogenie debería segregar 3R:1S. Los índices de segregación de la progenie T2 de -01 no están muy alejados de esta predicción (Tabla I-A.4). Sin embargo, para la progenie de las plantas resistentes a MSX procedentes de -04 (Tabla I-A.5) existe una preponderancia de familias que segregan 3R:1S y una deficiencia de líneas que son 100% resistentes.

Tabla I-A.4. Segregación de MSX entre la progenie de 35S:: Evento cDNA 12422368 ME03118-01a los 9 días de la plantación.				
Evento	Resistente	Sensible	Total	
ME03118-01-02	37	2	39	
ME03118-01-03	27	10	37	
ME03118-01-04	32	4	36	
ME03118-01-06	25	11	36	
ME03118-01-10	29	8	37	
ME03118-01-13	35	3	38	
ME03118-01-16	39	1	40	
Tabla I-A.5. Segregación entre la progenie de 35S:: Evento cDNA 12422368 ME03118-04 a los 9 días de la plantación.				
Event	Resistant	Sensitive	Total	
ME03118-04-01	32	3	35	
ME03118-04-02	41	0	41	
ME03118-04-03	29	7	36	
ME03118-04-04	33	4	37	
ME03118-04-05	32	6	38	

ME03118-04-06	34	3	37
ME03118-04-07	33	5	38
ME03118-04-08	31	8	39
ME03118-04-09	29	9	38
ME03118-04-11	29	9	38
ME03118-04-12	35	2	37
ME03118-04-16	37	2	39
ME03118-04-17	32	4	36
ME03118-04-20	32	5	37
ME03118-04-21	32	6	38
ME03118-04-22	20	17	37
ME03118-04-23	36	2	38
ME03118-04-24	33	5	38

Evaluación cualitativa y cuantitativa de eventos T_2 y T_3 de 35S::12422368 en un ensayo de clorofila

Los eventos T₂ y T₃ de ME03118, que mostraron resistencia a la MSX, se comprobaron en bajas condiciones de nitrógeno (100 µM) y en condiciones de nitrógeno cero. ME03118-01 T₂ y ME03118-01 T₃ eran ligeramente mayores y más verdes que las plantas naturales y los controles internos. ME03118-04 T₂ y ME03118-04 T₃ también mostraron un ligero incremento de tamaño y verdor, pero no tan acusado como el visto en ME03118-01. Debido a la dificultad para detectar visualmente ligeros aumentos de verdor, se llevó a cabo un ensayo para la determinación del contenido de clorofila en plantas cultivadas en unas condiciones de nitrógeno menos restrictivas (30 mM).

El análisis de la clorofila se llevó a cabo en 16 individuos de cada uno de los eventos T_2 y T_3 para ME03118-01 y ME03118-04. Estos resultados se analizaron estadísticamente para determinar cualquier diferencia importante en el contenido de clorofila en comparación con los controles naturales.

Los resultados indican que ME03118-01 T₂ y T₃ mostraron un ligero incremento en el contenido de clorofila en comparación con los controles naturales. Sin embargo, ME03118-04 T₂ no mostró ningún aumento en el contenido de clorofila, aunque el evento ME03118-04 T₃ mostró un ligero incremento en el contenido de clorofila.

Análisis cualitativo y cuantitativo de eventos T₂ de 35S::12422368 en un bioensayo en suelo nitrogenado.

Los eventos T₂ correspondientes a ME03118-01 y ME03118-04, que mostraron resistencia a la MSX, se comprobaron en un ensayo de suelo nitrogenado (descrito más adelante en Materiales y Métodos). Cuando la planta de control natural se cultiva con concentraciones crecientes de nitrato potásico, adquiere un menor tamaño y un peso de la planta más reducido en comparación con concentraciones menores (250 a 500 ppm). Cuando los eventos ME03118-T₂ se cultivan en 500 ppm y 250 ppm de nitrato potásico, las plantas no se ven tan afectadas por la mayor concentración. Estos resultados se analizaron estadísticamente para determinar cualesquiera diferencias importantes entre los tratamientos con nitrógeno. Los resultados indican que se produce un aumento en el peso de la planta cuando se trata a una concentración de nitrógeno más elevada (500 ppm) en comparación con una concentración menor (250 ppm). Asumiendo un $P < 0.10$, dos de las cuatro réplicas de ME03118-01 y tres de las cuatro réplicas de ME03118-04 presentaban importantes diferencias.

TABLA I-B

Nombre de la fila	Datos
A: N° de Informe	37.1
B: Descripción general del gen	Clon 121073 correspondiente a Ceres cDNA 12578718
C: Utilidad general del gen:	Modula la biomasa y la tasa de crecimiento en unas condiciones de disponibilidad de nitrógeno que normalmente limitarían el crecimiento.
D: Rasgos que pueden modular el Gen y sus Homólogos/Ortólogo s:	Nutriente. Este gen, cuando se expresa incorrectamente, provoca un incremento de la producción de aminoácidos, péptidos y proteínas en la planta, con el resultado de un mayor valor nutricional. Dichas plantas transgénicas son útiles para conseguir unos forrajes y piensos de calidad superior.
E: Subrasgos que pueden modular el Gen y sus Homólogos/Ortólogo s:	Eficiencia en el uso del nitrógeno. Este gen, cuando se sobreexpresa, produce una planta que crece adecuadamente en condiciones de escasez de nitrógeno. Como resultado de ello, estas plantas transgénicas requieren menos fertilizante, lo que representa un menor coste para el agricultor y una menor contaminación de la capa freática por nitrato.
F: Resumen de las Funciones del Gen:	La expresión errónea del clon Ceres 121073 bajo el control del promotor 35S induce: ○ Mayor tolerancia a un inhibidor de asimilación del nitrógeno, ○ Mayor verdor, ○ Y raíces más largas. Las líneas de plantas, que son heterocigóticas u homocigóticas para el clon 121073 no presentan ningún fenotipo negativo en condiciones normales de crecimiento. Las plantas florecen normalmente y presentan una fertilidad natural.
G: Comentarios sobre las funciones del gen:	La expresión errónea del clon 121073 bajo un potente promotor constitutivo (35S) tiene como resultado una mayor tolerancia de las plantas a la sulfoximina de metomina (MSX) inhibidora de la asimilación del nitrógeno. El clon 121073 está regulado a la baja en las rosetas tratadas con 15 mM de nitrato de amonio. La sobreexpresión de este cDNA ha superado esta regulación a la baja en presencia/ausencia de nitrógeno para obtener plantas que sean más grandes y verdes en condiciones de elvado y bajo contenido de nitrógeno. Estas plantas no muestran ningún fenotipo nocivo en condiciones normales de crecimiento o stress.
H: Aplicabilidad del Gen/rasgo al Maíz y otras especies:	Este gen, sus productos genéticos y sus homólogos/ortólogos se utilizan para obtener plantas que sean más tolerantes a unas condiciones de bajo contenido de nitrógeno en el suelo, permitiendo cambios en las prácticas de abonado que permiten la conservación de los abonos nitrogenados y del medio ambiente. Asimismo, la modulación de este gen y de sus homólogos/ortólogos altera la señalización C/N, lo que provoca al mismo tiempo un incremento de C y un incremento de N. Los resultados positivos obtenidos con transgénicos en condiciones normales y de bajo contenido de nitrógeno en suelo, así como en términos de contenido de clorofila (verdor) y de capacidad fotosintética (transporte de electrones) indican que las plantas presentan un mayor verdor, y por tanto, una mayor capacidad de origen, es decir, niveles de sucrosa, transporte de sucrosa, relleno de semillas y tolerancia foto-respiratoria.

[illegible]

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65

	cogacaaacagcttcactgagcaaatctggtagcttggaaagattataagatgaagcttatggagcccaaggccaccagaaggtaaggctggcctcgggtggatctacogagtcctactc cttcagggtgagtaaccactgctactgctgagaaagctcttgaaagctttaaataatggaagcttgcgcgagaaatgacaaagattgttagccaccttatccaaataataactatcc cagtttcgtggaagggttatgtattttaactaaataatgaatgcatgtattact																						
P: Promotor utilizado en los experimentos con el Fenotipo:	35S																						
Q: ID de Evento/Semilla obtenida de los experimentos con fenotipos:	ME01295																						
R: Datos del Fenotipo:	Análisis cualitativo de supergrupos T₂ que contienen plantas 35S::clon 121073 o un método de determinación del inhibidor de la asimilación de N. Se comprobó un SP24 que contenía un clon 121073 (ME01295). A los nueve días de su plantación, este supergrupo mostraba 8 de 1200 plantas que eran más verdes y más grandes que las plantas de control naturales y transgénicas comprobadas simultáneamente. Estas plantas se trasplantaron a un medio MS y después al suelo, para la recogida y análisis de semillas T₃. Las ocho plantas transferidas mostraron una floración y unas semillas normales. En la generación T₁, los heterocigotos también mostraron una floración y una fertilidad normales. Análisis cualitativo y cuantitativo de eventos individuales T₂ del clon 121073 en un método de determinación del inhibidor de la asimilación del nitrógeno. Se llevó a cabo un PCR en las ocho plantas recuperadas (véase más arriba) y el análisis de secuencia de los productos PCR demostró que al menos uno de ellos contenía el clon 121073. Se obtuvieron diez eventos independientes para el 35S::clon 121073 (ME01295) y se comprobó su tolerancia a la MSX. Tres de los eventos (ME01295-01, ME01295-03 y ME01295-06) mostraron tolerancia a la MSX, y los tres se segregaron para un único inserto. (Tablas 2-1 a 2-3). Los otros siete eventos no consiguieron mostrar una tolerancia positiva al inhibidor. Las líneas ME01295-01, -03, y -06 se sometieron a la prueba de segregación de Basta™. Las frecuencias de segregación calculadas mediante un ensayo del cuadrado de Ji indican que hay un inserto en cada evento (Véase Tabla 2-4). El evento ME01295-03 segrega para una deficiencia de plántulas resistentes. Estas plantas resistentes se transplantaron a un medio con MS y después al suelo para la recogida de semillas T₃. <table><tr><th colspan="4">Tabla I-B.1. Frecuencias observadas y esperadas asumiendo una proporción de 3:1 (R:S) para el fenotipo de tolerancia a la MSX a los nueve días de la plantación entre plantas T₂ de ME01295-01.</th></tr><tr><th>Evento</th><th>Observado</th><th>Previsto</th><th>Probabilidad de la Prueba Ji</th></tr><tr><td>Resistente a la MSX</td><td>29</td><td>27,65</td><td rowspan="3">0,57</td></tr><tr><td>Resistente a la MSX</td><td>6</td><td>7,35</td></tr><tr><td></td><td>35</td><td>35</td></tr><tr><td></td><td></td><td></td><td>0,314</td></tr></table> Tabla I-B.2. Frecuencias observadas y esperadas asumiendo una proporción de 3:1 (R:S) para el fenotipo de tolerancia a la MSX a los nueve días de la plantación entre plantas T₂ de ME01295-03.	Tabla I-B.1. Frecuencias observadas y esperadas asumiendo una proporción de 3:1 (R:S) para el fenotipo de tolerancia a la MSX a los nueve días de la plantación entre plantas T ₂ de ME01295-01.				Evento	Observado	Previsto	Probabilidad de la Prueba Ji	Resistente a la MSX	29	27,65	0,57	Resistente a la MSX	6	7,35		35	35				0,314
Tabla I-B.1. Frecuencias observadas y esperadas asumiendo una proporción de 3:1 (R:S) para el fenotipo de tolerancia a la MSX a los nueve días de la plantación entre plantas T ₂ de ME01295-01.																							
Evento	Observado	Previsto	Probabilidad de la Prueba Ji																				
Resistente a la MSX	29	27,65	0,57																				
Resistente a la MSX	6	7,35																					
	35	35																					
			0,314																				

Evento	Observado	Previsto	χ^2	Probabilidad de la Prueba Ji
Resistente a la MSX	28	27,75	0,002	0,92
Sensible a la MSX	9	9,25	0,007	
	37	37	0,009	
Tabla I-B.3. Frecuencias observadas y esperadas asumiendo una proporción de 3:1 (R:S) para el fenotipo de tolerancia a la MSX a los nueve días de la plantación entre plantas T ₂ de ME01295-06.				
Evento	Observado	Previsto	χ^2	Probabilidad de la Prueba Ji
Resistente a la MSX	27	28,5	0,079	0,57
Sensible a la MSX	11	9,5	0,237	
	38	38	0,316	

Evento	Observado	Previsto	χ^2	Probabilidad de la Prueba Ji
ME01295-01 resistente a Basta™	27	25,5	0,353	0,55
ME01295-01 sensible a Basta™	7	8,5		
	34	34		
ME01295-03 resistente a Basta™	19	25,5	6,62	0,01
ME01295-03 sensible a Basta™	15	8,5		
	34	34		
ME01295-06 resistente a Basta™	32	29,25	1,03	0,31
ME01295-06 sensible a Basta™	7	9,75		
	39	39		

Tabla I-B.4. Frecuencias observadas y esperadas asumiendo una proporción de 3:1 (R:S) para la resistencia a Basta™ entre la progenie de ME01295-01, ME01295-03 y ME01295-06 que mostraron un fenotipo de tolerancia a la MSX.

Análisis cualitativo y cuantitativo de eventos individuales T₃ de 35S::clon 121073 en un método de determinación del inhibidor de la asimilación del nitrógeno.

Una línea obtenida del filtrado de SP24 mostró una tolerancia a la MSX y su tolerancia al inhibidor se evaluó en mayor detalle en la generación T₃. La tolerancia al inhibidor se observó a los nueve días de la plantación. Las frecuencias de segregación sugieren que SP24NI02 (ME01295) es una línea homocigótica.

Evaluación cualitativa y cuantitativa del contenido de clorofila en líneas T₃ y T₂ de 35S::clon 121073

	Se comprobaron las líneas T₂ y T₃ de ME01295 que mostraron tolerancia a la MSX en condiciones de escasez de nitrógeno (100 µM) y de ausencia de nitrógeno. Las plantas de las líneas ME01295-T₂ y T₃ obtenidas a partir de supergrupos que contenían el clon 121073 produjeron plantas más grandes y más verdes que las naturales y los controles internos. Debido a la dificultad de detectar visualmente ligeros incrementos de verdor, se llevó a cabo una prueba de clorofila en plantas cultivadas a la mitad de concentración de nitrógeno (30 mM). Los análisis de clorofila se realizaron en 24 plantas individuales T₂ y T₃ para cada evento ME01295-03 y ME01295-06. Estos resultados se analizaron estadísticamente para determinar cualquier diferencia importante en el contenido de clorofila en comparación con los controles naturales. Los resultados indican que las plantas T₂ para ME01295-03 y ME01295-06 generan plantas con un ligero aumento en el contenido de clorofila en comparación con los controles naturales (asumiendo que P<0.15) (FIG 2A-B). La progenie de las líneas ME01295 T₂, SP24NI02, también mostró un mayor contenido de clorofila (FIG 2C).

TABLA I-C

Nombre de la fila	Datos
A: N° de Informe	38.1
B: Descripción general del gen	Clon 6288 correspondiente a Ceres cDNA 12335951
C: Utilidad general del gen:	Modula la biomasa y la tasa de crecimiento en unas condiciones de disponibilidad de nitrógeno que normalmente limitarían el crecimiento.
D: Rasgos que pueden modular el Gen y sus Homólogos/Ortólogo s:	Nutriente. Este gen, cuando se expresa incorrectamente, provoca un incremento de la producción de aminoácidos, péptidos y proteínas en la planta, con el resultado de un mayor valor nutricional. Dichas plantas transgénicas son útiles para conseguir unos forrajes y piensos de calidad superior.
E: Subrasgos que pueden modular el Gen y sus Homólogos/Ortólogo s:	Eficiencia en el uso del nitrógeno. Este gen, cuando se sobreexpresa, produce una planta que crece adecuadamente en condiciones de escasez de nitrógeno. Como resultado de ello, estas plantas transgénicas requieren menos fertilizante, lo que representa un menor coste para el agricultor y una menor contaminación de la capa freática por nitrato.
F: Resumen de las Funciones del Gen:	La expresión errónea del clon Ceres 6288 bajo el control del promotor 35S provoca ○ Mayor tolerancia a un inhibidor de la asimilación del nitrógeno, ○ Aumento del verdor, ○ Raíces más largas en las líneas transgénicas ○ Mayor tolerancia a las diversas condiciones de nitrógeno Las líneas de plantas que son heterocigóticas y homocigóticas para el clon Ceres 6288 no muestran ningún fenotipo negativo en condiciones de cultivo normales. Estas plantas florecen normalmente y presentan una fertilidad natural.
G: Comentarios sobre las funciones del gen:	La expresión errónea del clon 6288 bajo un potente promotor constitutivo (35S) tiene como resultado una mayor tolerancia de las plantas a la sulfoximina de metolmina (MSX) inhibidora de la asimilación del nitrógeno. El clon 6288 está regulado al alza en las rosetas tratadas con 15 mM y 50 mM de nitrato de amonio. También hay una ligera regulación a la baja bajo la inducción far-red. La sobreexpresión de este cDNA ha superado esta regulación a la baja en presencia/ausencia de nitrógeno para obtener plantas que son mayores y más verdes en condiciones de elevado y reducido contenido de nitrógeno. Un evento que contenía múltiples insertos mostró una respuesta de tolerancia, tanto al inhibidor como en diversas condiciones de nitrógeno. Un segundo evento contenía tan sólo un inserto y mostró tolerancia a la variación en las condiciones de nitrógeno, pero no al inhibidor. Estas plantas no muestran ningún fenotipo nocivo en condiciones normales de crecimiento o stress.
H: Aplicabilidad del Gen/rasgo al Maíz y otras especies:	Este gen, sus productos genéticos y sus homólogos/ortólogos producen plantas más tolerantes a unas condiciones de bajo contenido de nitrógeno en el suelo, permitiendo cambios en las prácticas de abonado que permiten la conservación de los abonos nitrogenados y del medio ambiente. Asimismo, la modulación de este gen y de sus homólogos/ortólogos altera la señalización C/N, lo que provoca un incremento de

	C y un incremento de N al mismo tiempo. Los resultados positivos obtenidos con transgénicos en condiciones normales y de bajo contenido de nitrógeno en suelo, así como en términos de contenido de clorofila (verdor) y de capacidad fotosintética (transporte de electrones) indican que las plantas presentan un mayor verdor, y por tanto, una mayor capacidad de origen, es decir, niveles de sucrosa, transporte de sucrosa, relleno de semillas y tolerancia foto-respiratoria. Este gen también es útil para alterar el balance de nitrógeno/carbono en una planta C4 comparada con una planta C3.
I: Secuencia del nucleótido (del clon de E. Coli):	<pre>>clone6288_expedet TCCCTGAAGAAAAATTGAAGGAGCTTAATAACAGAGCCGTTCTCCTTCACITTCGTTCCATACAAACATTTGAAACCTCAGCT ATGCCATAATCAAAGCGGAGATAGACCAGTGACTTTGCTTAAGACGAAGAAGAAAGAGAGCATAAGGAGTGATTGTGAATGGAATTAG GGAGGCTGTTGAAAAATATTCCTCTGCTATGTTTCTCTTTGAAACATGAGAAATATCAATTTCAAGGAGTTTAGGCAGCAGTTTAGGCAC AATGGAAGTCTTCCTAGTTCGAACAAAGTGATGACAGTTCGTTGCTGTTGCTGCTGCAAGATGAACCTCGTTCTGGTATCTACAAAGTC TCCAAGCTGCTTCGTTGATACCTGGACTTCCTGTTGATATGCCAAGGAAGTGGAAAGCTTATTTAACGCTTATGAGGATCCGACT TTTCAAGGACCGGAAGCATTCAGTAGAACCGTTGAACCTGAAGGAAGTCCCTAGAACAGTTCCACATGAGATGGAACCCACTTCTCGG AAGCTTGAATGCCTGTACGACTAAACAAAGGTACTGTGGAGTTGGTGGCTGACTTTGTAGTTTGTGAAGAAAGGAAACAACTTTCCGCAAAA TCAGCCACATTTTCGCTATTGCGAATGAAGATGGCTACTTTCAAGCTGAACCTGCTCGAGATGGAGCCCTAGTGAGCTTTGAGCTTTAC AGAGAAGATCTGTCAGAGCTTTACCGAAGAGATCTCTCAGACGTTGAAACCTCTTAGGAAGCCAGATTTTGAACCTTTTAAATTTTCT TAATATCATCACTATCACATGGATTTTATATTGTCACATGGTTTGCATTCGAAATGTTTTAAGTCAAAGTTTTGCTTGTACATATTTGTAG AATATCAACTTATCTCAAGAACCCCTATCCTAATATTGGCAATCAATCTTG</pre>
J: Secuencia del Nucleótido (de la planta transformada):	<pre>>clone6288_inplanta_experimental TCCCTGAAGAAAAATTGAAGGAGCTTAATAACAGAGCCGTTCTCCTTCACITTCGTTCCATACAAACATTTGAAACCTCAGCT ATGCCATAATCAAAGCGGAGATAGACCAGTGACTTTGCTTAAGACGAAGAAGAAAGAGAGCATAAGGAGTGATTGTGAATGGAATTAG GGAGGCTGTTGAAAAATATTCCTCTGCTATGTTTCTCTTTGAAACATGAGAAATATCAATTTCAAGGAGTTTAGGCAGCAGTTTAGGCAC AATGGAAGTCTTCCTAGTTCGAACAAAGTGATGACAGTTCGTTGCTGTTGCTGCTGCAAGATGAACCTCGTTCTGGTATCTACAAAGTC TCCAAGCTGCTTCGTTGATACCTGGACTTCCTGTTGATATGCCAAGGAAGTGGAAAGCTTATTTAACGCTTATGAGGATCCGACT TTTCAAGGACCGGAAGCATTCAGTAGAACCGTTGAACCTGAAGGAAGTCCCTAGAACAGTTCCACATGAGATGGAACCCACTTCTCGG AAGCTTGAATGCCTGTACGACTAAACAAAGGTACTGTGGAGTTGGTGGCTGACTTTGTAGTTTGTGAAGAAAGGAAACAACTTTCCGCAAAA TCAGCCACATTTTCGCTATTGCGAATGAAGATGGCTACTTTCAAGCTGAACCTGCTCGAGATGGAGCCCTAGTGAGCTTTGAGCTTTAC AGAGAAGATCTGTCAGAGCTTTACCGAAGAGATCTCTCAGACGTTGAAACCTCTTAGGAAGCCAGATTTTGAACCTTTTAAATTTTCT TAATATCATCACTATCACATGGATTTTATATTGTCACATGGTTTGCATTCGAAATGTTTTAAGTCAAAGTTTTGCTTGTACATATTTGTAG AATATCAACTTATCTCAAGAACCCCTATCCTAATATTGGCAATCAATCTTG</pre>
K: Secuencia proteínica:	<pre>1 : : 60 Seq tcctgaagaaattgaaggagcttaataaacagaagccgttctctcactttgctc CDS by ORFER * * * 61 : : 120 Seq ctctacttccatacaacattgaaacctcagctatgcctaaatacaagcgagatagacc CDS by ORFER M P K S K R D R P 121 : : 180 Seq agtgaacttgtctaagacgaagaagaaggaagataagagagtattgtgaatgg CDS by ORFER V T L S K T K K G R E H K E C I V N G</pre>

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65

181	 : 240	Seq aattaggaggctgtgaaaaatactctgtctatgtttcttttgaacaacatgag CDS by ORFER I R E A V E K Y S S V Y V F S F E N M R
241	 : 300	Seq aaatatcaaatcaaggagtttaggcagcaggttaggcacaatggaaagttctctagg CDS by ORFER N I K F K E F R Q F R H N G K F F L G
301	 : 360	Seq ttcgaaacaagtgatgcaggctgtctgtgctgtcgcagaagaatgaactcgttcgg CDS by ORFER S N K V M Q V A L G R S A E D E L R S G
361	 : 420	Seq tatctacaaagctccaagctgctgtggtgatactggacttctgttactgatagcc CDS by ORFER I Y K V S K L L R G D T G L L V T D M P
421	 : 480	Seq aaaggaagaagtcgaagcttatttaacgccttaggagttccgcactttcaaggaccgg CDS by ORFER K E E V E S L F N A Y E D S D F S R T G
481	 : 540	Seq aagcattgcagtagaaacggttgaaactgaaggaggtcctctagaaacagttcacacatga CDS by ORFER S I A V E T V E L K E G P L E Q F T H E
541	 : 600	Seq gatggaaccacttctcggaagctgaaatgcctgacgactaaacaaaggtaactgtgga CDS by ORFER M E P L L R K L E M P V R L N K G T V E
601	 : 660	Seq gtfgtcgctgactttagttgtgaagaagggaacaaacttcgccaataatcagccca CDS by ORFER L V A D F V V C E E G K Q L S P K S A H
661	 : 720	Seq cattttgcgtctatgcgaatgaagatggctacttcaagctgaactgctctgcagatg CDS by ORFER I L R L L R M K M A T F K L N L L C R W
721	 : 780	Seq gagccctagtactttgactttacagagaagatctgacagagctttaccgagaagatct CDS by ORFER S P S D F E L Y R E D L S E L Y R E D L
781	 : 840	Seq ctcagacgttgaaccctttaggaagccaagattttgactccaccctttaaattttctt CDS by ORFER S D V E T S *

	841 : 900 Seq aatatcactatcacatggattttatattggcacatggtttgcattcgaagtgttt CDS by ORFER 901 : 960 Seq aagtc aaagtttgcgttcattacattttgagaataatcacattatcttcaagaaccc CDS by ORFER 961 : 989 Seq cctatcctaattggcaaatcaatcttgg CDS by ORFER
L: Coincidencias NR:	Coincidencias NR: Secuencias que producen pares de segmentos de alta puntuacion:Máxima P (N) Suma Punt. Probabilidad N gi 18395622 ref NP_564226.1 proteína ribosómica acídica P0-... 1198 2.2e-120 1 gi 25403008 pir C86382 probable 60S acidid ribosómica pro... 1165 7.0e-117 1 gi 19921958 ref NP_610554.1 CGI381-PA [Drosophila melano... 532 8.4e-50 1 gi 14042338 dbj BAB55205.1 unnamed protein product [Homo... 527 2.8e-49 1 gi 58152331 gb AAD52608.1 60S proteína ribosómica acídica P0... 526 3.6e-49 1 gi 18490987 ref NP_057267.2 ribosómica protein P0-like pr... 525 4.6e-49 1 gi 12847477 dbj BAB27585.1 unnamed protein product [Mus ... 524 5.9e-49 1 gi 33585639 gb AAH56008.1 MGC68920 protein [Xenopus laevis] 515 5.3e-48 1 gi 20957655 ref XP_135475.1 similar to muscle protein684... 514 6.8e-48 1 gi 37537520 ref NP_076025.1 muscle protein684 [Mus muscu... 513 8.7e-48 1 gi 34872222 ref XP_216567.2 similar to ribosómica protein... 488 3.9e-45 1 gi 31198553 ref XP_308224.1 ENSANGP0000021519 [Anophele... 474 1.2e-43 1 gi 28850271 gb AAO53077.1 similar to Mus musculus (Mouse... 434 2.0e-39 1 gi 6322843 ref NP_012916.1 mRNA turnover 4; Mrt4p [Sacch... 339 2.4e-29 1 gi 38099187 gb EAA46565.1 proteína hipotética MG08908.4... 306 7.5e-26 1 gi 32414707 ref XP_327833.1 proteína hipotética [Neuros... 292 2.3e-24 1 gi 23490962 gb EAA22612.1 Ribosómica protein L10, putativ... 285 1.3e-23 1 gi 23619597 ref NP_705559.1 hypothetical protein, conser... 270 4.9e-22 1 gi 41150911 ref XP_372690.1 similar to ribosómica protein... 137 2.6e-07 1
N: Secuencias Homóloga/Ortóloga:	>Clon Ceres:643187 Organismo:3847 Solapado:0 FL5:1 MPKSKRNRQVTLSTKTKKGRDHKETVNGIKDAAEKYGVYVFSFENMRNQKFKEFRDQL KSSSRFFLGSNKVMQVALGRSASDEIRPGLHKVSKLLRGDSGMVFTNLSKEEVERLFKEF EEYDFARTGSNATEKVDLKKXGPLE

	cDNA ID: 12414968 atTTTTATTCTGAGCGGACGGCACCGCTAAACCTAGCAGAGGCTCGTGCCGCCACCGCCAGCCGCAACAAGGAAGAACCCAGGA ACACAATGCCCAAGTCCAAGTGCAACCGCCAGTGACTTTATCGAAGACCAAGAAGACCCAGGTTTGAGCGCAAGGCAAGTAG TCGCCGAGATAAAGATGCCGTGGACAAGTACAGCAGCGCTATGTTTTACATACGATTAACATGAAGATCAGAAGCTCAAGGACCT CAGGAggcAGCTCAAGCTTTCTAGCAGGATATTTCTCGCTGGGAAGAAGTTATGCAGATAGCGTGGGCGTTACCTGCTGATGA AGCTAAGACTGGCCTCCACAACCTTCCAAAGTCCCTCAAGGCAACTCTGGTCTGTTATTCACCAATCTTCCAAGGGATGATGTTGAGA GGATGTTTCGAGAAATTTGAGGAGCATGATTTTGCAAGACAGCAAGTACTGCGGCAGATACGGTTGAGCTTAAGGAAGGCCCTCTGG AACAGTTCACACATGAGATGGAGCCCTTTCTCGCAAGCAAGGACTCCAGTTGCTGTTGAACAAAGGTGCTGATAGTTAGTTGCAGA CCATGAGTTTGTGAGGAAGGGAAGCCCTTTCCGCAAGACGACAGACTCTCGGCTGCTTGGGATACAGATGGCGACATTCGG TCTATACCTTGTGTGCTGCTGGTGAGCGATGAATTTGAAGCTTACAAAGAAGGCTTGTATGCACCTAGGAGCTGATGATTCCTCTTAAG CTTGTTGTTGTTGATACACAAACAAAGGGCGCACTTGTGCTGTTGGTTGGAATTAGAAAGATGCTGCTGCAGAAAAATTT TGCTAGTGATTTCTGAGATTCAGTGGGGGTTTGTATGCGACGGGGTGTGAACCTCAAGAAACTGTTTGAGTTTCAGGTTTCTG AGTTGGGTTTACTTGTCAAACTGAATGTAGCTCAGTGGCAATGGCAAACTGTACCTGGTGAATGTTTTCAAGTCTTCCGATTAAATC ACGATTAATGGTCCAAAGTAGGTTTGGACTg >Clon Ceres:522426 Organismo:3847 Solapado:0 FL5:1 MPKSKNRNRQVTLSTKTKKGRDHKETIVNGIKDAAEKYGCYVYVFSFENMRNQKLKEFREQL KNSRFFLGSNKVMQVALGRSASDEIRPGLHKVSKLLRGDSGMFFTNLSKEEVERLFKEF EEYDFARTGSIATEKVIQVSSYDYDFIQHGMVLLGWELQNSHRNF* cDNA ID: 13528925 aaacctacagcgagcgagcagagaagttgcaactgcaacagaacagcaagtycataatgccaagtcacaagagaagaatagacaagttacgtgtcaagaacgaagaagaaaggaagagac cacaaagagacgatatgtaacggaataaaagatcgccagaaaagtacgggtgcgtgacgtgtctctcgagataataggaatcagaaataaagaggttcaggaacacagttgaaatcga atagcaggtctctcgggtctcaacaaagtaataagtaagtccttagtgcctcgcctcagatagatcagacctgacctcaaggtttcaaaagctattgcgtgagattctgggtatgttttaccat tgtctaagggaagagtgaaaggctgttaaaagaatttgaggaataatgactttgcaagaacaggaagcaccacgacgaaaggttaattgaggttagttatgatttttcatacaacatggga tggttttggccctctggggggagcigcaaaaacagccatagaaaacttaactctaatgttattttcattatattgacctggttggtttataaaacacatttctctctacatcaataggaaatcattggcc >Clon Ceres:630284 Organismo:4565 Solapado:1 FL5:1 FL3:1 MPKSKNRNRVTLSTKTKKPGLERKGKVVTEIKDAIERHSSAYVFTYNNMRNQKLKDLRDQ LKSSRIFLAGKVMQIALGRSPADEAKTGLHLKSLKFLQASGLLFTNLPRDDVERLFRE FEVNDFARTGSIATQTVLKEGLEPQFSHEMEPFLRKQGLPVRLNKGVELVADHVCEE GKPLSPEAAHTLRVLGTMATFRLYLVCRWSSDDFEVYKEGLAHLGGEEADESS* cDNA ID: 12615707 AGAAACCCCTCTCAAAACCCCTAGAACACTAGGCACAGCCGCCGCCGCGCTGCTCCAGGACAGCAGCCAGGAAGAGGACTCCAAAGC CTCCGCCATGCCGAAATCCAAGGGCAATCGCTCAGTCACCTGTCAAGACCAAGAAGACCGGGCTAGAGCGTAAGGGCAAGGT GGTCACGGAAATCAAGACGCCATTGAGCGCCACAGCAGCGCTATGCTTCCACCTACAACAATAGAGGAATCAGAAGCTCAAGGA CCTCAGGGACCAACTCAAGTCCCTAGCCGATATTCCTTGTGGAAGAAGGTATGCAGATAGCATTTGGGGCGGTACCTGCTGA TGAAGCTAAGACAGGCTGCATAAATCTCCAGTCTCAAGGTCTTCAAGGTGTTGTTATTTACCAATGCCAAGGGATGATGTCG AGAGATTATCCGAGAAATTTGAGGTGAATGATTTTGCAGGACAGAGGAAGTATTGCTACTCAAAACGGTTGAGCTAAAGGAAGGTCCTCT

	GGAACAGTTTTACATGAATGGAGCCCTTTCTGCGCAAGCAAGGACTGCCAGTTGCCCTAAACAAAGGTGTTGTTGAATTGGTTGCA GATCATGTAGTATGTGAAGAAGGAAAGCCCTTTTACCAGAAAGCAGCGCACACTCTGCGCGTGTGGGACGAAGATGGCGACGTTTC CGACTGTACCTTGCTGCGCTGGTCTCGGACGACTTGAAGTGACAAAGGAGGCTTGGCGACCTGGGAGGTGAGGAAGCTGA CGAGTCTTCTTAAGGTTGTTGATCATGGTGGCGTGCTTGTGTAGTGTTGTCAGACGGTTTTGTGCCATGCCCTTTGTACCCCTTAA TCCGACAGGAATCTCAAATATATGATCTGACCCAGTTGGGCATATTGTTGAGTGCAGTATTTTTGCCGAGCTACTATTATAGGTTGATCT TCTTCT >Clon Ceres:223083 Organismo:311987 Solapado:1 FL5:1 FL3:1 MQIALGRSPADEAKTGLHKLKFLQNGSGLLFTNLPRDDVERMFREFEEHDFARTGSTAA DTVELKEGPLEQFHEMEPLRKQGLPVRLNKGVELVADHVVCEEKPLSPEAAQTLRL LGIQMATFRLYLVCRWSSDEFEAYKEGLMHLGADDSS* cDNA ID: 13643810 aatcacaaacctaaaccctacagccagcgagaaagttgcaacifcggaacagaacaacticaaaatgccaataagagaaatagacaagttacgcttcaaaagacgaagaaaaaggg aagagaccacaagagacgtagtgaaacggaataaagatgctgcagaaagtagcgacgtgctgtcttcttcgagaacatgaggaatcagaatcaaggagttcaggaccagtt gaaatcgagtagcaggttctcggcttaacaaagtaatacaagttcgtctgtagtcagacacccgccttaaggttcaaaagctattcggtgagattcgggatgggt ttcaccaattgtcaaggaagaaggtgaaggtgtttaaagaattgaggatgactgtgcaagaacaggaagcaatgccacgtgaaagggtgactcaaaagarggtccattagag
O: Secuencias de Consenso:	Leyenda: "t" se refiere a diminutos aminoácidos, que son específicamente alanina, glicina, serina y treonina. "p" se refiere a aminoácidos polares, que son específicamente la asparagina y la glutamina "n" se refiere a aminoácidos con carga negativa, que son específicamente el ácido aspártico y el ácido glutámico "q" se refiere a residuos con carga positiva, que son específicamente lisina, arginina e histidina "r" se refiere a residuos aromáticos, que son específicamente fenilalanina, tirosina y triptófano. "a" se refiere a residuos alifáticos, que son específicamente isoleucina, valina, leucina y metonina " < > " se refiere a una inserción de residuos de cualquier identidad, cuyo número se especifica entre corchetes >psiblast/cDNA_ID:12335951 MPKSKR(D,N)/R<1>VTLSKTKKK<0- 1>G(R,L)n+K(E,G)<1>aV(N,T)(G,E)+nA<1>E+(Y,H)t<1>(V,A)YVftr(E,N)NMRN(I,Q)K(F,L)Kn(F,L)R<1>Q(F,L)+(H,S)(N,S)t+(F,I)FLtt(N,K) KVMQaALGRS(A,P)<1>DE<1>+<1>Ga(Y,H)KaSK(L,F)(R,Q)G<1>tGa<1>(V,F)T(D,N)a(P,S)+nnVE(S,R)aF<1>(A,E)rE<2>DFtRTGS<1> A<2>(T,K)VnLKEGPLEQFHEMEP(L,F)LRK(L,Q)(E,G)aPVRlNKGT,V)VELVAD(F,H)VVCEEK(Q,P)LSPI(K,E)IA(H,Q)(I,T)LRaL(R,G)<1> (K,Q)MATF+L(N,Y)LaCRWS(P,S)(S,D)nFE<1>Y+E(D,G)L<1>(E,H)L(Y,G)<1>nn(L,S,S)
P: Promotor utilizado en los experimentos con el Fenotipo:	35S

Q: ID de Evento/Semilla obtenida de los experimentos con fenotipos:	ME02032																												
R: Datos del Fenotipo:	Análisis cualitativo del supergrupo T₂ que contiene plantas 35S::clon 6288 en un método de determinación del inhibidor de la asimilación del nitrógeno. Se comprobó un SP05 que contenía el clon 6288 (ME02032). Nueve días después de la plantación, este supergrupo mostró 8 de 1200 plantas que eran mayores y más verdes que las plantas naturales y transgénicas comprobadas al mismo tiempo. Estas plantas se transplantaron a un medio con MS y posteriormente al suelo para la recogida y el análisis de las semillas T₃. las ocho plantas transferidas mostraron una floración y unas semillas normales. En la generación T₁, los heterocigotos también presentaron un tiempo de floración y una fertilidad normales. Análisis cualitativo y cuantitativo de eventos individuales T₂ del clon 6288 en un método de determinación del inhibidor de la asimilación del nitrógeno. Se llevó a cabo un PCR en las ocho plantas anteriormente descritas. El análisis de la secuencia de los productos PCR demostró que al menos cuatro contenían el clon 6288. Se obtuvieron cinco eventos independientes que representaban el clon 35S::6288 (ME02032), comprobándose su tolerancia a la MSX. Un evento (ME02032-04) mostró tolerancia frente a la MSX (Tabla 3-1). Este ME02032-04 mostró una fuerte tolerancia a la MSX. Un evento (ME02032-01) no mostró una respuesta de tolerancia al inhibidor, pero mostró una respuesta a diversas condiciones de nitrógeno. Los otros tres eventos no mostraron ninguna tolerancia positiva al inhibidor ni a las diversas condiciones de nitrógeno. Se comprobó la segregación de Basta™ para las líneas ME02032-01 y –04. Las frecuencias de segregación calculadas mediante un ensayo de cuadrado de Ji, indican que hay un inserto para –01 y dos o más insertos para –04 (Tablas 3-2 – 3-3). Estas plantas tolerantes se transplantaron a medios MS y después al suelo para la recogida de las semillas T₃. Tabla I-C.1. Frecuencias observadas y esperadas asumiendo una proporción de 15:1 de fenotipo de tolerancia a la MSX al cabo de 9 días después de la plantación entre plantas T₂ de ME02032-04. <table><tr><th>Evento</th><th>Observado</th><th>Previsto</th><th>X²</th><th>Probabilidad de la Prueba Ji</th></tr><tr><td>Resistente a la MSX</td><td>33</td><td>33,75</td><td>0,017</td><td rowspan="3">0,61</td></tr><tr><td>Sensible a la MSX</td><td>3</td><td>2,25</td><td>0,250</td></tr><tr><td></td><td>36</td><td>36</td><td>0,267</td></tr></table> Tabla I-C.2. Frecuencias observadas y esperadas asumiendo una proporción de 3:1 (R:S) para Basta™ entre la progenie de ME02032-01 que no mostró un potente fenotipo de tolerancia a la MSX. <table><tr><th>Evento</th><th>Observado</th><th>Previsto</th><th>X²</th><th>Probabilidad de la Prueba Ji</th></tr><tr><td>Resistente a ME02032-01 Basta™</td><td>30</td><td>28,5</td><td>0,316</td><td>0,57</td></tr></table>	Evento	Observado	Previsto	X ²	Probabilidad de la Prueba Ji	Resistente a la MSX	33	33,75	0,017	0,61	Sensible a la MSX	3	2,25	0,250		36	36	0,267	Evento	Observado	Previsto	X ²	Probabilidad de la Prueba Ji	Resistente a ME02032-01 Basta™	30	28,5	0,316	0,57
Evento	Observado	Previsto	X ²	Probabilidad de la Prueba Ji																									
Resistente a la MSX	33	33,75	0,017	0,61																									
Sensible a la MSX	3	2,25	0,250																										
	36	36	0,267																										
Evento	Observado	Previsto	X ²	Probabilidad de la Prueba Ji																									
Resistente a ME02032-01 Basta™	30	28,5	0,316	0,57																									

		38	38		
Tabla I-C.3. Frecuencias observadas y esperadas asumiendo una proporción de 15:1 (R:S) para Basta™ entre la progenie de ME02032-04 que mostró un potente fenotipo de tolerancia a la MSX.					
Evento	Observado	Previsto	X²	Probabilidad de la Prueba Ji	
Resistente a ME02032-04 Basta™	35	32,81	2,33	0,13	
Sensible a ME02032-04 Basta™	0	2,19			
	35	35			

Análisis cualitativo y cuantitativo de eventos individuales T₃ del clon 35S:: 6288 en un método de determinación del inhibidor de la asimilación del nitrógeno.

Se evaluaron en mayor detalle cuatro líneas obtenidas a partir del filtrado de SP05, que mostraban tolerancia a la MSX, en la generación T₃, buscando una respuesta al inhibidor. La tolerancia al inhibidor se observó a los nuevos días de la plantación. Las frecuencias de segregación obtenidas para la progenie de la totalidad de las cuatro plantas muestran que las líneas son homocigóticas o segregantes para múltiples insertos.

Evaluación cualitativa y cuantitativa de eventos T₂ y T₃ del con 35S:: 6288 para la determinación del contenido de clorofila.

Los eventos T₂ y T₃ de ME02032 que mostraron tolerancia a la MSX se comprobaron en condiciones de escasez de nitrógeno (100 µM) y ausencia de nitrógeno. Las plantas ME02032-T₂ y ME02032-T₃ produjeron plantas mayores y más verdes que las plantas naturales y los controles internos. Debido a la dificultad para detectar visualmente ligeros aumentos de verdor, se llevó a cabo un ensayo para la determinación del contenido de clorofila en plantas cultivadas en unas condiciones de nitrógeno del 50% de lo normal (30 mM).

El análisis de la clorofila se llevó a cabo en 16 o 24 plantas T₂ y T₃ para ME02032-04 y ME02032-01, que mostraron una tolerancia a un bajo contenido de nitrógeno, pero no al inhibidor. Estos resultados se analizaron estadísticamente a fin de determinar cualquier diferencia significativa en el contenido de clorofila en comparación con las plantas naturales de control. Los resultados indican que los eventos T₂ para ME02032-01 y ME02032-04 produjeron plantas con una mayor cantidad de clorofila en comparación con los controles naturales (asumiendo un P<0.15)(véanse las FIGS 4A-B). No obstante, tan sólo uno de los dos eventos T₃ comprobados mostraron un aumento en el contenido de clorofila (FIG. 4C).

TABLA I-D

Nombre de la fila	Datos
A: N° de Informe	41.1
B: Descripción general del Gen	Clon 38286 correspondiente a <i>Arabidopsis</i> Ceres cDNA 13487831 que codifica una proteína homóloga a IAA7, una proteína de la familia de la Auxina/IAA
C: Utilidad general del gen	Modulación del crecimiento de la planta en condiciones de escasez de nitrógeno/abono. Mayor crecimiento en condiciones de suelos escasos en nitrógeno, fósforo y hierro.
D: Rasgos que pueden modular el Gen y sus Homólogos	Nutritivo. La expresión incorrecta de este gen tiene como consecuencia un incremento de la producción de aminoácidos, péptidos y proteínas en la planta, con el consiguiente aumento del valor nutricional. Estas plantas transgénicas resultan muy útiles para obtener un forraje y unos piensos de calidad superior.
E: Subrasgos que pueden modular el Gen y sus Homólogos	Eficiencia en el uso del nitrógeno. La expresión errónea de este gen produce una planta que crece bien en bajas condiciones de nitrógeno. Como resultado de ello, dichas plantas transgénicas requieren menos abono, lo que representa un menor coste para el agricultor y una menor contaminación de la capa freática por nitrato.
F: Resumen	La expresión errónea del clon Ceres 38286 bajo el control del promotor 32449 induce los siguientes fenotipos: ○ Crecimiento continuo en bajas condiciones de nitrógeno, en combinación con una elevada cantidad de ácido abscísico, y ○ Mejor recuperación del suelo tras la exposición a un nivel bajo de nitrógeno y en elevado nivel de ácido abscísico, y ○ Mayor tolerancia al inhibidor del metabolismo del nitrógeno, la MSX. NI los eventos monocigóticos del 32449::clon 38286 ni los heterocigóticos muestran anomalías morfológicas importantes en las generaciones T₂, T₃, o T₄.
G: Comentarios	La expresión errónea del clon 38286, bajo el control de un promotor escasamente activo en las raíces (véase la sección "P"), permite obtener unas plantas con una mayor tolerancia a un bajo contenido de nitrógeno y ABA. La tolerancia a las deficiencias nutricionales causadas por las elevadas condiciones de pH es tan sólo ligeramente mayor que en el caso de las plantas de control. Estas plantas no muestran ningún fenotipo importante en condiciones de crecimiento normales. Este gen, sus productos genéticos, y sus homólogos/ortólogos resultan especialmente útiles para aumentar la tolerancia a unas condiciones del suelo de escasez de nitrógeno de fósforo y de hierro, permitiendo cambios en los patrones de abonado y la reducción de la contaminación consiguiente. El Clon 38286 codifica una Secuencia proteínica que presenta una homología con respecto a IAA7 de la familia Auxina/IAA procedente de la <i>Arabidopsis thaliana</i>. La Auxina desempeña un papel fundamental en numerosos aspectos del crecimiento y el desarrollo de la planta. La IAA7 es un integrante de la familia de proteínas de la auxina/ ácido indol- 3-acético (Aux/IAA). Los genes de la Aux/IAA son inducidos por la auxina y controlan la expresión de toda una serie de genes objetivo. (Friml J, 2003). Se ha demostrado que las Auxinas participan en la adaptación del desarrollo de las raíces cultivadas en condiciones de deficiencia de fósforo (P) y hierro (Fe) (Romera et al., 1994 y Schmidt et al., 2000). La IAA7 (AXR2) ya ha demostrado su función fundamental en la formación de los pelos radicales inducida por deficiencias de P y Fe (Véase la Fig. 41.1; Schmidt y Schikora, 2001). Se han observado deficiencias de fósforo y hierro en suelos calcáreos. De este modo, la sobreexpresión de IAA7 genera un aumento

	de la respuesta adaptable de las plantas en condiciones de deficiencias nutricionales en condiciones de pH elevado, es decir, durante la privación de nutrientes. Las plantas han desarrollado mecanismos de adaptación para la búsqueda de nutrientes esenciales cuando estos son escasos o poco solubles. Algunos de los mecanismos de adaptación son (a) la producción de exudados de la raíz, (b) la acidificación de la rizosfera, (c) la regulación al alza de las proteínas de transporte y (d) la alteración de la arquitectura de la raíz (Schachtman et al., 1998; Mori 1999; Raphothama 1999; Schmidt 1999; y Bonser et al., 1996). Las modificaciones de la arquitectura de la raíz que incrementan el volumen de su superficie son esenciales no sólo en épocas de escasez de nutrientes, sino también para una óptima absorción de los nutrientes. Una planta con una mayor superficie de la raíz sería un buscador más eficaz de los nutrientes disponibles.
H: Aplicabilidad del Gen/rasgo al Maíz y otras especies	La modulación de este gen y sus homólogos/ortólogos puede causar fenotipos similares y similitudes de función en otras especies, asumiendo la conservación de los procesos que controlan el crecimiento vegetativo bajo tensión entre especies. La sobreexpresión de este gen, de sus productos genéticos y de sus homólogos/ortólogos conduce a cambios morfológicos adaptativos en la estructura de la raíz en épocas de escasez de nutrientes, con la consiguiente ventaja en términos de crecimiento selectivo.
I: Secuencia del nucleótido (Prevista)	<pre>>clone38286_expected CTTCCCCTCTTACCCTTTTCAGAGAGAGAAACAATATTTCTAATCTATTACAAGTAACATGATCGGGCCCAACTTATGAACCTCAAGGCCACAG GAGCTGTCTCGGCCCTCCCGGGCGCGCTGAAGCAGTTGAGAGTCTGCCAAATCGCGGTGGGAAGCAAGAGAGCTTCTCCGGA AACCCTTGATCTCATGCTCAATCTTCAATCTAACAAAGAGGCTCCGTTGATCTCAAAAACGTTTCTGCTGTCCCAAGGAGAAGACTA CCCTTAAAGATCCTTCTAAGCCTCCTGCTAAAGCACAAGTGCTGGGATGGCCACCTGTGAGGAACCTACAGGAACATGATGACTCA GCAGAAACCCAGTAGTGTGGGAGGAGCCAGCAGTGAGAGGCGCGGAACCTTGTGGAGGAGCAGCCGGAGCCGGCTTGGTG AAGGTCCTCATGGACGGTGCTCCATATCTGAGGAAAGTTGACCTCAAGATGTACAAAAGCTACCAAGATCTTCTGATGCATTGGCCCA AAATGTTCAAGTCCCTTTACTATGGAACATCTGGAGCACAAGGAATGATTGTTTCAAGCAGAGCAAGCTAATGAATCTGCTGAAT AGCTCTGAGTATGTGCCAAGCTACGAGGACAAGATGGTGACTGGATGCTGCTGTGGCATGCCATGCGAATGTTTGTGCGAGCTT GCAACCGTTTGGCATTATGAAGGATCTGAAGCAATTGGACTTGTCCGAGAGCAATGGAGAAGTACTGCAAGAACAGATCTTGAAT TAATAAAAAAAGAGCAATGATCAACAATATGACGGGTTCTTGATTTTTATGATTTTTATGATTTGATGTGGCTATCACCTA TATATGTGTGTTAAATCTTGAATGATGGGTATATAGGGCAGTATTTACCAGTAAGATGGACAAACCTTGTAAATGTGACCAAAA GAGAGAACTTCAATATCTCTGTGTTGTGCATATTTATGGCCAACTGTGCTGCGGTTGATGATCAATCACAACCTTGATATGT GCATACATATAAATGTGTATGTAGTGTGTACATGTACATGTGTTTGTATGCCCTACTCTGCTACTTGWCGTTTTCTTGTGTGTTA TCTAATAGYTTTTTCCCAAAATGAATAATTCGTTTATGTTT</pre>
J: Secuencia del nucleótido (In planta)	Secuencia obtenida a partir de ME00175 line >clone38286_inplanta_experimental <pre>CTTCCCCTCTTACCCTTTTCAGAGAGAGAAACAATATTTCTAATCTATTACAAGTAACATGATCGGCCCAACTTATGAACCTCAAGGCCACAG GAGCTGTCTCGGCCCTCCCGGGCGCGCTGAAGCAGTTGAGAGTCTGCCAAATCGCGGTGGGAAGCAAGAGAGCTTCTCCGGA AACCCTTGATCTCATGCTCAATCTTCAATCTAACAAAGAGGCTCCGTTGATCTCAAAAACGTTTCTGCTGTCCCAAGGAGAAGACTA CCCTTAAAGATCCTTCTAAGCCTCCTGCTAAAGCACAAGTGCTGGGATGGCCACCTGTGAGGAACCTACAGGAACATGATGACTCA GCAGAAACCCAGTAGTGTGGGAGGAGCCAGCAGTGAGAGGCGCGGAACCTTGTGGAGGAGCAGCCGGAGCCGGCTTGGTG AAGGTCCTCATGGACGGTGCTCCATATCTGAGGAAAGTTGACCTCAAGATGTACAAAAGCTACCAAGATCTTCTGATGCATTGGCCCA AAATGTTCAAGTCCCTTTACTATGGAACATCTGGAGCACAAGGAATGATTGTTTCAAGCAGAGCAAGCTAATGAATCTGCTGAAT AGCTCTGAGTATGTGCCAAGCTACGAGGACAAGATGGTGACTGGATGCTGCTGTGGCATGCTCCCAATGGAATGTTTGTGCGAGCTT GCAACCGTTTGGCATTATGAAGGATCTGAAGCAATTGGACTTGTCCGAGAGCAATGGAGAAGTACTGCAAGAACAGATCTTGAAT TAATAAAAAAAGAGCAATGATCAACAATATGACGGGTTCTTGATTTTTATGATTTTTATGATTTGATGTGGCTATCACCTA TATATGTGTGTTAAATCTTGAATGATGGGTATATAGGGCAGTATTTACCAGTAAGATGGACAAACCTTGTAAATGTGACCAAAA GAGAGAACTTCAATATCTCTGTGTTGTGCATATTTATGGCCAACTGTGCTGCGGTTGATGATCAATCACAACCTTGATATGT GCATACATATAAATGTGTATGTAGTGTGTACATGTACATGTGTTTGTATGCCCTACTCTGCTACTTGWCGTTTTCTTGTGTGTTA TCTAATAGYTTTTTCCCAAAATGAATAATTCGTTTATGTTT</pre>

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65

5	
10	
15	
20	
25	
30	
35	
40	
45	
50	
55	541 : 600 Seq ttactatgggaaactatgagcacagaaggaatgatttcattgaacgagagcaagcta CDS by ORFER F T M G N Y G A Q G M I D F M N E S K L 601 : 660 Seq atgaatcgcgtaataagctctgagtgatgcccagctacgagacaaaagatgggactgg CDS by ORFER M N L L N S E Y V P S Y E D K D G D W 661 : 720 Seq atgctcgtggcgatgcccattgggaaatgtttgctcagcttgcaaacgtttgcgcatt CDS by ORFER M L V G D V P W E M F V E S C K R L R I 721 : 780 Seq atgaagggtctgaagcaattggactgtcgcgagagcaatggagaagtactgcaagaac CDS by ORFER M K G S E A I G L A P R A M E K Y C K N 781 : 840 Seq agatctgtaattaataaaaaaaaaaagagcaatgatacaacaatatgacgggtctt CDS by ORFER R S * 841 : 900 Seq gatttttatgtattttatgtatgtatggctatcacctatatatgtgtgttaatt CDS by ORFER 901 : 960 Seq ttaataacttgatgggtatatatagggcagttttaccagtaagatgtggacaaacttgta CDS by ORFER 961 : 1020 Seq atgigaccaaaagagaggaaactcaatactcgtgtgtgtgcatattatgcccac CDS by ORFER 1021 : 1080 Seq catgtgtctgcggtttgatgataatcacaaactgatatgtgcatacataataatgtg CDS by ORFER 1081 : 1140 Seq gtagtaggtgtgtacatgtacatgtgttttgatccctactctgctactgtgtttc CDS by ORFER 1141 : 1195 Seq ttgtgtgttatcctaataagttttttcccaaaatgaataattcgtgttatgttt CDS by ORFER
60	
65	

L: Coincidencias NR	Coincidencias NR: Secuencias que producen los pares de segmentos con mayor puntuación: <table><thead><tr><th></th><th></th><th>Super.</th><th>P (N)</th><th>N</th><th>Punt. Probab.</th></tr></thead><tbody><tr><td>gi 15228943 ref NP_188945.1 </td><td>auxin-responsive protein / i...</td><td>1251</td><td>5.4e-126</td><td>1</td><td></td></tr><tr><td>gi 21593352 gb AAM65301.1 </td><td>indoleacetic acid (IAA)-induci...</td><td>1228</td><td>1.5e-123</td><td>1</td><td></td></tr><tr><td>gi 42572519 ref NP_974355.1 </td><td>auxin-responsive protein / i...</td><td>1082</td><td>4.4e-108</td><td>1</td><td></td></tr><tr><td>gi 22328628 ref NP_193191.2 </td><td>auxin-responsive AUX/IAA fam...</td><td>974</td><td>1.2e-96</td><td>1</td><td></td></tr><tr><td>gi 7442224 pir H71407</td><td>proteína inducida por auxina - Arabidopsi...</td><td>925</td><td>1.9e-91</td><td>1</td><td></td></tr><tr><td>gi 25296229 pir C85159</td><td>Proteína similar a la IAA7 [importado] - Ar...</td><td>925</td><td>1.9e-91</td><td>1</td><td></td></tr><tr><td>gi 20385508 gb AAM21317.1 </td><td>proteína regulada por la auxina [Popul...</td><td>789</td><td>4.9e-77</td><td>1</td><td></td></tr><tr><td>gi 15229343 ref NP_187124.1 </td><td>auxin-responsive protein / i...</td><td>773</td><td>2.4e-75</td><td>1</td><td></td></tr></tbody></table>			Super.	P (N)	N	Punt. Probab.	gi 15228943 ref NP_188945.1	auxin-responsive protein / i...	1251	5.4e-126	1		gi 21593352 gb AAM65301.1	indoleacetic acid (IAA)-induci...	1228	1.5e-123	1		gi 42572519 ref NP_974355.1	auxin-responsive protein / i...	1082	4.4e-108	1		gi 22328628 ref NP_193191.2	auxin-responsive AUX/IAA fam...	974	1.2e-96	1		gi 7442224 pir H71407	proteína inducida por auxina - Arabidopsi...	925	1.9e-91	1		gi 25296229 pir C85159	Proteína similar a la IAA7 [importado] - Ar...	925	1.9e-91	1		gi 20385508 gb AAM21317.1	proteína regulada por la auxina [Popul...	789	4.9e-77	1		gi 15229343 ref NP_187124.1	auxin-responsive protein / i...	773	2.4e-75	1	
		Super.	P (N)	N	Punt. Probab.																																																		
gi 15228943 ref NP_188945.1	auxin-responsive protein / i...	1251	5.4e-126	1																																																			
gi 21593352 gb AAM65301.1	indoleacetic acid (IAA)-induci...	1228	1.5e-123	1																																																			
gi 42572519 ref NP_974355.1	auxin-responsive protein / i...	1082	4.4e-108	1																																																			
gi 22328628 ref NP_193191.2	auxin-responsive AUX/IAA fam...	974	1.2e-96	1																																																			
gi 7442224 pir H71407	proteína inducida por auxina - Arabidopsi...	925	1.9e-91	1																																																			
gi 25296229 pir C85159	Proteína similar a la IAA7 [importado] - Ar...	925	1.9e-91	1																																																			
gi 20385508 gb AAM21317.1	proteína regulada por la auxina [Popul...	789	4.9e-77	1																																																			
gi 15229343 ref NP_187124.1	auxin-responsive protein / i...	773	2.4e-75	1																																																			
M: Observaciones Secuencia proteinica	Predicción proteína principal a Proteína gi 15228943 Alineación completa clone38286_inplanta_experiment MIGQLMNLKATELCIGLPGGAEAVESPAKSAVSKRGFSETVDLMLNLQS gi_15228943 MIGQLMNLKATELCIGLPGGAEAVESPAKSAVSKRGFSETVDLMLNLQS ***** clone38286_inplanta_experiment NKEGSVDLKNVSAVPKEKTTLKDPKPPAKAQVGVWPPVRNRYRKNMNTQQ gi_15228943 NKEGSVDLKNVSAVPKEKTTLKDPKPPAKAQVGVWPPVRNRYRKNMNTQQ ***** clone38286_inplanta_experiment KTSSGAEAEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLKRVDLKMYKSYQD gi_15228943 KTSSGAEAEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLKRVDLKMYKSYQD ***** clone38286_inplanta_experiment LSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKGDG gi_15228943 LSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKGDG ***** clone38286_inplanta_experiment WMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGSEAVGLAPRAMEKYCKNRS gi_15228943 WMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGSEAVGLAPRAMEKYCKNRS ***** Ls proteínas con I o V en la posición anteriormente indicada resultan interesantes y se pueden utilizar para modular cualquiera de las actividades que se describen en esta tabla.																																																						
N: Secuencias ortólogas	>gi 22328628 ref NP_193191.2 proteína de la familia AUX/IAA con respuesta a la auxina [Arabidopsis thaliana] >gi 12248009 gb AAG50096.1 IAA14 [Arabidopsis thaliana]																																																						

5	MNLKETELCLGLPGGTETVESPAKSGVGNKRGFSETVDLKLNSKNQGHVDLNTNGAPK
10	EKTELKDPSPKPAKAQVVGWPPVRYRKNVNMANKSGEAEEMSSGGGTAVFVKVSMMDGA
15	PYLKVDLKMYSYKDLSDALAKMFSSFTMGSYGAQGMIDFMNESKVMDDLNSSEYVPSY
20	EDKGDWMLVGDVPWPMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKFKNRS
25	>gij42566790:97-783 Arabidopsis thaliana proteína de la familia AUX/IAA con respuesta a la auxina (At4g14550) mRNA, cds completo
30	ATGAACCTTAAGGAGACGGAGCTTTGCTTGGCCTCCCGAGGACACTGAAACCGTTGAAAGTCGGGCA
35	AGTCGGGTGTTGGGAACAAGAGAGCTTCTCCGAGACCGTTGATCTCAAACTTAATCTTCAATCTAACAA
40	ACAAGGACATGTGGATCTCAACACTAATGGAGCTCCCAAGGAGAGACCTTCCCTAAAGACCCCTTCTAAG
45	CCTCCTGCTAAAGCACAAAGTGGTGGCTGGCCACCGGTGAGAACTACCGGAAAAATGTTATGGCTTAATC
50	AGAAGAGCGCGGAACGAGGAGGCAATGAGTAGTGGTGAGGAACCGTCGCCCTTGTGAAGTTTCCAT
55	GGATGGAGCTCCTTATCTTCGGAAGGTGACCTCAAGATGTACCCAGCTACAGGATCTCTCGATGCC
60	TTGGCCAAAATGTTACGCTCCTTACCATGGGAGTTATGGAGCACAGGATGATAGATTTCATGAACG
65	AGAGTAAAGTATGGATCTGTTGAACAGTCTGAGTATGTTCCAAGCTACGAGGACAAAGATGGTGACTG
	GATGCTGTTGGTATGCCCTGGCCGATGTTGTCGAGTCAATGCGCATATGAAAGGA
	TCCGAAGCAATTGGACTTGCTCCAAGAGCAATGGAGAAAGTTCAAGAACAGATCATGA
	>gij7442224pir IH71407 proteína inducida por auxina - Arabidopsis thaliana
	MNLKETELCLGLPGGTETVESPAKSGVGNKRGFSETVDLKLNSKNQGHVDLNTNGAPK
	EKTELKDPSPKPAKAQVVGWPPVRYRKNVNMANKSGEAEEMSSGGGTAVFVKVSMMDGA
	PYLKVDLKMYSYKDLSDALAKMFSSFTMGSYGAQGMIDFMNESKVMDDLNSSEYVPSY
	EDKGDWMLVGDVPWPMFVESCKRLRIMKGSEAIGLKFSFLFVS
	>gij25296229pir C85159 Proteína similar a la IAA7 [importado] - Arabidopsis thaliana >gij5302771 emb CAB46059.1 Proteína similar a la IAA7 [Arabidopsis thaliana] >gij7268161 emb CAB78497.1 Proteína similar a la IAA7 [Arabidopsis thaliana]
	MNLKETELCLGLPGGTETVESPAKSGVGNKRGFSETVDLKLNSKNQGHVDLNTNGAPK
	EKTELKDPSPKPAKAQVVGWPPVRYRKNVNMANKSGEAEEMSSGGGTAVFVKVSMMDGA
	PYLKVDLKMYSYKDLSDALAKMFSSFTMGSYGAQGMIDFMNESKVMDDLNSSEYVPSY
	EDKGDWMLVGDVPWPMFVESCKRLRIMKGSEAIGLKFSFLFFQ
	>(gij2244788:c107924-107704, c107512-107283, c107145-107010, c106697-106580) Arabidopsis thaliana cromosoma 4 del ADN, ESSA I FCA fragmento contig No. 1
	ATGAACCTTAAGGAGACGGAGCTTTGCTTGGCCTCCCGAGGACACTGAAACCGTTGAAAGTCGGGCA
	AGTCGGGTGTTGGGAACAAGAGAGCTTCTCCGAGACCGTTGATCTCAAACTTAATCTTCAATCTAACAA
	ACAAGGACATGTGGATCTCAACACTAATGGAGCTCCCAAGGAGAGACCTTCCCTAAAGACCCCTTCTAAG
	CCTCCTGCTAAAGCACAAAGTGGTGGCTGGCCACCGGTGAGGAACACCGGAAAAATGTTATGGCTTAATC
	AGAAGAGCGCGGAACGAGGAGGCAATGAGTAGTGGTGAGGAACCGTCGCCCTTGTGAAGTTTCCAT
	GGATGGAGCTCCTTATCTTCGGAAGGTGACCTCAAGATGTACCCAGCTACAGGATCTCTCGATGCC
	TTGGCCAAAATGTTACGCTCCTTACCATGGGAGTTATGGAGCACAGGATGATAGATTTCATGAACG
	AGAGTAAAGTATGGATCTGTTGAACAGTCTGAGTATGTTCCAAGCTACGAGGACAAAGATGGTGACTG
	GATGCTGTTGGTATGCCCTGGCCGATGTTGTCGAGTCAATGCGCATATGAAAGGA

5		
10		
15		
20		
25		
30		
35		
40		
45		
50		
55		
60		
65		

5	TGTAGCTGGATTGGTggt	
10	>Clon Ceres:953245 Organismo:3708 Solapado:0 FL5:1 MIGQLMNLKATELCLSLPGGAETLDTPAKSAVGNKRGFSETXDLMLNLQSNKERAILDNN ATASKQKTLKDPVKPPAKAQVVGWPPVRNRYRKNIMTNQKTSGADEASSEKAGNGGGGAT GATLVKVSMI	
15	cDNA ID: 14307442 ACTATTATTGCCacacacAAATCAATTAACTGAATCTTTAGACAGAGAAAGAGGAGTAGTACTAGTGA ^{taagt} GATCATAATAGAGCATAAT ATAAGAGAGTGA ^{AAACT} CATGGAGGTGGCCTCAACAAGAAGGAAACATGGGGTTTGAAGAACTGAGCTAAGGCTTGGACTGCCT GGAACGTAGGAGGCACTGGCACTGAAGAAGTGCTCATCAGGAAGAGAGGTTTCTCTGAGACTGAAACTGAAACTGAGGAGGATGAG TCTGTACCACTGTGATTGATGCTTAATCTTTCTTAAGGAAGCTGCTGCTGCAGATCCAACATGATAGCACAAAGACTTTGOC TAAGGAGAAGACTCTTCTGCCCTGCAGATCCTGCTAAGCCTCCAGCCCAAGGCACAGGTGGTAGGTTGGCCACCTGTGCGGTCTTCCG GAAGAACATGTTAGCTGTACAAAAGAGCGTCGGAGAAGAGAGAAACAGACAGACGCCCTAATGCAAGCTTTGTCAAAGTTAG CATGGATGGAGCACCTTACCTCCGCAAAAGTGACATGAAGATGTACaaGAGTTACCGAGAGCTCTGATTCTTTAGGCAAAATGTTCA GCTCCTTACCATTAGGCAATTGTGAATCCCAAGGAATGAAGGAT ^{tca} TGAATGAGAGCAAGCTGAATGAT ^t TTGAACAGCctGATTatgt CCCAACCTATGAGGACAAGGATGGTGACTGGATGCTTGTCGGTGATGTCCTCATGGAGATGTTTGTGAATCATGCAAGCGTTTACGC ATCATGAAAGGAAAGGAGGCCATTGGctTGGCTTTGCAACAAAGCCATGGCAAAATCCAAGAACAGGAGCTAGACTAGTCGCACAAT TCATGACCTGCCCATCCTTTGTAAATTGGCGTGCCCACTGGCTTAGTTACTAAAGTAAGGATAATTAAGCTGCAGCAGACACGGATG GACATTGCTAAGTGGTTGAATTATAGTTAATTTGTGCTATTATGTTTATAATTTATCAACAACAAACAAATGAGATGCATGCTAA TTAAGTACTAATCATGAACAGGAACATAATGACTCTCAATCATGTGTTAGACTTGGCTTTCTTATATATCGATCTTTGCTTGTGTTGTG	
20	>Clon Ceres:566396 Organismo:3847 Solapado:1 FL5:1 FL3:1 MATMLTKEHGLNLKETELCLGLPGGGGGGGGGGGGGVEETPRATGKRGFSETVDLKLN LHSKEDINENLKNV/SKEKTLKDPAPKAPKQVVGWPPVRSYRKNMMAVQKVSTEDVAEK TTSSTANPGAFVKVSM ^{MDGAP} YLRKVDLTMYKSYKELSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDF MNEskLMDLLNSSEYVPSYEDKGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGS ^{EAIGL} APRAM EKCKSRs*	
25	cDNA ID: 12451449 agAGAGAGAAAGAGTCATAATAAAGTGAAAGAAAAAGAAAGAGAGTAGTGAAACAAGAAAGAAAGAGATGGTGTGTTGAG GAAACTgAGCTGAGGCTTGGACTGagacTAGACTCCCTGGAATGGAGCCGCGCCAACAACTGAAGCTGCTGCGGAATTAGGAGTGA GGAAGAGAGGGTCTCTGAACCTGAACCCGATGAACAACCTCCGTGATTTGATGCTTAACCTCTCTCCCAAGGAAGCTTCTGCTGC TGCTACTACTGATGGAGCAGATCCACGTGAGATCCAAAGACTTCGCCGAAGGACAGAATCTTCTCTTCTCGATCCCGCAAAAGCCT CCTGCCAAGGCGCAAGTGGTGGATgccaCCTGTAAAGTCTTTCCGGAAGAACATGTTTGAGCCCAAGAGCAGCGgCGGAGAGGAA AGCGAGAAGAACAGCCCTAATGCAAGCTTTGTCAAGTTAGCATGGATGGAGCACCTTACCTCCGCAAGATTGACTTGAAGATGTACA AGAGttacctGAGCTCTCTGATGCCTTGGGCAAAATGTTTAGCTCCTTACCATTTGAAATTGTAAATCCCAAGGCTTCAAGGATTTTCATG AatgagAGCAAGTTGATGGAT ^{tctctg} AACAGCTCCGATATg ^{tccccacctat} GAAGACAGGGATGGCGactggaTGC ^{TTG} TTCGGTGATGTGCCAT GGGAGATGTTTGTGAATCATGcaagcGTTT ^a CGTATCATGAAAGGAAAGGAAGCTATTGGACTGGCAACAGCCGTGGAGAAATGC AAGAACAGGAGCTAGACTAGtagtaatttccaTCCAAAccctgtCCATCATCGTTAGTGGTGCCCACTAGATAGCAACTGAAGAAGC AAGGTTAAGCTGCAGCAGACACAGATCGACAGAGCAGGGTGTTAAAAATATAGTTAATTAAATCTGTGTATCATTAATTATGGTTTGTGA	
30		
35		
40		
45		
50		
55		
60		
65		

5	TGTAATATATATTTCAAACAAAGTTGTGAGATGCTTTAAGTATAAAATTATGAACAGAAACGATATAATAAactaAAATTATGTTGCAAGACTT TCTTATTTattt	
10		
15		
20		
25		
30		
35		
40		
45		
50		
55		
60		
65		

>Clon Ceres:556734 Organismo:3847 Solapado:1 FL5:1 FL3:1
 MVFEETELRLGLPLGNGATTATTEAAAAELGVRKRGFSETETDETATVDMLNLSPEK
 AAAADGADPREPKTSPKEKTLILLPDPAPKAKVVGWPPVRSFRKNMFAAQKSSGGEE
 SEKSSPNASFVKVMDGAPYLKVDLKMYSYPELSDALGKMFSSFTIGNCESQGKDFM
 NESKLMDDLNSSDYVPTYEDRDGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRMKGKEAIGLAPRAVE
 KCKNRS*

cDNA ID: 12451674
 gATTAATGCCAACCTCACCCAAACCTTAAGGGCTCCCCACAACGTAATAACGTGCCTGCCCTATACCTCACCCCACTTACTATTATTAT
 GTTACAACAcaaccaGGTCCCTGAATGCTTTTAGAGAGAGAAAGAGTAATAATAaagtggaagaaataagagagtgaacaaagaagaa
 gaagaagaagaagaagaattgagaagatggttgagaaactgagctggactggactgctccctggaataatggaccacgcaacactgaagctgctgctggaat
 taggagtgaggaagagaggggtctgaGACTGAAACTGTGAAACAGCCACCGTTGATTGATGCTTAACCTCTCACCCCAAGGAAGCTGCTGCTG
 CTGATGTTGCAGATCCACGTGAGAAGCCAAAGACTTCGCCGAAGGAGAACCCCTTCGCTCCCGATCCCGCAAGCCCTCCTGCCA
 AGCGCAAGTGGTGGATGGCCACCCGTGAGGTCTTCCGGAAGAACATGTTCCGACCCAAAGAGCAGCGCGGAGGAGAAAGC
 GAAAAGAGAGCCCTAATGCAAGCTTGTCAAAGTTAGCATGGATGAGGACCTTACCTCCGCAAAAGTTGACTTGAAGATGTACAAGA
 GTTACCCAGAGCTCTGTAGCTCTGGCAAAATGTTAGCTCTTCCACATTGGAATTTGAAATCCCAAGGCTTCAAGGATTTTCATG
 AATGAGAGCAAGTTGATGGATCTTTGAACAGCTCCGACTATGTCGACCTATGAACACAGGATGGCGACTGGATGCTTTCGCGTG
 ATGTGCCATGGGAGATGTTTGTGAATCATGCAAGCGTTTACGTATCATGAAAGGAAAGGAAAGCTATTGGACTGgacaaagagccgTGA
 GAAATGCAAGAACAGGAGCTAGACTAGTAGTTACCAGTCCAAactcttcCATCATCAttagcgtgctAGTTGACTTAGTAACTGAAGCAA
 GGTTAAGCTGCAGCAGacacagAGGGAGAGCAGGGTGTTAAAAAATATAGTTAagt

>Clon Ceres:520455 Organismo:3847 Solapado:1 FL5:1 FL3:1
 MVFEETELRLGLPLGNGAAPTEAAAAELGVRKRGFSETETDETTSVDMLNLSPEKA
 SAAATTDGADPRENPKTSPKDKNLPLDPAKPPAKVVGWPPVRSFRKNMFAAQKSSGG
 EESEKNSPNASFVKVMDGAPYLKVDLKMYSYPELSDALGKMFSSFTIGNCESQGKFD
 FMNESKLMDDLNSSDYVPTYEDRDGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRMKGKEAIGLAPRA
 VEKCKNRS*

cDNA ID: 12433540
 aagACTTCTTTCCATTTCCCATTTTCTCATTCTCTGTTTCCGCTTTCACCGAGTAACCTCACCTTCCCAACTCCACCTGAGAAAGATACCC
 ATAAATTCGACGCGCAGCAGCAGCATGTTCTGACTCAGTCTTGTGTGGACGAGAACCCAGAAAGAAAAACAAAGCACGAG
 GAGATGATTAACCTCGAAGAACCCGAGTTGCGACTCGGCTCCCTGCGGCTGCGAGTGATCACAAAGAGTCAACAAACGGTCAAG
 GGCAGTGGTGAAGAGAGAGGCTTCTCTGAAACTGCTTCTGTGATTTGAAGCTTAACTTCTTCCAGTGTAGTCTGCTCAGATTG
 ACCTTATCTGCGTCTACAGAGAAGACTACCACTGCTGCACCTCTTCTCCTCTTCGAGCCAAACGACCTGCAAAACCACTGCAAG
 GCACAAAGTGGTGGTGGCCACCCAGTTAGGTCAATTAGAAGAACATAGTTCAAAGGAACAAGATGAAGAGGAAGCAGCCTTTCGTGA
 AGGTGAGCATGGATGGTGCACCCGTATCTA

44

GTGTTGAAATTATAGTTAAATTTGTTGATCATTTGTTGTTAAATATTTCAACAAACAATGAGATGCATGCTAAATTAAGTACTAAATTA
TGAACAGGAACATAAATGACTCTCAATCATGTTGTTAGACTTGGCTTTCTTATATATCTTTGCTTGTGAGTGCTTGCTTAATAAT
AATTTTAAGATGTGTTGTCTGTTGT

>gij114734|sp|P13089|AX28_SOYBN PROTEÍNA INDUCIDA POR AUXINA AUX28 >gij1759|pir||A28993 proteína inducida por auxina aux28 - soja >gij169921|gb|AAA33945.1| proteína regulada por la auxina (Aux28)
MGFEETELRLGLPGNGGTEEVLRKRGFSETETGHEDESATTVDLMLNLSKKAATTAAA
AADPTKHKTLPEKTKLLPADPAKPPAKTVGVPPVRSFRKNMLAVQKSVGESEKNSS
PNASFVKVSMDGAPYLRKVLDLKMYSYRELSDSLGKMFSSFTFGNCESQGMKDFMNEKL
NDLLNSSDYVPTYEDKGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRMKGLGLGLAPRAMAKCK
NRS

>Clon. Series:514595 Organismo:3847 Solapado:0 FL5:1
 MEVGLNKKENMGFEETELRLGLPGNVGGTTEEVLIRKRGFSETETETEEDESATTVDLIM
 LNLSSKEAAAAADTDKHKTLPEKETLLPADPAKPAQVWGPPVRSFRKNMLAVQKS
 VGEENEKANSPPNASFVKVMDGAPYLKVDLKMYSYRELSDSLGKMFSSFTIGNCESQ
 GKMDFMNEKLNLDLNSSDYVPTYEDKGDWMLVGDVPWEMFVESCRLRIIMKGEAIGL
 GLAPRAMAKSKNRS*

cDNA ID: 14303714

ATTACCCACCTTCATCTCTCCTCCTTTCTCTTCCCTCTATATACGCACCCCCACCCAGATCTTGCTTCTCTCTCTCCACCAC
 CTCCATCTCCTAATACAAAGCCATCTTGCCATACGGAGAGAGAAAGAGAAGCCAGATGACGAGCTGCTCGAGTAGTCTCGCGTG
 GAGGTGTCCAAAGTGGAGACCCCAAGCAGGGCTAGCTAGCCAGCAGCTGCTCCGCCGAGCCGATGGCTGGCGCCGACGCTCGA
 CGGTGCGGACGGAGCTCAGGCTCGGGCTGCCGGGGCGCGCGGAGGCGGAAAGCGCGGAAGGGGCTATGAGGACACCAT
 TGACTTGAAGCTCAGCTGCCACCGGGCGCATGCAGAAAGACTTGCCTGGCAAGCCGGACCCAGCCGCCGACAAGGCCAAGAGG
 CCCCCTGAGCGCGCGGCCGACCCGGAAGCCACCTGCTCCAAAGGCACAGGCCGTGGTTGGCCACCAGTCCGGTCGTGATCG
 CGAGGAAGCCCATGACCGTCCAGTCGGTGAAGATCAAGAAAGGAGGACCCGCAAGCAGCCTGCTGCTGCCGTGCTGCTGCT
 GGTGCCAACCGCTCCACCTTTGTCAAGGTGAGCATGGACGGCGCGCCCTACCTGCCAAGGTGGATGTCAAAGTGTACAACACCTTAC
 AAGGACCTCTCCATTGCTCTGCAAGAAGTTTCAGCACTTCCACGCCAATCGGAATGAGGGAAGATGTTTGAGCGAGTGAACGGT
 TCAGATGTTTACTACTTACGAAGACAAGGATGGAGACTGGATGCTTGTGGAGACGTCCTCCATGGGAGATGTTTGTGCTTCATGCA
 AACGCTTGAGGATCATGAAGGGTCCGAGCCATCGGTCTTGCAACAAGGCCAAGGACAAGTACAAGAACAAGAGCTAAAGATGGG
 CGAGTAAAGAGGAAGACTATGATGCCACAAGGATGGTGTCTTGCAGCTGCTATGGTTCTTAGATATATAATGTTTTCAATTATAGCT
 GGGATTAAGAAAGGGAGAGTGGCCATGTTTAATTTGTGGTGACCAAGCAATATCTCTGATAGCTGTTGCTGCTGCTATGTCTG
 CTTGTAACTTGTGCTGGTTCATGATCTGGAGAAATAGTAACAGCGCTTATTTTCGGTTCCTTCT

>Clon Ceres:742023 Organismo:4565 Solapado:0 FL5:1
MAGADVDVGTGLRLGLPGGAEAAKAGKRGYEDIDLKLTPTGGMQEDSAGKPEPAADK
AKRPAEAAAADPEKPPAPKAAQAVQPVVPSYRRNAMTQSVKIKEETKQQAAAAA
GANGSINFVKVSDMGAPYLRKVDLKMYNTKDSLALQKMFSTFTATGNEGKMEAVNGSD
VTTTYEDKDGDMVLGVDPVWEMFVASCRLRIMKGS EAGLAPRAKD KYNKS*

5	cDNA ID: 4447462 aaaaatctactacaacatgatcggacagcttatgaacctcaaggcgacagagcttctcagctcccccggggcgctgaacccctgatactccagccaaatcgcggtggggaacaagag aggctttccgagacccgkfgatctatgctcaatctcagtcacaagaagggccatgatttaacaacgccacagcttcaacagaagactcttcaagacccctgtttaaaccctcctgctaa agcccaagtgtgggtggatggccacctgtgaggaactacaggaaaaacataatgactaatacagaaaaaagcgggtgcagacgagccagcagagagccgggaaatgtgtgtgaggagg ccaccggagctacattgtgaaggtatcatgg
10	>gij32400272 embl CAE00638.1 Proteina IAA1 [Triticum aestivum] MAGADVGVGTELRLGLPGGAEAAKAGKRGYEDIDLKLTPTGGMQEDSAGKPEPAADK AKRPAEAAAADPEKPPAPKAQAVGWPPVRSYRRNAMTVSVKIKKEEETKQQPAAAAA GANGSNFVKVSMGAPYLRKVDLKMNTYKDLISIALQKMFSTFATGNEGKMEAVNGSD VVTTYEDKGDWMLVGDVPWEMFVASCKRLRIMKSEAIGLAPRAKDKYKNKS
15	>gij32400271:77-778 mRNA parcial del Triticum aestivum para la proteína IAA1 ATGGCTGGCGCCGACGTGACGTGCGGACGGAGCTCAGGCTCGGGCTGCCCGGGGGGGCGCGCGGCGG CCAAAGCGGGAAAGAGGGGCTATGAGGACACCATTGACTTGAAGCTCACGCTGCCACCGCGGCATGCA GGAAGACTCTGCCGCAAGCGCGAGCCAGCGGCAAGAGGCCGCTGAGGCCGCGGCGCGC GACCCGAGAAAGCCACTGCTCCCAAGGCAGCGCTGGTTGGCCACCAAGTCCGCTGTACCGCAGGA ACGCCATGACCGTCCAGTCGGTGAAGATCAAGAAGGAGGAGGAGACCCGAGAGCAGCAGCCTGCTGCTG CGTGTGCTGTCGCAACGGCTCAACTTGTCAAGGTGAGCATGACGCGCGCCCTACCTGCGCAAG GTGGATCTCAAGATGTACAACACCTCAAGGACCTCTCCATTGCTCTGCAGAAAGATGTTCAAGACCTTCA CCGCAACTGGGAATGAGGGGAAGATGGTTGAGGCAGTGAACGGTTCAGATGTTGTTACTACTACGAAGA CAAGGATGGAGACTGATGCTGTTGGAGACGTCCTGCGAGATGTTGTTGCTTCATGCAACCGCTTG AGGATCATGAAGGGGTCCGAAGCCATCGGCTTTCACCAAGGGCCCAAGGACAAGTACAAGAACAAGAGCT AA
20	>Clon Ceres:284442 Organismo:311987 Solapado:1 FL5:1 FL3:1 MAGADVGVGTELRLGLPGGAAAKKDTIDLKLTPTAGMEAAAAAARPEPAADKAKRPA EAPADAEEKPPAPKAQAVGWPPVRSYRRNAMTTVVQAVRSKKEEPEKQQQPAANAFVK VMDGAPYLRKVDLKYSSYKDLAALKKMFGTFTASGNSMNEGRVDPAGDADDVVTTY EDKGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKSEAIGLAPRTKDKKNKS*
25	cDNA ID: 4446066 cttccctcaccataatcagagagagaaataacatctttaatctatagaagtaacatgatcgacagcttaaaccttaacgcgacgagctctgctcgcctccctggcgggactaaagccgt cgagagcccgccaaatcggtgaggaacaagagagctctccgagaccatgcatctatcgtcaatctcagtgcaacaaagaaagaaacgctgcatcttaacaacgccacagcttccaaa gagaagactctcctcaagagaccctgctaaagccctcctgctaaagcccaagtggtggatggccacctgtgaggaactacaggaagaacatgatgactcagcagaagcaaacgagcgaggagg aggccagcagcagagagagcgtggaatgtgtgaggagctgctgtgawggtatccatggacggagctcttacct
30	
35	
40	
45	
50	
55	
60	
65	
O: Secuencias de Consenso	
Leyenda: "t" se refiere a diminutos aminoácidos, que son específicamente alanina, glicina, serina y treonina.	

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65

mostraron un fenotipo conocido en respuesta a un pH elevado (ME00175-01 y -02) demostraron segregar para un inserto, calculado mediante un test del cuadrado de Ji. El evento ME00175-03 mostró un fenotipo de pH positivo y un índice de segregación de 15:1 (Tabla I-D.1), lo que indica la presencia de múltiples insertos.

Tabla I-D.1. Frecuencias observadas y esperadas asumiendo una proporción de 3:1 (R: S) de resistencia a BASTA™ entre eventos 32449::clon 38286 T ₂ cuyo crecimiento se estudió en condiciones de pH elevado. □ de 0,05				
Evento	Generación	Observado	Previsto	Probabilidad de la Prueba Ji
ME00175-01 Resistente a BASTA™	T ₂	27	26,25	0,77
ME00175-01 Sensible a BASTA™	T ₂	8	8,75	
N = 36	3R:1S	35	35	
ME00175-02 Resistente a BASTA™	T ₂	13	12	0,56
ME00175-02 Sensible a BASTA™	T ₂	3	4	
N = 16	3R:1S	16	16	
ME00175-03 Resistente a BASTA™	T ₂	9	8,44	0,44
ME00175-03 Sensible a BASTA™	T ₂	0	0,56	
N = 9	15R:1S	9	9	

Análisis cualitativo y cuantitativo de plántulas procedentes de plantas T₃ que contienen el clon 38286 tratadas con ácido abscísico con bajo contenido en nitrógeno (LNABA).

Las plantas T₃ procedentes de tres eventos de 32449::clon 38286 (ME00175-01-01, ME00175-02-01, y ME00175-03-01) se sometieron a un ensayo en unas condiciones de bajo nitrógeno y ABA. Las plantas tolerantes mostraron un mayor verdor y crecimiento de los brotes, formando raíces adventicias. En general, se inhibió la germinación de plantas naturales en un medio LNABA.

La progenie procedente de los tres eventos mostró diversos niveles de tolerancia al medio LNABA. La potencia del fenotipo era más débil en ME00175-01-01 y -02-01 y más fuerte en ME00175-03-01.

También se observó anteriormente un fenotipo positivo al pH elevado para esta línea en la generación T₂. El fenotipo positivo se correlacionó con la formación de raíces adventicias, permitiendo de este modo que las líneas tolerantes al medio LNABA de ME00175 consiguiesen explotar mejor los nutrientes que las plantas naturales de control de Ws y las de control transgénicas. La línea de plantas transgénicas ME02698-04, que contiene 35S::clon 3819, un promotor de la sobreexpresión de Actin2, se utilizó como planta de control.

Aunque se observaba claramente la formación de raíces secundarias en líneas tolerantes, la raíz principal no consiguió alargarse. Las raíces sensibles al LNABA quedaron enanas y no se desarrollaron raíces adventicias en un 97% de las plántulas de Ws naturales. Estas observaciones subrayan el papel y la importancia del 32449::clon 38286 en la des-diferenciación de las células de la raíz y los cambios adaptativos ventajosos de la raíz en presencia de un stress de bajo contenido en nitrógeno.

La segregación de BASTA™ se comprobó en plantas T₃ procedentes de los tres eventos, validándose las proporciones de fenotipos

previamente observadas (Tabla I-D.2). Se observó que los eventos ME00175-01-01 y -02-01 con unos fenotipos más débiles en LNABA tenían un inserto (3R: 1S), calculado mediante el ensayo del cuadrado de Ji (Tabla I-D.2). ME00175-03-01, que tenía el fenotipo de mayor fuerza en LNABA, demostró una frecuencia de segregación que indicaba múltiples insertos (15R:1S), calculados mediante un ensayo del cuadrado de Ji (Tabla I-D.3). En condiciones de baja concentración de nitrógeno, y en conjunción con la molécula ABA de señalización de stress, se efectúa una ventajosa reprogramación de la estructura de la raíz, que conlleva una tolerancia al medio LNABA. La activación paralela de IAA7 y la señalización del stress son elementos clave necesarios para la competencia en la absorción del nitrato, derivada de los cambios adaptativos de la morfología de la raíz.

Tabla I-D.2. Análisis del cuadrado de Ji para BASTA™ entre plantas T3 que contienen el clon 32449::clon 38286 que mostraron un mayor crecimiento de las raíces ante LNABA. □ de 0,05					
Evento	Generació n	Observa do	Previsto	X²	Probabilidad de la Prueba Ji
ME00175-01-01 Resistente a BASTA™	T3	30	27	0,333	0,25
ME00175-01-01 Sensible a BASTA™	T3	6	9	1	
N = 36	3R:1S	36	36	1,333	
ME00175-02-01 Resistente a BASTA™	T3	26	27	0,037 0,111 0,148	0,70
ME00175-02-01 Sensible a BASTA™	T3	10	9		
N = 36	3R:1S	36	36		
ME00175-03-01 Resistente a BASTA™	T3	35	33,75	0,046	0,39
ME00175-03-01 Sensible a BASTA™	T3	1	2,25	0,694	
N =36	15R:1S	36	36	0,740	

Tabla I-D.3. Análisis del cuadrado de Ji para LNABA entre plantas T3 que contienen el clon 32449::clon 38286 asumiendo unos índices de segregación de 3:1 (R: S) y (15:1) (R: S). □ de 0,05					
Evento 3R:1S	Generació n	Observa do	Previsto	X²	Probabilidad de la Prueba Ji
ME0175-01-01 Tolerante a LNABA	T3	10	18	3,556 10,667 14,223	0,0002
ME0175-01-01 Sensible a LNABA	T3	14	6		
N = 24	3R:1S	24	24		
Evento 3R:1S	Generació n	Observa do	Previsto	X²	Probabilidad de la Prueba Ji

ME0175-02-01 Tolerante a LNABA	T ₃	15	18	0,5	0,16
ME0175-02-01 Sensible a LNABA	T ₃	9	6	1,5	
N =24	3R:1S	24	24	2,0	
Evento 3R:1S	Generación	Observado	Previsto	X ²	Probabilidad de la Prueba Ji
ME0175-03-01 Tolerante a LNABA	T ₃	23	22,5	,0111	0,673
ME0175-03-01 Sensible a LNABA	T ₃	1	1,5	0,167	
N =24	15R:1S	24	24	,0278	

Análisis cualitativo y cuantitativo de líneas con tolerancia a la LNABA recuperadas en el suelo.

Para evaluar la recuperación tras el tratamiento con LNABA, se transfirieron al suelo tres plántulas tolerantes tratadas con LNABA (ME00175-01-01, ME00175-02-01, y ME00175-03-01). A efectos de comparación, también se trasplantaron al suelo tres plántulas sensibles (plantas de control tratadas) procedentes de las placas de cultivo en medio de LNABA así como plantas naturales Ws procedentes de un medio MS con un pH de 5.7 (plantas de control no tratadas).

A los 12 días del trasplante al suelo, las plántulas tolerantes a LNABA del clon 32449:clone 38286 tenían unas rosetas más grandes que las de los controles sensibles, pero más pequeñas que las de los controles no tratados (FIG. 5). El experimento incluyó las progenies de ME00175-02-01 LNABA y ME00175-03-01 LNABA.

Análisis cualitativo y cuantitativo de las líneas T₂ y T₃ tratadas con 1.5 µM de ABA.

Para evaluar los efectos del ABA se sembraron en placas plantas T₂ y T₃ de ME00175-01, -02-01, y -03-01 en 1.5 µM de ABA. Los tres eventos de las generaciones T₂ y T₃ mostraron un fenotipo tolerante determinado por el verdor y el crecimiento global en ABA al cabo de 15 días de tratamiento. La resistencia a la ABA de las plántulas ME00175-03 T₂ y T₃ era ligeramente mejor que la observada para las plántulas T₂ y T₃ procedentes del evento ME00175-01 y -02.

Evento	Generación	Observado	Previsto	X ²	Probabilidad de la Prueba Ji
ME00175-01 Tolerante a ABA	T ₂	22	27	0,926	0,05
ME00175-01 Sensible a ABA	T ₂	14	9	2,778	
N =36		36	36	3,704	

Evento	Generación	Observado	Previsto	χ^2	Probabilidad de la Prueba Ji
ME00175-01-01 Tolerante a ABA	T ₃	23	27	0,593	0,12
ME00175-01-01 Sensible a ABA	T ₃	13	9	1,779	
N =36		36	36	2,371	
Tabla I-D.4B. Análisis del cuadrado de Ji de tolerancia a 1,5 μ M ABA entre plántulas T ₂ y T ₃ procedentes del evento ME00175-02. Coeficiente de fenotipo previsto suponiendo una tasa de segregación de 3:1 (R:S). $\square$ de 0.05					
Evento	Generación n	Observado	Previsto	χ^2	Probabilidad de la Prueba Ji
ME00175-02 Tolerante a ABA	T ₂	19	24	1,042	0,04
ME00175-02 Sensible a ABA	T ₂	13	8	3,125	
N =36		32	32	4,167	
Evento	Generación n	Observado	Previsto	χ^2	Probabilidad de la Prueba Ji
ME00175-02-01 Tolerante a ABA	T ₃	19	21,75	0,348	0,24
ME00175-02-01 Sensible a ABA	T ₃	10	7,25	1,043	
N =36		29	29	1,391	
Tabla I-D.4C. Análisis del cuadrado de Ji de tolerancia a 1,5 μ M ABA entre plántulas T ₂ y T ₃ procedentes del evento ME00175-03. Coeficiente de fenotipo previsto suponiendo una tasa de segregación de 15:1 (R:S). $\square$ de 0.05					
Evento	Generación n	Observado	Previsto	χ^2	Probabilidad de la Prueba Ji
ME00175-03 Tolerante a ABA	T ₂	34	33,75	0,002	0,86
ME00175-03 Sensible a ABA	T ₂	2	2,25	0,028	
N =36		36	36	0,030	
Evento	Generación n	Observado	Previsto	χ^2	Probabilidad de la Prueba Ji
ME00175-03-01 Tolerante a ABA	T ₃	32	32,1825	0,020	0,57
ME00175-03-01 Sensible a ABA	T ₃	3	2,1875	0,322	
N =36		35	35	0,342	

Análisis cualitativo y cuantitativo de plántulas ME00175-02-01 T₃ y ME00175-03-01-07 T₄ en un medio inhibidor de la asimilación de nitrógeno, MSX.					
Las plantas T ₃ y T ₄ obtenidas para cada uno de los eventos que contienen el clon 32449:clone 38286 se sometieron a prueba en presencia de un inhibidor de nitrógeno, como se describe en la Sección Materiales y Métodos. La tolerancia al Inhibidor se apreció al cabo de siete días de tratamiento. Las Plántulas T ₄ procedentes de ME00175-03-01-07 mostraron la mayor tolerancia a la MSX.					
Se observó un fuerte crecimiento con un tratamiento bajo en nitrógeno (100 µM KNO ₃) en todas las plántulas T ₃ y T ₄ ME00175-03 pero menor en el caso del evento ME00175-02. La frecuencia de segregación de MSX de las plántulas T ₄ procedentes de ME00175-03-01-07 (Tabla 4-6B) es la de una línea homocigótica equiparable a la segregación BASTA™ (Tabla 4-5). La segregación de MSX para las plántulas T ₃ procedentes de ME00175-02-01 (Tabla 4-6A) está en línea con la segregación BASTA™ de las tabla 4-5.					
Tabla I-D.5. Análisis del Cuadrado de Ji suponiendo una proporción de 3:1 (R: S) de resistencia a BASTA™ entre las progenies T ₃ y T ₄ del clon 32449:clone 38286 en los eventos ME00175-02-01 y ME00175-03-01-07 que mostraron un mayor crecimiento de la raíz bajo un tratamiento con el inhibidor de la asimilación del nitrógeno (MSX). □ de 0,05					
Evento	Generación	Observado	Previsto	χ ²	Probabilidad de la Prueba Ji
ME00175-02-01 Resistente a BASTA™	T ₃	26	27	0,037	0,70
	T ₃	10	9	0,111	
	3R:1S	36	36	0,148	
ME00175-03-01-07 Resistente a BASTA™	T ₄	33	31,875	0,0397	0,43
	T ₄	1	2,125	0,5956	
	15R:1S	34	34	0,6353	

Tabla I-D.6A. Frecuencias observadas y previstas para la tolerancia a la MSX de plántulas ME00175-02-01 T ₃ suponiendo un índice de segregación 3R:1S, □ de 0,05					
Evento	Generación	Observado	Previsto	χ ²	Probabilidad de la Prueba Ji
ME00175-02-01 Tolerante a la MSX	T ₃	7	9	0,444	0,18
	T ₃	5	3	1,333	
ME00175-02-01 Sensible a MSX	3R:1S	12	12	1,777	

Tabla I-D.6B. Frecuencias observadas y previstas para la tolerancia a la MSX de plántulas ME00175-03-01-07 T ₄ suponiendo un índice de segregación 15R:1S, □ de 0,05					

Evento	Generación	Observado	Previsto	X ²	Probabilidad de la Prueba Ji
ME00175-03-01-07 Tolerante a la MSX	T ₄	11	11,25	0,006	0,77
ME00175-03-01-07 Sensible a MSX	T ₄	1	0,75	0,083	
N = 12	15R:1S	12	12	0,089	

ES 2 364 152 T3

TABLA I-E

5	Nombre de la fila	
	Nº de Informe	57.1 - NB42-35S-2702830
	Descripción general del gen	El gen Ceres cDNA 2702830 codifica una proteína transportadora de péptidos/aminoácidos putativa.
10	Utilidad general del gen:	- Este cDNA principal podría resultar útil a la hora de hacer que las plantas sean insensibles a los cambios que activan el N ambiente realizados en las prácticas de abono, para la conservación de los abonos nitrogenados y para la conservación del medio ambiente. - Se recomienda comprobar los transgénicos con un mayor o menor N ambiente y verificar el contenido de clorofila (verdor) y la capacidad de fotosíntesis (transporte de electrones).
15		También debe comprobarse si las plantas que tienen un mayor verdor tienen una mayor capacidad de búsqueda (niveles de sucrosa, transporte de la sucrosa, relleno de las semillas).
20	Rasgos que pueden modular el Gen y sus Homólogos/O rtólogos:	El balance de Nitrógeno/Carbono puede alterarse en una planta C4 con respecto a una planta C3.
25	Resumen de las Funciones del Gen:	- La expresión errónea del clon Ceres 2702830 con un potente promotor constitutivo (35S), da como resultado unas plantas que son mayores y más verdes en diversas condiciones de nitrógeno y carbono. - El evento que mostró una ligera tolerancia a las condiciones de ausencia de nitrógeno contenía múltiples insertos, mientras que el otro evento, que respondió a las condiciones de ausencia de nitrógeno contenía sólo un inserto. Es posible que un evento que contiene múltiples insertos de este gen particular no tiene capacidad para superar al inhibidor, sino que muestra una ligera respuesta a las diversas condiciones de nitrógeno. - Estas plantas no presentan ningún fenotipo nocivo en condiciones de cultivo normales o de stress.
30		
35	Comentarios sobre las funciones del gen:	- La expresión errónea del clon Ceres 2702830 bajo el control del promotor 35S induce la tolerancia a las condiciones de carbono. - Las líneas de Plantas, con heterocigóticos u homocigóticos para el clon Ceres 2702830, no presentan ningún fenotipo nocivo en condiciones de cultivo normales o de stress.
40	Aplicabilidad del Gen/rasgo al Maíz y otras especies:	La modulación de este gen y de sus homólogos/ortólogos puede utilizarse para modular fenotipos y funciones similares en otras especies, asumiendo una conservación del proceso que controle el crecimiento vegetativo de las especies.
45	Secuencia del Nucleótido (de cDNA Ceres)	cDNA ID: 2702830 atggctccattgatgaagaaggctactcttgaagttgaagaatctcttatacaggaagaagtaaaattatatgctgaagatggttcaatagatattc atggaaccaccattgaagcagacaacaggaactggaagctgtccattcattttgcaaacgaatgctgcgaacgggttgcttattatggaatt gccaagaattctcatcacgtacttcacaaatgaattgcagactaatgtttctgctgctagacacgtcatgacatggaacaggaacatgttacatcact cctctattggagcttaataagctgatgcttactggggaagatattggactattgctgtttctgctccatttattcaccggaatggtgcattgacacttca gcttcagttccgggtcttaagccagcgaatgcattggtctctatgtccaccagcaacaatggttcagttcaggtttatttcagggttaccctatcg ctctggcactggaggaatcaaccatggtctcatccttgggtgctgacagtttgataagaccgatacgaacgaacgagtcagaaaagcttctttt aactggttttacttactatcaacattggtgctttgtttcatctactgttctagtttgattcaagagaattatggatgggaattagattcttgatacctaccg tgttcatgggactgtctactatgagtttcttcttggcagcgctttatagatttcagaacccgagaggttagcccgattactagcgtctgccaagttctgt agccgcataccgtaaatcgaatctcaagggtccctgaagactccacggacgaaggagatgcaaacactaaccggtggaagctatgtaccgtgact caagtcgaagaagtaagattctgttacgtttgtgtccctattgggctcaggaaatcatcttctcagttctccattcacagatttactcttctgttcaaca aggacggtgcatgaacgaaccatcggttattcgaaatccctcccgaactctcgggatgttcgacactgcaaggtttctatctgttcccaatcta tgaccgcgtcatgctccctagttagacggttcacagggttagctaaaggattcaccgagctacaaagaatggggattggtctttttgctctgtttga gcttgacatttgacgtatcggttagacggttcggttacagtttagcttagatctgtatgtaggaagtgagacattgtccattaaacatctttggc aaatccctcagtttttaattgggactgctggagttttcttctgttgggaggattgagttttctatgagcaatctccagattcaatgagaagctgtgta gtgctgggctcttctactactactaggaactactgagctgtgacattaccctgtggcgtatttgagcggaaagattgttggttcttcag acaacattaacaatggacatcttgattacttcttggcgtttgtgagctgtgtaacatacctgtttgttcttctctgtgaaatatactcatatga aggtttga
50		
55		
60		
65	Secuencia proteínica:	MASIDEERSLLEVEESLIQEEVKLYAEDGSIDHGNPPLKQTTGNWKACPFIFANECCERLAYYGIAKNLIT YFTNELHETNVSAARHVMWQGTCTYITPLIGALIADAYWGRYWTIACFSAIYFTGMVALTSLASVPGLKPA ECIGSLCPPATMVQSTVLFSGLYLIALGTGGIKPCVSSFGADQFDKTDPSERVRKASFFNWYFTINIGAF VSSTVLVWIQENYGWELGLIPTVFMGLATMSFFFGTPLYRFQKPRGSPITSVCQVLVAAYRKSNLKVPE

ES 2 364 152 T3

	DSTDEGDANTNPWKLCTVTQVEEVKILLRLVPIWASGIIFSVLHLSQIYTLFVQQGRCMKRTIGLFEIPPATL GMFDTASVLISVPIYDRVIVPLVRRFTGLAKGFTELQRMGIGLFVSVLSLTFAAIVETVRLQLARDLDELVES GDIVPLNIFWQIPQYFLMGTAGVFFVVGRIEFFYEQSPDSMRSLCSAWALLTTTLGNYLSSLIITLVAYLSG KDCWIPSDNINNGHLDYFFWLLVSLGSVNIPVFFVFSVKYTHMKV*
5	Secuencias Homóloga/Ortóloga:
10	>gi 30696666 ref NP_176411.2 familia de proteínas de transporte de oligopéptidos dependiente de protones (POT) [Arabidopsis thaliana] >gi 16604436 gb AAL24224.1 At1g62200/F19K23_13 [Arabidopsis thaliana] MVNSNEEDERRILDVEESLLTQEEVNNHLTGLSSTAEDGSIDIYGNPPSKKKTGNWKACP FILGNECCERLAYYGIAKNLITYTSELHESNVSAASDVMIWQGTCTYITPLIGAVIADSY WGRYWTIASFSAIFYFIGMALLTSLASLPVLKPAACAGVAAALCSPATTVQYAVFFTGGLYL IALGTGGIKPCVSSFGADQFDDTDPREVRKASFFNWFYFSINIGSFISSTLLVWVQENV GWGLGFLIPTVFMGVSIASFFIGTPLYRFQKPGGSPITRVCQVLVAAYRKLKLNLPEDIS FLYETREKNSMIAGSRKIQHTDGYKFLDKAAVISEYESKSGAFSNPWKLCTVTQVEEVKT LIRMFPIWASGIVYSVLYSQISTLFVQQGRSMNRIIRSFEIPASFGVFDTLIVLISIPI YDRFLVPFVRRFTGIPKGLTDLQRMGIGLFSLVLSIAAAAIIVETVRLQLAQDFVAMSIFW QIPQYILMGIAEVFFFIGRVEFFYDESPDAMRSVCSALALLNTAVGSYLSLILTLVAYF TALGGKDGWVPDDLKNGHLDYFFWLLVSLGLVNIPVYALICVKHTKKKAL
20	>gi 15226861 ref NP_178313.1 transportador de péptidos (PTR2-B) / transportador de oligopéptidos 1-1, putativo (OPT1-1) [Arabidopsis thaliana] >gi 1172704 sp P46032 PT2B_ARATH Transportador de péptidos PTR2-B (proteína de transporte de la Histidina) >gi 25410955 pir C84432 proteína de transporte de la Histidina (PTR2-B) [importado] - Arabidopsis thaliana >gi 633940 gb AAB00858.1 transport protein >gi 4406786 gb AAD20096.1 proteína de transporte de la histidina (PTR2-B) [Arabidopsis thaliana] >gi 13937185 gb AAK50086.1 At2g02040/F14H20.11 [Arabidopsis thaliana] >gi 23506067 gb AAN28893.1 At2g02040/F14H20.11 [Arabidopsis thaliana] MGSIEEEARPLIEEGLILQEVKLYAEDGSVDFNGNPPLKEKTGNWKACPFILGNECCERL AAYGIAGNLITYLTTLKHQGNVSAATNVTTWQGTCTYITPLIGAVLADAYWGRYWTIACFS GIYFIGMSALTLSASVPALKPAECIGDFCPSATPAQYAMFFGGGLYLIALGTGGIKPCVSS FGADQFDDTDSRERVRKASFFNWFYFSINIGALVSSSLLVWIQENRGWGLGFGIPTVFMG LAIASFFFGTPLYRFQKPGGSPITRISQVVASFRKSSVKVPEDATLLYETQDKNSAIAG SRKIEHTDDCQYLDKAAVISEEESKSGDYSNSWRLCTVTQVEELKILIRMFPIWASGIIF SAVYAQMSTMFVQQGRAMNCKIGSFQLPPAALGTFDTASVIIWVPLYDRFIVPLARKFTG VDKGFTEIQRMGIGLFVSVLCMAAAAIVEIIRLHMANDLGLVESGAPVPISVLWQIPQYF ILGAAEVFFYFIGQLEFFYDQSPDAMRSLCSALALLTNALGNYLSSLILTLVYFTTRNGQ EGWISDNLNSGHLDYFFWLLAGLSLVNMAVYFFSAARYKQKKASS
35	>Clon Ceres:36238 Organismo:3769 Solapado:1 FL5:1 FL3:1 MGSIEEEARPLIEEGLILQEVKLYAEDGSVDFNGNPPLKEKTGNWKACPFILGNECCERL AAYGIAGNLITYLTTLKHQGNVSAATNVTTWQGTCTYITPLIGAVLADAYWGRYWTIACFS GIYFIGMSALTLSASVPALKPAECIGDFCPSATPAQYAMFFGGGLYLIALGTGGIKPCVSS FGADQFDDTDSRERVRKASFFNWFYFSINIGALVSSSLLVWIQENRGWGLGFGIPTVFMG LAIASFFFGTPLYRFQKPGGSPITRISQVVASFRKSSVKVPEDATLLYETQDKNSAIAG SRKIEHTDDCQYLDKAAVISEEESKSGDYSNSWRLCTVTQVEELKILIRMFPIWASGIIF SAVYAQMSTMFVQQGRAMNCKIGSFQLPPAALGTFDTASVIIWVPLYDRFIVPLARKFTG VDKGFTEIQRMGIGLFVSVLCMAAAAIVEIIRLHMANDLGLVESGAPVPISVLWQIPQYF ILGAAEVFFYFIGQLEFFYDQSPDAMRSLCSALALLTNALGNYLSSLILTLVYFTTRNGQ EGWISDNLNSGHLDYFFWLLAGLSLVNMAVYFFSAARYKQKKASS*
40	>gi 1076331 pir S46236 proteína de transporte de la histidina - Arabidopsis thaliana >gi 510238 emb CAA54634.1 transportador de oligopéptidos 1-1 [Arabidopsis thaliana] >gi 744157 prf 2014244A Transportador de Histidina MGSIEEEARPLIEEGLILQEVKLYAEDGSVDFNGNPPLKEKTGNWKACPFILGNECCERL AAYGIAGNLITYLTTLKHQGNVSAATNVTTWQGTCTYITPLIGAVLADAYWGRYWTIACFS GIYFIGMSALTLSASVPALKPAECIGDFCPSATPAQYAMFFGGGLYLIALGTGGIKPCVSS FGADQFDDTDSRERVRKASFFNWFYFSINIGALVSSSLLVWIQENRGWGLGFGIPTVFMG LAIASFFFGTPLYRFQKPGGSPITRISQVVASFRKSSVKVPEDATLLYETQDKNSAIAG SRKIEHTDDCQYLDKAAVISEEESKSGDYSNSWEDLCTVTQVEELKILIRMFPIWASGII FSAVYAQMSTMFVQQGRAMNCKIGSFQLPPAALGTFDTASVIIWVPLYDRFIVPLARKFT GVDKGFTEIQRMGIGLFVSVLCMAAAAIVEIIRLHMANDLGLVESGAPVPISVLWQIPQY FILGAAEVFFYFIGQLEFFYDQSPDAMRSLCSALALLTNALGNYLSSLILTLVYFTTRNG QEGWISDNLNSGHLDYFFWLLAGLSLVNMAVYFFSAARYKQKKASS
55	>gi 25404366 pir E96648 proteína hipotética F19K23.13 [importado] - Arabidopsis thaliana >gi 2160144 gb AAB60766.1 Gran similitud con el transportador de oligopéptidos de la Arabidopsis (gb X77503). [Arabidopsis thaliana] MFKILTTKIQSFFCLNISGGTEDGSIDIYGNPPSKKKTGNWKACPFILGNECCERLAYYG IAKNLITYTSELHESNVSAASDVMIWQGTCTYITPLIGAVIADSYWGRYWTIASFSAIFY IGMALLTSLASLPVLKPAACAGVAAALCSPATTVQYAVFFTGGLYLIALGTGGIKPCVSSF GADQFDDTDPREVRKASFFNWFYFSINIGSFISSTLLVWVQENVGWGLGFLIPTVFMGV
60	
65	

ES 2 364 152 T3

5	SIASFFIGTPLYRFQKPGGSPITRVCCQLVAAYRKLKLNLPEDISFLYETREKNSMAGS RKIQHTDAAVISEYESKSGAFSNPWKLCTVTQVEEVKTLIRMFPIWASGIVYSVLYSQIS TLFVQQGRSMNRIIRSFEIPASFGVFDLTLVLISIPYDRFLVPFVRRFTGIPKGLTDL QRMGIGLFLSVLSIAAAAIVETVRLQLAQDFVAMSIFWQIPQYILMGIAEVFFFIFGRVEF FYDESPDAMRSVCSALALLNTAVGSYLSLILTLVAYFTALGGKDGWVPDDLNLKGHLDYF FWLLVSLGLVNIPVYALICVKHTKKAL
10	>Clon Ceres:1095860 Organismo:3708 Solapado:0 FL5:1 MGSIEEESPLIEEGLISQEPKLYAQDGSVDLHGNPPLKEKTGNWKACPFILGNECCERLA YYGIAGNLITYLTTLKLHQGNVSAARNVTTWQGTCTYLTPLIGAVLADAYWGRYWTIACFSG IFYFIGMSALTLSASVPALKPAECIGGFCPSATPAQYAMF
15	>gi 6635838 gb AAF20002.1 transportador de aminoácidos/péptidos [Prunus dulcis] MGSLEEEERSLLEDGLIODETNGLYTGDGSVDITGKPVLKQSTGNWXACPFILGTECCERL AFYGIISTNLVTYLTHKLHEGNVSAARNVTTWSGTCYLTPLIGAVLADAYWGRYWTIAIFS TIYFIGMCTLTISASVPALKPPQCVDSDVCSASPAQYGVFFFGLYLIALRTGGIKPCVSS FGADQFDDTDSRERVKKGSFFNWFYFSINIGALVSSTLIVWVQDNAGWGLGFGIPALFMG IAIVSFFSGTPLYRFQKPGGSPLTRMCQVLVASFRKWNLDPVPRDSSLLYETQDKGSAIKG SRKLEHSDENCLDKAAVISETETKTGDFSNPWRICTVTQVEELKILIRMFPIWATGIVF SAVYAQMSTMFVEQGMMDTSVGSFTIPASLSSFDVISVIFWVPIYDRFIVPIARKFTG KERGFSELQRMGIGLFLSVLCMSAAAVVEMKRLQLATELGLVDKEAVPLSIFWQIPQYF LLGAAEIFTFIGLEFFYDQSSDAMRSLCSALSASDDFIGKLSLSEFSDIVTYFTTQGGK AGWIPDNLNDGHLDFYSGS
20	>Clon Ceres:563919 Organismo:3847 Solapado:0 FL5:0 MFPIWATGIIAAVYAQMSTLFVEQGTMMNTCIGSFKLPPASLSIFDVISVVLWVPLYDR IIVPILRKFTGKERGLSMLQRMGIGLFISVLCMLAAAVVEIMRLQLARELDLVDKPVDP LSVLWQIPQYFFLGAAEVFTFVGQLEFLYDQSPYGMKTLGTALTLLNFSLGNLSSFLT MVTYFTTLDGKPGWIPDNLNLKGHLDFYFLLLAGLSFLNMSLYIVAAKRYKQKKAC*
25	>Clon Ceres:720944 Organismo:3847 Solapado:1 FL5:0 FL3:1 VEQGTMMNTNFGSFRIPASLSSFDVISVIFWVVPYDRIIVPIARKFTGKERGFSELQRM GIGLFISVLCMSAAAIVEIVRLKVAKEHGLVDEPVPVPLNIFWQIPQYFLLGAAEVFTFV GQLEFFYDQSPDAMRSLCSALSLLTSLGNLSSFLTIVVYFTTQGGNPGWIPDNLNKG HLDYFFWLLAGLSFLNTFVYIVAAAXRYKQKKX*
30	>gi 31088360 gb AAP44102.1 transportador de péptidos 1 [Vicia faba] MGSVEDDSSRLEEALIQDEESKLYTGDGSVDFKGRPVLKKNNTGNWKACPFILGNECCERL AAYGIATNLVKPILLAKLHEGNVSAARNVTTWQGTCTYLAPLIGAVLADSYWGRYWTIAIF SMIYFIGMGTLTLASIPALKPAECLGAVCPPATPAQYAVFFIGLYLIALGTGGIKPCVS SFGADQFDDTDSRERVKKGSFFNWFYFSINIGALISSFVWQENAGWGLGFGIPALFM GLAIGSFFLGTPLYRFQKPGGSPLTRMCQVVAASFRKRNLTVPEDSSLLYETPDKSSAIE GSRKLQHSDELRLCDRAAVISDDERKRGDYSNLWRLCTVTQVEELKILIRMFVWATGIV FSAVYAQMSTMFVEQGTMMMDTSVGSFKIPAASLSTFDVISVIFWVVPYDRIIVPIARKFT GKERGFSELQRMGIGLFISVLCMSAAAIVEIKRLQLAKELDLVDKAVPVPLTIFLQIPQY FLLGAAEVFTFVGQLEFFYDQSPDAMRSLCSALSLLTSLGNLSSFLTIVVLYFTTRGG NPGWIPDNLNLKGHLDFYFSLAGLSFLNMFLYIVAAKRYKSKKAS
35	>gi 4102839 gb AAD01600.1 LeOPT1 [Lycopersicon esculentum] MKYLSKNGGLLEDENSGLYTRDGSVDIKGNPVLKSETGNWRACPFILGNECCERLAYYG IAANLVTYLTKKLHEGNVSAARNVTTWQGTCTYITPLIGAVLADAYWGRYWTIATFSTIYF IGMCTLTLASVPAPKPPQCVCVGSVCPSASPAQYAIFFFGLYLIALGTGGIKPCVSSFGAD QFDDTDPKERVKKGSFFNWFYFSINIGALISSLIWQENAGWGLGFGIPAVFMGIAIA SFFFGTPLYRFQKPGGSPLTRMCQVLVAVFHKWNLSPVDDSTLLYETPDKSSAIEGSRKL LHTDELRLCDKAAVSDNELTTGDYSNAWRLCTVTQVEELKILIRMFPIWATGIVFSAVY AQMSTMFVEQGMVMDTAVGSFKIPAASLSTFDTISVIVWVVPYDKILVPIARRFTGIERG FSELQRMGIGLFLSMLCMSAAAIVEIRRLQLARDLGLVDEAVSVPLSIFWQIPQYFILGA AEIFTFIGQLEFFYDQSPDAMRSLCSALSLLTTALGNLSSFLTIVVTSITTRGGKPGWI PNNLNGGHLDFYFWLLAALSFFNLVIYVFLCQMYKSKKAS
40	>gi 4322327 gb AAD16016.1 transportador de péptidos [Nepenthes alata] DQFDDTDPREIKKGSFFNWFYFSVNIGALISSLIWVQENLGWALGFGIPAISMGIAI ASFFSGTALYRLQKPGGSPLTRMCQVLVASFRKSKLALPEDSNLLYETSDENSVIEGGRK LEHTNDLKDCAAVVSDKEIKCEDFSNPWRLCTVTQIEELKILIRMFPIWATGIVFSAI YAQMSTMFVEQGEVMDRTIGSFTIPAASLSMFDTISVIFWVVPYDKILVPLARKSTGKQR GFSELQRMGIGLFISILSMAAAALVEMKRLQLAKELGLVDEDAVPLSIFWQIPPYF
45	>gi 6409176 gb AAF07875.1 transportador de nitratos [Oryza sativa] MDSSYQHDKPLLDEENSSQVTLEYTGDGSVCIRGHPALRKHTGNWKGSLSAIVSFCSYL
50	
55	
60	
65	

ES 2 364 152 T3

5	AFTSIVKNLVSYLTKVLHETNVAAARDVATWSGTSYLAFLVGAFLADSYLGKYCTILIFC TIFIIGLMMLLLSAAVPLISTGPHSWIWTDPVSSQNIIFVGLYMVALGYGAQCPCISS FGADQFDDTDENERTKKSSFFNWTFVANAGSLISGTIVVWVQDHKGWVGFTISALFVY LGFGTFIFGSSMYDFRNL EEAPLARICQVVVAIIHKRDKDLPCDSSVLYEFLGQSSAIEG SRKLEHTTGLKFFDRAAMVTPSDFESDGLLNTWKICTVTQVEELKILIRMFVPWATMILF AAVLNMFSTFIEQGMVMEKHIGSF EIPAASFQSIDVIAVLILVPVYERVLVPVFRKFTG RANGITPLQRMGIGLFFSMLSMVSAALVESNRLRIAQDEGLVHRKVAVPMSILWQGPQYF LIGVGEVFSNIGLTEFFYQESPDAMRSLCLAFSLANVSAGSYLSSFIVSLVPVFTAREGS PGWIPDNLNEGHLDRFFWMMAGLCFLNMLAFVFCAMRYKCKKAS
10	>Clon Ceres:920902 Organismo:4565 Solapado:0 FL5:0 IYFIGMSVLTLSASVPMLMPPSCEGAICPEASPLQYTVFFLGLYLIALGTGGIKPCVSSF GADQFDDTDAERI QKGSFFNWTFYSINIGALISSSFLVWVQDNLGWGLGFGIPTVFMGL AIISFFAGTSLYRFQKPGGSPITRVCQVVAATLRKW
15	>Clon Ceres:796182 Organismo:4565 Solapado:0 FL5:1 MDAAEETRLLLQEDGDQDASLYTGDGSVDIKGRPATRRDTGNWRACVFLGNECCERLAY YGIANKLVTYLKIKLHQGNLEAARNVTTWQGT CYLSPLIGAILADSYWGKYWTIAVFSSI YFIGLAVLTLSASLPALQPPSCLGTVC
20	>Clon Ceres:880045 Organismo:4565 Solapado:0 FL5:0 KILVRMFVPWATTIVFSAVYAQMSTMFVEQGMVLDPTIGSFKIPPASLSTFDVVSIIWV PIYDSILVPIARRFTGKERGFSELQRMGIGLVISILAMSAAAVLEIKRLAIARXXHLVDQ NVPVPLSILWXIPQYFLVGASEVFTFIGAPE
25	>Clon Ceres:1411520 Organismo:311987 Solapado:0 FL5: MAGAERAEVALEQGLLDPEESNQVVYTG DGSVDFSGNPVVKERTGRWKACPFILGNECC ERLAYYGISTNLV TYLTKKLHAGNASAASSVTTWSGTCYLTPLIGAILADAYWGRYWTIA TFSTVYFIGMTLLT LSASVPMLMPPSCEGSFCPAASPFQYTVFFLGLYLIALGTGGIKPC VSSFGADQFDDTDAERI QKGSFFNWTFYSINIGALISSSFLVWVQDNLGWGLGFGIPTV 30 FMGLAIISFFSGTSLYRFQKPGGSPITRVCQVIVASLRKWNVPVPEDSSLLYELPNGVST IEGSRQIEHTDELRC LDKAATVTEVDVKTADFNNPWRICTVTQVEELKILVRMFVPWATT IVFSAVYAQMSTMFVEQGMVLDPSLGSFKIPPASLSTFDTL SVIICVPMYDYIVVPIARR FTGNERGFTELQRMGIGL VISIMAMSVAAVLEIKRLAVAREAHLDQNVPLSIFWQIP QYFLIGLAEI FTFIGALEFFYDQSPDAMRSLCSALNLLTAFGNLYSTFILTMVAYFTTR 35 GGNPGWIPDNLNEGHLDYFLLIAGISFLNLIVYVLCAGKYKSKKAA*
40	>Clon Ceres:325604 Organismo:311987 Solapado:1 FL5:1 FL3:1 MDEAAGLLQEEGGGGDQEALLPLPQDVGLYTG DGSVDVKGRPALKGTTGNWKACFFIL GNECCERLAYYGIAKNLV TYLKVKLHLGNLEAARHVTTWQGT CYLTPLVGGILADSRWGK YWTIAVFSSVYFIGLAILT LSASVPALQPPSCLRTVCPEASLLQYGIFFGGLYMIALGTG GIKPCVSSFGADQFDDTDAERAKKGSFFNWTFYCINIVSFISGTMIVWIQDNTGWGIGF AIPTIFMALAISFFFSASNKYRFQKPGGSPLTRVCQVVAIAFRKWHIEVPHDTSLLYEVD GQTS AIEGSRKLEHTNELEFLDRAAVISSADLKSESFTDPWKLCTVTQVEELKILIRMF 45 IWATTIIFSAVYAQNSSMFIEQGMVLDKRIGSFNIPPASLSTFDVISVIMWVPLYDRILV PLARKFTGREKGFSELQRMGIGLVLSILAMLSAALVELKRLEIARSEGLIHEKAAPMSI LWQIPQYFLVGAAEVFTCIGQVEFFYDQAPDAMRSLCSALALITVSLGNYISSIILTVS YITTQGGDPGWIPDNLNEGHLDRFFWLIAGISFVNLIVYMGCAVRYRYKKAS*
50	>Clon Ceres:351164 354948 Organismo:311987 Solapado:1 FL5:1 FL3:1; Organismo:311987 Solapado:0 FL5:1 MEAAADEERPLIQYLAPEDDEASSRYTSDGTL DINNQRALKKSTGNWRACFMILGTEFAE CLAFYATAKNLV TYLTAE LGESNIDAATNVSTSIGSCYLTPLIGAFADTYWGRYKTMIV FLLLYIVGMLTLTASAWLPLAMEDDSPNNSGLRRATAYLGLYLVS LGTGGIKPCTAALGA DQFDGGDAAERVTKASFFNWYFCTNIGSLLSGTVLVWVQENIGWVGFTVQTVFMLFGL AVFVAGRKYVRYKKLGGSPLTRVAQVVAAVRNCHLVLPDDTSALYHDKLLPTEPNFRIE 55 SARQFRFFDKAAIITGEKGAAAPTSPWRLCTVSQVEELKMLLRLLPVWASMLFFAVSAQ TVTTFIEQARVMDNRIGPFIIPPASIA TFDVISVMVCVPYDAVLVPLARRATGNDRGLS QLHRLSIGIALSVVVMVYAALLEGRRLLALARANMPAMNIAWQAPMAFVHGAAAVFATVGV LEFFYDQSPDGMKSLGNALALLSMAAGSYFNSLALSTVG VITASGGGERGWLPDDL NKGHM DYFFWMMMAALGTLNLLHFLHYCNRRYTGNNTTS*
60	>Clon Ceres:291491 Organismo:311987 Solapado:1 FL5:1 FL3:1 MAGAERAEVALEQGLLDPEESNQVVYTG DGSVDFSGNPVVKERTGRWKACPFILGNECC ERLAYYGISTNLV TYLTKKLHAGNASAASSVTTWSGTCYLTPLIGAILADAYWGRYWTIA TFSTVYFIGMTLLT LSASVPMLMPPSCEGSFCPAASPFQYTVFFLGLYLIALGTGGIKPC VSSFGADQFDDTDAERI QKGSFFNWTFYSINIGALISSSFLVWVQDNLGWGLGFGIPTV 65 FMGLAIISFFSGTSLYRFQKPGGSPITRVCQVIVASLRKWNVPVPEDSSLLYELPNGVST IEGSRQIEHTDELRC LDKAATVTEVDVKTADFNNPWRICTVTQVEELKILVRMFVPWATT

ES 2 364 152 T3

	IVFSAVYAQMSTMFVETRGA*
5	>Clon Ceres:281642 Organismo:311987 Solapado:1 FL5:1 FL3:1 MEEGGEHTSLLVKDDASCHGEETQSLLEANLGPQLKSKCSDWRAPALILGLECLESMAFN GIATNLVVYLRSLVHGGIASSAATVSLWYGTSTFFVPILGAAIADTCLGNYKTILISLIMY LFGIVLITVATFMPSTSVLDCVSSCLSSNGTQTMIFAGLYLTAVGCGGVRSALLPFGAN QFNNENSLDIKKRRNFFSLFYICVIFGVITSGTIIVWVQENVSWAIGYGVATTTCIGLALI GFLVGTPIFQDEPCGSPVKISIFQVIVASFRNMSLEVPADSCLLYEVGSNHIQRTKLAHS DDFRFLDKAAVISDPSLVYGGCRSSWSICTVTEVEELKILIRLLPIWVTGIFFGAAISQM 10 HTTFIQQGTVMMDTKIGSLSIPPASLYSFEVICVTLVWLAVNKLVLPAIRTYFANGVELTQ LQRIGIGRFLMIFAMAMAALLETKRLHIVQEGELLISVWQLPQYFVIAGAEFCGIITQLE FFHQQAPDSMKSLTAFALLTTALGNYLSSAITLIAGVTRVWHSPGWIPDDLKNGHLDY YYWCLTTLVLNVFVYLYFASKYKLLKVVV*
15	>Clon Ceres:352232 Organismo:311987 Solapado:1 FL5:1 FL3:1 MTVLTASALLPLLMGASYRSRAHRLSAYLGLYLAALGTGGIKPCVCALGADQFDASDPVE RRAKGSFFNWYFYSINIGSLLSATVVVWVQDNVGVGVGFAIPTLLMLSGLVLFVAGRKVY RYQRVGGSPLTRASQVVVAVRNYRLVLEPDDSSAALLHQAPPGTTEGNYSTMQHTSQF RFLDKAAIVAASSGEKGATASPWRLCTVSQVEELKTVLRMFVWVSMVLFFAATAQMSST FIEQGETIDNRVGPFTVPPASLSTFDVISVMVCIPYDKALVPLARRATGKERGLSQLQR 20 LGVGLASLVAGMVYAALLLARRLLSARAAAGGRPPMSIMWQAPAFVLAGAEVFATIGIL EFFYDQSPDGMKSLGTALQALVAAGNYFN SAVLA AVAVTTRNGEAGWIPDDLKNGHLD YFFWFMAVLGVVNLHLHLCVRYRGSSNNSTYSS*
25	>gi 15076661 dbj BAB62326.1 transportador de péptidos [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)] >gi 15076663 dbj BAB62327.1 transportador de péptidos [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)] MAEVTVVRAEREEESTLEQGLLAIPEESNQLTYTGDGSVDFSGNPVVKERTGRWRACPI LGNECCERLAYYGISTNLVLYTKKLHDGNASASNVTAWQGTCTYLTPLIGAILADAYWG RYWTIATFSTIYFIGMAVLTLASVPTFMPPPCGSGFCPPANPLQYTVFFLGLYLIALGT GGIKPCVSSFGADQFDDTDPVERIQKGSFFNWYFYSINIGALISSFLVWVQDNIGWGIG 30 FGIPITIFMGLAIISFFSGTSLYRFQKPGGSPITRVQVWVVASFRKWNVHVPEDSSRLYEL PDGASAEIGSRQLEHTDELRLCDKAATITDLVKADSFTNPWRICVTQVEELKILVRMF PVWATTIVFSAVYAQMSTMFVEQGMMLDTSVGPFIKPPASLSTFDVSVIIVWVPLYDSIL VPIARRFTGNPRGFTLQRMGIGLVISIFSMAAAVLEIKRLDIARAELVDQNVPLN ICWQIPQYFLVGASEVFTFVGSLEFFYDQSPDAMRSLCSALQLVTTALGNYLSAFILTLV AYFTTRGGNPGWIPDNLNQGHLDYFFWLLAGLSFLNFVIYVICANKYKSKKAA
35	>gi 37530506 ref NP_919555.1 LeOPT1 putativo - transportador de oligopéptidos [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)] >gi 14029038 gb AAK52579.1 LeOPT1 putativo - transportador de oligopéptidos [Oryza sativa] >gi 31429847 gb AAP51842.1 LeOPT1 putativo - transportador de oligopéptidos [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)] MAAIEERPLLQSQDVGSEYTRDGSVDINKEPALKHSTGNWRACFLILGVEFCENMTY 40 FVISRNLVTFLTTLHESKVDAARNVSAWVGACFLTTPVVGAFADTYWGRYWTIVVFLPV YITGMLIVTVSASLPMFLTSTSEHGNVHRSVYVLYGLYLAALGSGAMKPCTSSFGADQFDDT DLEELPKKASFFSWSFYMTTVSTLLSSTVLVWLQDNVGVGVGCAIPTVFMISFPVFIAG SRVYRFRNLGFSPLKSLCQVIVAARVCKHLQLPENKSLLYEPSNSSTTEASHKIQPTNQ FRFLDKAAIVLPPSDETCIKPMSSWSLCTVTQVEELKMLLRMFPTWASFVIFFAVNGQMS 45 STFIEQGMAMDNHVGSAFIPASLTIIAVLSVLVLPVYIEISVPLVKHFTGQDKGFSHA QRIGIGLSLSMIMMVYAALLEMKRLAIVQSSGLADHNVAAPMSILWQTPAYFLQGVSEIF SCIGMSQFFYDQAPDSMKSVCAALGQLAIASGAYFNTFVLGAVAVITSSGAPGWIPDNL NEGHLDYFFWMMATLSLLNLAMFVYSSTRHRENTAS
50	>gi 37530502 ref NP_919553.1 LeOPT1 putativo - transportador de oligopéptidos [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)] >gi 14029036 gb AAK52577.1 LeOPT1 putativo - transportador de oligopéptidos [Oryza sativa] >gi 31429845 gb AAP51840.1 LeOPT1 putativo - transportador de oligopéptidos [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)] MEAADEERAPLLQPQPQPSRGDADSEYTGDSVDVNNQPAKLRSTGNWRACFMILGVEFS 55 ENLAYYYGISKNLVLYTKLHESKVNAARNSSAWSGACYLTPLFGAFLADTYWGKYRTVL TFLPIYILGLLTLMASTSLPSSMTSSDAGHQLHSVAVYVLYGLYLVAFNGGVKPKCTSAFGA DQFDGGDAAELRRKGSFFNWYTFMINSGSLLASTVLVWLQDNVGVGVGSAFVIVVVVMAFFL AVFFAGSRVYRYPVRGSPLTGVCQVVAARVCKHLELPDDSSLLYEAQVADHRIKHTDQ FRFLDKAAIVVTPSSLSGEKGNVAAAAAPVSRWRQCTVTQVEEVKMLVRMCPIWACLVLV 60 FSVSSQMSSTLVEQGTAMDNRVGPFTIPPASLATFHSIGVLLWIPVYDVALVPLARRATG KPKGITQLQRIGVGLAVAALIMAYSALVEERRLAARAGAARTSILWQVPAQLMHGMVAV FTSIGKSEFFYDQAPRSMRSMCTALGQLAIAAGNYLSAFLAVVASATTRGGDPGWIPDD LNKGHLDYFFWLMAALLLLDLLLVFCAMRYKGSTAAS
65	>gi 37530498 ref NP_919551.1 LeOPT1 putativo - transportador de oligopéptidos [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)] >gi 14029034 gb AAK52575.1 LeOPT1 putativo - transportador de oligopéptidos

ES 2 364 152 T3

5	[Oryza sativa] >gi 31429843 gb AAP51838.1 LeOPT1 putativo - transportador de oligopéptidos [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)] MEAGAADEETPLIQQLPPEEQCSQYTCDDGTVNSDKKPKALKQSTGHWACFFILGAQFAET LCFFMVSKNLVMYLTSALHESNIDAAQSVSIWIGTSFFTPLIGAFADTYWGRYWTTVIS LFIIIGMLIVTVSSSPLFLNSSYYNWNICRATVYTGLYLTAVGSGCMKPCIPAFGADQF DSADPVERLAKGSFFNWYFMSNVGSLSTLLVWVVANIGWSVGFAIPMLLSGFGALF FAGRKVYRYKKQGGSPLTRVSQVVAAVRNHRLLKLPDDSSLLHEVSKVTEDDYRTQLTTQ FRFFDKAAILSDISPACQWSPWRLCTVSQVEELKILLRMFPVWVSMVVFVVTQAQITSL IEQGMAMDGRVGPFTLPAASIAITFDVISVLVWVPVYDTVLVPLARRVTGKDRGISHLQRI GVGLALAAVAMAYSAVVEARRLGTAPAPVSIWQAPSYLVLGVAEAFSVIGMMEFFYEQS PESMKSCTALGQLAIAVANYLNSGVLVVAATAATRGAGWIPDNLDGHLDFYFFWMMMA VSVLNLHLHCSIRYRANNTLSS
10	
15	>gi 37530476 ref NP_919540.1 transportador de péptido putativo [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)] >gi 19920090 gb AAM08522.1 Transportador de péptido putativo [Oryza sativa] >gi 31429832 gb AAP51827.1 transportador de péptido putativo [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)] MANEEQRQWMDGEFGCQPVANIFFDFDLDPGEIHCNFFSFYDLFCSSDEEEGPGYTGNCS VDVKGNPASKTHTGKWKACYSILGGEFCGALAYYAVGTNLVSYLTKVQGGSNVTAASNIA AWQGNCYLTTILGAFLADSYWGRHRTIVVSLTFTFGMVLLTSAVVPPNMHRSMATFPQ EALSSLGLYMTALGLGGIWPVPTFGADQFDDTDVSEKAQKELFYNNWYFVAVNGGFFVAS TVIVWVQDNCGWGLGFIPTLFSVIGVVGFLASMRFYRYQKPGGSALTRICQVVAARFK VHVDVPDSSLLYEMPGKESAIKSRKLMHTDGLRFFDRAATITASDEASARPWKLCVT TQVEELKIFARMLPIFTLGVIFNTAEACFPLFVEQGGAMDNDHVAFAALPPASLTFTTCV CILVLAPTYDRVLMPAVSRLTGVRKGLSELHRIGVMVFAVLALAAAAVETARLRSVEA DAPAVSILWQAPQYVLVGVAKVFGVVGIEFAYEQSPDAMRSLCQACSLIMVTPGSYLLS AMLTIISSVTGGGGGHGGWIPENLNEGHLDRFFWLMAALQLINLIAFVCCAATYKRKLPT T
20	
25	
30	>gi 37530496 ref NP_919550.1 LeOPT1 putativo - transportador de oligopéptidos [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)] >gi 18597353 gb AAK52574.2 LeOPT1 putativo - transportador de oligopéptidos [Oryza sativa] >gi 31429842 gb AAP51837.1 LeOPT1 putativo - transportador de oligopéptidos [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)] MRGNLREQKVYHMEGADEERPLIHHLPPQECCSQYTCDDGTVDIDRRPALKHSTGNWRACF FILGAFTQCLCFSAVVKNLVRYLTSVLQESNVNAARSVSTWIGTCFFTPLIGAFADTF WGRYRTIVICLSVYSIGMLILTTASLPFLHDSYNNGDDIRRVAYLGLYLIALGAGGI KPCMSALGADQFDGADPVERVTGKSFFNYFFSNMGTLLSTTVLVWVQDNIGWGIGFAT PMLLMGFGLSMFVAGRRVYRYRKLGRSPLTRVSQVVVAAARNHRLKLPDDSSLLHELPSL TEGGYRIQHTTRFRFLDKAAIPSDSDDNVSPVQPDWRLCTVSQVEELKMLLRVFPVWASL LVFFVVTQMSSTLIEQSAAMDGRVGPFTVPPASLATFNVVAVLIWVPVYDAVLVPLARR ATGNDRGLSHLQRIQVGLALSAVAMAYSAQVERRRRRPAEEEEAMSIMWQAPCYLVLGMA EVFTSIGMLEFFYERSPGSMKSLGTSLAHLAVATANYLNSGVLGVVVAATAATRGAGWIP DNLDEGHLDFYFFWMMALVRSDWASAAGQTGGDLMPQESIAGDGSVNLDIR
35	
40	
45	>gi 37533590 ref NP_921097.1 transporte putativo de oligopéptidos dependientes de protones [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)] >gi 19920187 gb AAM08619.1 Transporte putativo de oligopéptidos dependientes de protones [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)] >gi 31431640 gb AAP53384.1 transporte putativo de oligopéptidos dependientes de protones [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)] MEASDEDRLIHHLPPQECCSKYTCDDGTVNIDSVFTECICFYGVSKNLVLYLTSVLHES NVNAAQSVSIWIGSCFFTPLIGAFADTYWGRYWTVMVMSILVILGMIVLTVSASPLFLN ASFYNGGISRLTVYLGLYLFALGTGGIKPNIPAFGADQFDGADPVERVTGKSFFNWYFVS INVGSLLSSTVVWVQDNIGWSVGFAQPMMLLGFGLAMFIAGRRAYRYKKLGGSPLTRVF QVLVAVRNHRLLNLPDDSSLLHELPGVTEGDYRTQHTYQFRFLDKAAILSDKNCAAPAS SPWRLCTVSQVEELKMLLRTPVWASLVGFFMVTAQMTSTLIEQGVAMDGRVGRFTVPPA SLATFDVVAVLALIPVYDAALVPLARRVTGRDRGVSHMQRIGVGLALSAVAMAYSALVEA RRLAMAAAAAGTRMSIAWQVPSFFVLGAGEVFAVIGMLEFCYEQSPASMKSLGTALVQLA VAVANYLNSGMLRVVAAATARGGGAGWIPDKLDEGHLDFYFFWMMMAALSVLNLLQLHLHCSI RFRGNNTLSSS
50	
55	
60	>gi 37537182 ref NP_922894.1 transportador de péptido putativo [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)] >gi 12039367 gb AAG46153.1 transportador de péptido putativo [Oryza sativa] >gi 31433701 gb AAP55180.1 transportador de péptido putativo [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)] MGMEGDAQLPLLHHQASASNQHYTKPPFNWKAPALILAFEFLESIAIYAGISLNLVYVLG TVLHGTASNAANVDTWNGTTFLTPVLGAFLADTYWGKYKTIAISTVFYLGILLVITASA VIPSLQAPCNGSSCPATGFQYFVFTALYLSVGTGGVKSALLPFGADQYNDNSNLEES KKKQSFSLFFIAINLGVFISGTVVVWIQNVAVSLGFGISSICLVVATVAFAGTPVYK VQLPSGSPLKSVVMVFAVSKKRKLEVPADNALLYEGDDADLSNGQSVKLAHTDGRFRLD
65	

ES 2 364 152 T3

5	KAADVVEEVEEINKDEGGGGGWLQCSVTQVEEVKILLRMLPIWVTSVLYAASLGQTATTF VQQGNAMNTKIGSFSPVPAASLNSAEVIFMMIWWVFQDQTVVPIARRYTGNPAGLTQLQRM GVGRLLAVPALAVALETWRLRSVRDGGNLSIAWQLPQFVILACSDVFCGIAQLEFFYS EAPVSMRSLCSAFSFLALSLGYVNSLVVSIVAVTTTSSNKGWLPADLNDGHLDDYYFWLW TGISAINFVVYAAFAKNYTVKRLAVPHSH
10	>gi 37530516 ref NP_919560.1 LeOPT1 putativo - transportador de oligopéptidos [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)] >gi 14029043 gb AAK52584.1 LeOPT1 putativo - transportador de oligopéptidos [Oryza sativa] >gi 21263200 gb AAM44877.1 LeOPT1 putativo - transportador de oligopéptidos [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)] >gi 31429852 gb AAP51847.1 LeOPT1 putativo - transportador de oligopéptidos [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)]
15	MAAAAAAAAAAEEDEEKRPILLRPNGGGGKEEDKGGGGGWACVLILGTELSDCCLAFAGIA RNLVSYLTGVVGESNVAAARDVSAWTGTCFLTPLVGAFIADSFLLGRRTTILLFLSIYSMG MITLTVSASFATPHLDASSDGVLRATVFLGLYLVALGVGGIKPCASPLGADQFDDDDAAP AARASFFNWYFCINVGSLLAATVLVWVQERAGWWLGFAIPAAMTAALAAFLFCSTLCG LRAFHTPPGSPLTRLCQVVVAVRNRGVLPDGSLLHQLPDGDYRIEHTNQFAFLDKA AVVASPPAVAMASPWMLCTVTQVEEVKMLRLSTVWPTVVFFAATAQMSSTFVEQKAM DTRVGPLDVPPATLSTFEVVSILLCPAYDAALMPLARRVTGDRRLSQLQRLGVGLALS ALAMAYSALLEASRRRRAATSIVWQAPSYMALGAAEVFTSVGLLEFFYDQAPDTIKSLCT AVSLVAVAAGSYLNSAIVAVVATAPEKGGGGGWIPDDLNRGRLCDFFWLMFGLSCVNL LAFVYSSTRYSYRVAN
20	>gi 37530472 ref NP_919538.1 transportador de péptido putativo [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)] >gi 19920088 gb AAM08520.1 Transportador de péptido putativo [Oryza sativa] >gi 31429830 gb AAP51825.1 transportador de péptido putativo [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)]
25	MNRHEEFTEWHVGTCLGQLAFFGVQYSLVTLTTQLRQGNAAARNFSMWQGTCTYIAPL AGAIVADSLGRYRTILAFFSIYIIGMGTMALSGASPAVISRSTQPAVFSLLGLYLMAIGA GCIKSCVGPFGADQFDGDDAMERPKKSSYFNWYFAMVVGALVSGSAVVWLQDNFGWLLG FGVPALCTVLAMASFLLSAMYRYHQPRGSQVVRACQVVVAVRKRNVLPHDGFVLYDG PAEEGRMAHTDQFSFLDKAAVAVAVPSSAAAQPWRLCTVTQVEELKAIVRMLPVWATGI VYCMVLVQQPLFPVQGRAMRRRLGVAFVPAASLNSVYAAAMLVLVPLVDAVVPAARRL TGSEERGLTELQRIGAGMALSVAAAMAAATVEGRRLAAAGEVSIWQVPQYVLLGASAVLA HIGQLEFFYNQAPDSMRSLCSALGHMTCSLSYLSVVVTVVSHATARGGSPGWIAADDID DGHLDFFFVLVAGLSSINLVFICCAKRYKYKDSIN
30	
35	>gi 41052964 dbj BAD07874.1 transportador putativo de nitratos NRT1 [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)]
40	MDAGDAMESGQRAALLPESHGPKTEDDSLQVPLLKDKKRGGSKAPAVLGFECLESTAFN GISTNLVYLETVLHGSNLASASNVTTWYGTSTYLPFGAIVADTFLGNYNTILISLAVY LLGMMLVTFSAPLATAALCAAGATCGTGAAAQTVAFVGLYLAVVSGGVRSSLLPFGA EQFDDDDSAADRERKAAFFSWFYLCVDFGLIVSGVLLVWIQQNVSWGLGFIATACIAVAF AAFVLATPMYKRRLPTGTPLKSLAQVVAAFRKVGMLPADAEELLEVSDKVDSQPKIAH TSEFTFLDKAAVSESDEERPEAASSWKLCTVTQVEELKILLRLLPIWATSIVSAAYS QMSTFLIQQGSAMDHIFSVVPAASLSSFQVLCVLTWVILYSKVIIPALRGFSSGAAG EPSQLQRMGAGRLLMALAMAVAALVETKRLNAAASGEAINIAWQMPQYFFLAGAEVFCYI AQLEFFFGAEPDTMKSTCTSLALLTIALGSYLSLLIYAVVEAFTATAGGHGWISDDLNGQ HLDYFFWMLAAMCTLNFFVYSGFAKNYKLTVLS
45	
50	>gi 34394564 dbj BAC83867.1 transportador de péptido putativo [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)] >gi 34394934 dbj BAC84485.1 transportador de péptido putativo [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)]
55	MDEAAAGQRASPLAKNDGSSYGEESQSLLEEQEPQVKTQSGWRAPSILGLECLESMA FNGIATNLVYIIRSVLHGGIASSASTSSLWYGTSTFFVPILGATIADTYWGNKYTVLISFI MYLLGTVFITVGAFLPSAPALCNTESCSSMNGTQHLVYFSGLYLTAIGCGGVRSSALLPLG ADQFNNDSSLDIQKRRNFFSLFYICVIFGVITSGTIVVWIQENVSWAIGYGVATACIALA LIGFLVGTPIFRRHEPHGSPVRSVFQVIVASFRNLALPADSSLLYEVRRKNTQKSEPK LAHTDDFRFLDKAAIMSDLSLDQDSCTSPWRICTVTQVEELKILIRLLPIWATGIFFCVG ISQMHTTFIQQGTVMNTKIGSLSIPAASLYSFEVICVTFWVFLVNKVIIPVTRACFANGA EMTQLQRIGRFLMIFAMAAIAAFLEMKRLESVQGGDQPLSIAWQLPQYFVIAGAEFTI ITQLEFFHGOAPDSMKSMLTAFALLTTALGNYFSSAIITLIARVTGTWHSPGWIPDDLNK GHLDDYYWCLAASAVNFVVYIYFASKYKLLKAVIQV
60	>gi 38567971 emb CAE75924.1 OSJNBa0093F12.12 [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)] >gi 39545860 emb CAE03938.3 OSJNBa0093F12.12 [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)]
65	MDAGEIIVAQSPRLYKSLTFRRIATKERTIPQDEEMKIRSPRFQDESLTAPFILDKKAR SKAPTAVLGFECLESTAFNGIATNLVYLETLLHGSNLASASNVTTWFGTSTYLPVFGAI IADTFWGNNTILVSLVFYLLGMMLVTFSAFLPTTALCTVVGSSCQQLLGAQTIAFLGL YLVAFGSGGVRAALLPFGADQFDDDDNTADRERKMSFFSWFYICVDFGMIVSGLFIVWIQQ

ES 2 364 152 T3

5	NVSWGLGFGIATACIALAFGGFVLATPMYKRRMPTGTPIKSLAQVVVAACRKARLRVPAD TTLLYEVHDKINQSKIAHTDQGFGLDKAAVVMESDLEESNDVAADASWRICTVTQVEEL KILLRLLPIWATSIVLSAAYAQLNTTFVQQGAAMNMRIMSFTIPPASMVSFEVLCVLAWV LMYSSVIVPMLNSLSLANGEPSQLQRMGAGRLLMAFAMAVAALVEMMRLDAAGRGESLSI AWQMPQYFALAGAEVFCYIAQLEFFYSEAPESMKSMCTSLALLTVALGSYMSSFIYAVVN AFTAVDGRPGWISDNLNEGMDYFFWVMAALCTLNFFVVSFAFARTYRVKLVVS
10	>gi 32141025 gb AAP70034.1 transportador de nitratos NRT1;2 [Oryza sativa (cultivar del grupo japonica)] MDAGEIIVAQPSRLYKSLTFRRRIATKERTIPQDEEMKIRSPRFQDESILTAPFILDKKAR SKAPTIVVLGFLESTAFNGIATNLVVYLETLLHGSNLSASNVTTWFGTSYHTPVFGA IADTFWGNNTILVSLVFYLLGMMLVTFSAFLPTTALCTVVGSSCQQLLGAQTIAFLGL YLVAFGSGGVRAALLPFGADQFDDNTADRERKMSFFSWFYICVDFGMIVSGLFIVWQQ NVSWGLGFGIATACIALAFGGFVLATPMYKRRMPTGTPIKSLAQVVVAACRKARLRVPAD 15 TTLLHEAHDKINQSKIAHTDQGFGLDKAAVVMESDLEESNDVAADASWRICTVTQIEEL KILLRLLPIWATSIVLSAAYAQLNTTFVQQGAAMNMRIMSFTIPPASMVSFGVLCVLAWV LMYSSVIVPMLNSLSLANGEPSQLQRMGAGRLLMAFAMAVAALVEMMRLDAAGRGESLSI AWQMPQYFALAGAEVFCYIAQLEFFYSEAPESMKSMCTSLALLTVALGSYMSSFIYAVVN AFTAVDGRPGWISDNLNEGMDYFFWVMAALCTLNFFVVSFAFARTYRVKLVVS
20	>gi 38567970 emb CAE75923.1 OSJNBa0093F12.11 [Oryza sativa (cultivar del grupo japonica)] >gi 39545859 emb CAE03937.3 OSJNBa0093F12.11 [Oryza sativa (cultivar del grupo japonica)] MDAGDAMERGQQLPESWNPQLQDDVSLTVPLIQDKKSGSKAPAVVLGFECLESTAFNGI ATNLVVYLETVLHGSSLASASNVTTWFGTSYLTVPVFGAIIADTFFGNNTILVSLVFYLL 25 GMVLVTFSAFLPTTALCAVAGSTSCQPVFGAQTIAFVGLYLVAFGSGGVRAALLPFGAE QFDDDNADVDRERKMSFFSWFYMCVDFGMIVSGLFIVWQQNVSWGLGFGIATVCAIAFG GFVLATPMYKRSMPTGTPLKSLAQVVVAACRKVSLRVPADAALLYEVHDKIDQPKITHTD EFSFLDKAAVIVQSDLEEDSNDASAAAAGSWRLCTVTQVEELKILMRLLPIWATSIVLSA AYAQLNTTFVQQGAAMNMRIMSFTIPAASMVSFEVFCVLAWVLVYGSVIVPLLSFSPAN GEPQLRRMGAGRLLIAVAMAIAALVEMVRLDAAARGESLSIAWQMPQYFMLAGGEVFCY 30 IAQLEFFYSEAPESMKSICTSLALLTVALGSYMSSFIYAVVNAFTAVDGRPGWISDNLNE GHLDYFFWVMSALCTLNFFVVSFAFARNYKVKTVVS
35	>gi 37537188 ref NP_922897.1 transportador de péptido putativo [Oryza sativa (cultivar del grupo japonica)] >gi 12039368 gb AAG46154.1 transportador de péptido putativo [Oryza sativa] >gi 31433704 gb AAP55183.1 transportador de péptido putativo [Oryza sativa (cultivar del grupo japonica)] MSMNNMMGSPPSRSRGRDEKKRWKWKLGPAITLGFELLESIAFSGVALNLVVYLATVLH GTLAFNAHVDTWNGTTFIVPVIGAFADSYPWGYRTILASLLFYLAGLVLLTVSAAVPS LRPAPCTGVPCSPATGTQFSVFFLALYLTSGTGGVKSALLPFGAEQYERDDHDTQDEGA 40 PAPEKTKQSFFSWFFGAINLGFVAGTLVSWVEQNVSWALGFGIATLCLLIASAAFLAAT PCYRVRLPTGDTPIKAILRVLVAAFNRNRTLPPDADGDGLYEVDDDKNKNGGDDEKLAH TEGLRWLDKAAVRVDGGGVWEVCTVSEVERVKVLARIVPIWVTCVLAAASLGQMTTTFIQ QGMAMDTRVFGGRFRVPVASLVSVEVFMLLWVLLHDVVMPVARRWWRSGGLTQLQRMG VGRVLVVVAMATAALVERRRLRGEKRSMSILWQVPQFVVLGSDVFSGIAQLEFFYGEAP 45 GSMRSICSAFSFLALSLGFYVNSLVVTIVAATVTKRSDGSGGWLAPDLDTAHLDDYFFWLWA LISLANLALYLLLAARYKSKKPSPPHSSHP
50	>gi 38567969 emb CAE75922.1 OSJNBa0093F12.10 [Oryza sativa (cultivar del grupo japonica)] >gi 39545858 emb CAE03936.3 OSJNBa0093F12.10 [Oryza sativa (cultivar del grupo japonica)] MDADHERRRPEQGALRRPLLADDETCGHRTAECRGVFPFIDFCSAEDCEASSNQSLVSQ EDRGQEVAEVQKVESCSNKALIIILSLQFLEITAFYGVYLNLIYVLQDVLHGDSASNVAT VSSWVGTAIYLMPILAGAAVADSCWGKYTTVLGFSIALVGMVTITASATLPSLRPPSCGQS AYCVPATLSQKLVFFTGIYLCALGIGGAKAVLIAFGPEQLDDDDGGGKNERNRERKASYF SWYYAVANVGMLTAGTMLVWFEDNVSWGFGYGLCASFVAVAVVLAATAPMYRILPPAGS PLKSVIQLVAFSHKAKLTLPDDPTELYEDDGVKNSLQHPVHERLEHTNQFRCLDKAAIV 55 SDEDLEDGDRWRLCTVSQVEEVKILLRLIPIWLTSVAVFIANTQAQTTFFVQQGKTGDRI ARGAFSVPAASLSSFQMAFVAVFVTLNRAVMPAARRCLGRAVAFTPLQLMGFGHATAVV AVGVAACTEARRLHAARAGAPAMGIAWLLPQYLVAASDASLTVGQLEFFYDQSPETMRS ASTAFYFLAISLGNLLNSQLVTLVAKVTAVWGNAGWFPLDLDGHLDDYFFLLIVAITAVN FAVYVALAKNYTPKKVR
60	
65	Secuencias de Consenso: >psiblast/cDNA_ID:2702830 M<1>t(I,A)n(E,Q)(E,T)<2-3>(L,P)<4-20>(Y,H)<0-7>t<1>nt<2-3>(D,L)<4-6>(P,R)<2-9>+<2- 3>(T,C)t<1>W+A(C,P)<2-3>l(F,L)t<1>E(C,F)<1>E<1>aAr(Y,N)t(I,T)t<1>NLa(T,V)<0- 1>Y(F,L)<3>L(H,G)<1>t(N,I)<2>tA<2>V<1>(T,L)(W,S)<1>Gt(C,S)r<2>PaaGt<1>aAdt<1>(W,L)G<1>Y(W,K)Ta<2>(F,S)(S,L)<1>aY<2>Ga<2>aT<1>t<1>aP<11-

ES 2 364 152 T3

	28>r<1>GLYa<1>taG(T,C)Gga+(P,S)(C,A)<3>(F,L)GA(D,N)QF(D,N)<2>(D,N)<2-5>n(R,I)<2-4>+<1>(S,N)FF(N,S)(W,L)rY(F,I)<2>(N,I)(I,F)(G,V)<3>Stt<1>aVWaQnN<1>tW<1>aGr<1>a<1>T<2>a<2>>t<3>F<2>t<3-6>r(R,Q)<5>G<0-1>SPa(T,K)(S,R)<2>QVa<1>At<1>R(K,N)<2>a<1>aP<1-40>(D,P)<0-40>t<7-48>t<1>(P,S)W<1>aCTVt(Q,E)VEEaK<1>aaRa<1>PaW(A,V)t<1>a<1>F<1>(V,A)<2>tQ<2>t<1>Fa(Q,E)Qt<2>a<4-6>G<1-2>(F,L)<1>aPPAta<2>Fn(T,V)<1>(S,C)V<3>a(P,L)<1>(Y,V)(D,N)<2>aVP<2>R<2-4>(T,F)t<3>(G,E)(F,L)<0-1>t<1>a(Q,H)RataG<2>a(S,M)a<2>a<2>AAaaE<2>RL<1>a(A,V)<1-13>a(N,S)a<1>WQ<1>P<1>r(F,A)<2>t<1>t<2>F<2>at<2>EF(F,L)(Y,H)<1>QtP(D,Y)tM+ta<2>A<2>(L,Q)<0-3>a<2>t<1>G(N,S)Y<1>(S,N)t<2>at<1>a<0-3>t<3-11>(G,H)<2-5>(C,G)Wa<0-2>D(N,D)a(N,D)<1>GHaD(Y,R)rr(W,L)<1>a<2>at<1>aN<3>r<3>t<1>+Y<2>(M,K)KV																																																																																																																																																																			
Promotor utilizado en los experimentos con el Fenotipo:	35S, un potente promotor constitutivo																																																																																																																																																																			
ID de Evento/Semilla obtenida de los experimentos con fenotipos:	SR00837-F2 y -F5 (Generado fuera del Proceso de Construcción del Vector http)																																																																																																																																																																			
Datos del Fenotipo:	Se recogieron y analizaron mediante GC/MS tejidos procedentes de diferentes eventos (F1,F2,F3) de plantas transgénicas T2 de Arabidopsis thaliana con sobreexpresión de cDNA 2702830. Se utilizó Norvalina como norma interna de normalización de los Datos. El peso de la muestra utilizada en los experimentos y los datos procedentes de ejemplares naturales también se utilizaron para normalizar los Datos que se muestran a continuación. Los valores de la tabla siguiente se refieren a los resultados de ejemplares naturales. Los resultados naturales se normalizan a 1. Los datos que se muestran a continuación muestran los incrementos con respecto al ejemplar natural.																																																																																																																																																																			
	<table><tr><td></td><td>F1</td><td>F2</td><td>F3</td><td>Media</td><td>Desv. Est.</td><td>%desvest</td></tr><tr><td>Alanina</td><td>1,261409</td><td>0,974479</td><td>1,147532</td><td>1,127807</td><td>0,144478223</td><td>12,81054982</td></tr><tr><td>Glicina</td><td>1,761521</td><td>1,457502</td><td>2,235157</td><td>1,81806</td><td>0,391898042</td><td>21,55583763</td></tr><tr><td>Valina</td><td>1,396424</td><td>1,239689</td><td>1,583655</td><td>1,406589</td><td>0,172208088</td><td>12,24295499</td></tr><tr><td>Norvalina</td><td>1</td><td>1</td><td>1</td><td>1</td><td>0</td><td>0</td></tr><tr><td>Leucina</td><td>1,947445</td><td>1,514723</td><td>2,774655</td><td>2,078941</td><td>0,640176083</td><td>30,79337545</td></tr><tr><td>Isoleucina</td><td>1,518676</td><td>1,386535</td><td>1,951836</td><td>1,619016</td><td>0,29570649</td><td>18,26458383</td></tr><tr><td>Treonina</td><td>1,003743</td><td>0,933692</td><td>1,10863</td><td>1,015355</td><td>0,088045172</td><td>8,671366113</td></tr><tr><td>Serina</td><td>0,834476</td><td>0,925598</td><td>1,000322</td><td>0,920132</td><td>0,083058316</td><td>9,026780601</td></tr><tr><td>Prolina</td><td>1,474576</td><td>1,28711</td><td>2,308834</td><td>1,690173</td><td>0,543913504</td><td>32,18092978</td></tr><tr><td>Asparagina</td><td>1,314837</td><td>1,089913</td><td>1,391293</td><td>1,265348</td><td>0,156666148</td><td>12,38127298</td></tr><tr><td>Ácido aspártico</td><td>0,909628</td><td>0,906946</td><td>0,898579</td><td>0,905051</td><td>0,005762956</td><td>0,636754757</td></tr><tr><td>Metiometina</td><td>1,075207</td><td>2,13698</td><td>5,618013</td><td>2,9434</td><td>2,37634338</td><td>80,73464056</td></tr><tr><td>4-Hidroxiprolina</td><td>2,902246</td><td>2,041208</td><td>3,521628</td><td>2,821694</td><td>0,743490085</td><td>26,34907011</td></tr><tr><td>Ácido glutámico</td><td>0,642874</td><td>0,755914</td><td>0,24558</td><td>0,548122</td><td>0,268036599</td><td>48,90086725</td></tr><tr><td>Fenilalanina</td><td>1,47307</td><td>1,302569</td><td>1,456247</td><td>1,410629</td><td>0,093959301</td><td>6,660810816</td></tr><tr><td>Csteína</td><td>1,28442</td><td>0,952332</td><td>0,851608</td><td>1,029453</td><td>0,226478146</td><td>21,99984521</td></tr><tr><td>Glutamina</td><td>1,024484</td><td>1,036755</td><td>1,147043</td><td>1,069427</td><td>0,067496578</td><td>6,31147173</td></tr><tr><td>Ornitina</td><td>1,255148</td><td>0,958477</td><td>1,034993</td><td>1,082873</td><td>0,154022014</td><td>14,22346025</td></tr><tr><td>Lisina</td><td>1,738336</td><td>1,757625</td><td>2,428419</td><td>1,974793</td><td>0,392969874</td><td>19,89929088</td></tr><tr><td>Histidina</td><td>1,215004</td><td>1,036312</td><td>0,936871</td><td>1,062729</td><td>0,140935663</td><td>13,26167477</td></tr><tr><td>Tirosina</td><td>1,841339</td><td>1,441042</td><td>2,479097</td><td>1,920493</td><td>0,523534606</td><td>27,26043227</td></tr><tr><td>Triptófano</td><td>1,129968</td><td>1,241612</td><td>1,875302</td><td>1,415627</td><td>0,401984952</td><td>28,39624043</td></tr></table> Se recogieron y analizaron tejidos de plantas transgénicas T2 de Arabidopsis thaliana con sobreexpresión de cDNA 2702830 mediante un analizador C/N. Los datos que figuran a continuación se normalizaron mediante el peso de las muestras utilizadas en los experimentos y los datos naturales. Los valores de la tabla siguiente se refieren a los resultados de la planta natural. Los resultados naturales se normalizaron a 1. Los datos que se muestran a continuación muestran los incrementos con respecto al ejemplar natural. <table><tr><td></td><td>Promedio de incremento en % de Nitrógeno y Carbono para todos los</td></tr></table>		F1	F2	F3	Media	Desv. Est.	%desvest	Alanina	1,261409	0,974479	1,147532	1,127807	0,144478223	12,81054982	Glicina	1,761521	1,457502	2,235157	1,81806	0,391898042	21,55583763	Valina	1,396424	1,239689	1,583655	1,406589	0,172208088	12,24295499	Norvalina	1	1	1	1	0	0	Leucina	1,947445	1,514723	2,774655	2,078941	0,640176083	30,79337545	Isoleucina	1,518676	1,386535	1,951836	1,619016	0,29570649	18,26458383	Treonina	1,003743	0,933692	1,10863	1,015355	0,088045172	8,671366113	Serina	0,834476	0,925598	1,000322	0,920132	0,083058316	9,026780601	Prolina	1,474576	1,28711	2,308834	1,690173	0,543913504	32,18092978	Asparagina	1,314837	1,089913	1,391293	1,265348	0,156666148	12,38127298	Ácido aspártico	0,909628	0,906946	0,898579	0,905051	0,005762956	0,636754757	Metiometina	1,075207	2,13698	5,618013	2,9434	2,37634338	80,73464056	4-Hidroxiprolina	2,902246	2,041208	3,521628	2,821694	0,743490085	26,34907011	Ácido glutámico	0,642874	0,755914	0,24558	0,548122	0,268036599	48,90086725	Fenilalanina	1,47307	1,302569	1,456247	1,410629	0,093959301	6,660810816	Csteína	1,28442	0,952332	0,851608	1,029453	0,226478146	21,99984521	Glutamina	1,024484	1,036755	1,147043	1,069427	0,067496578	6,31147173	Ornitina	1,255148	0,958477	1,034993	1,082873	0,154022014	14,22346025	Lisina	1,738336	1,757625	2,428419	1,974793	0,392969874	19,89929088	Histidina	1,215004	1,036312	0,936871	1,062729	0,140935663	13,26167477	Tirosina	1,841339	1,441042	2,479097	1,920493	0,523534606	27,26043227	Triptófano	1,129968	1,241612	1,875302	1,415627	0,401984952	28,39624043		Promedio de incremento en % de Nitrógeno y Carbono para todos los
	F1	F2	F3	Media	Desv. Est.	%desvest																																																																																																																																																														
Alanina	1,261409	0,974479	1,147532	1,127807	0,144478223	12,81054982																																																																																																																																																														
Glicina	1,761521	1,457502	2,235157	1,81806	0,391898042	21,55583763																																																																																																																																																														
Valina	1,396424	1,239689	1,583655	1,406589	0,172208088	12,24295499																																																																																																																																																														
Norvalina	1	1	1	1	0	0																																																																																																																																																														
Leucina	1,947445	1,514723	2,774655	2,078941	0,640176083	30,79337545																																																																																																																																																														
Isoleucina	1,518676	1,386535	1,951836	1,619016	0,29570649	18,26458383																																																																																																																																																														
Treonina	1,003743	0,933692	1,10863	1,015355	0,088045172	8,671366113																																																																																																																																																														
Serina	0,834476	0,925598	1,000322	0,920132	0,083058316	9,026780601																																																																																																																																																														
Prolina	1,474576	1,28711	2,308834	1,690173	0,543913504	32,18092978																																																																																																																																																														
Asparagina	1,314837	1,089913	1,391293	1,265348	0,156666148	12,38127298																																																																																																																																																														
Ácido aspártico	0,909628	0,906946	0,898579	0,905051	0,005762956	0,636754757																																																																																																																																																														
Metiometina	1,075207	2,13698	5,618013	2,9434	2,37634338	80,73464056																																																																																																																																																														
4-Hidroxiprolina	2,902246	2,041208	3,521628	2,821694	0,743490085	26,34907011																																																																																																																																																														
Ácido glutámico	0,642874	0,755914	0,24558	0,548122	0,268036599	48,90086725																																																																																																																																																														
Fenilalanina	1,47307	1,302569	1,456247	1,410629	0,093959301	6,660810816																																																																																																																																																														
Csteína	1,28442	0,952332	0,851608	1,029453	0,226478146	21,99984521																																																																																																																																																														
Glutamina	1,024484	1,036755	1,147043	1,069427	0,067496578	6,31147173																																																																																																																																																														
Ornitina	1,255148	0,958477	1,034993	1,082873	0,154022014	14,22346025																																																																																																																																																														
Lisina	1,738336	1,757625	2,428419	1,974793	0,392969874	19,89929088																																																																																																																																																														
Histidina	1,215004	1,036312	0,936871	1,062729	0,140935663	13,26167477																																																																																																																																																														
Tirosina	1,841339	1,441042	2,479097	1,920493	0,523534606	27,26043227																																																																																																																																																														
Triptófano	1,129968	1,241612	1,875302	1,415627	0,401984952	28,39624043																																																																																																																																																														
	Promedio de incremento en % de Nitrógeno y Carbono para todos los																																																																																																																																																																			

ES 2 364 152 T3

		eventos		
	Nitrógeno	1,04189248		
	Carbono	1,012217416		

Tabla I-E.1. Análisis del cuadrado de Ji del fenotipo sin tolerancia al nitrógeno al cabo de 7-9 días tras la plantación de semillas T ₂ de eventos SR00837-F2 (suponiendo una proporción de 3:1 (R:S)).				
Evento	Observado	Previsto	χ^2	Probabilidad del Test Ji
Tolerante a NN	27	27,75	0,020	0,77
Sensible a NN	10	9,25	0,061	
	37	37	0,081	

Tabla I-E.2. Análisis del cuadrado de Ji del fenotipo sin tolerancia al nitrógeno al cabo de 7-9 días tras la plantación de semillas T ₂ procedentes de eventos SR00837-F5 (suponiendo una proporción de 3:1 (R:S)). Esta proporción no coincide con Basta TM .				
Evento	Observado	Previsto	χ^2	Probabilidad del Test Ji
Tolerante a NN	21	27,75	1,64	0,01
Sensible a NN	16	9,25	4,93	
	37	37	6,57	

Tabla I-E.3. Análisis del cuadrado de Ji de la resistencia a Basta TM entre la progenie de los eventos SR00837 T ₂ . Suponiendo una proporción de 3:1 (R:S) para –F2 y de 15:1 (R:S) para–F5					
Evento	Resistente	Sensible	Total	Cuadrado de Ji	Probabilidad
SR00837-F2	24	14	38	2,84	0,09
SR00837-F5	36	2	38	0,063	0,80

TABLA I-F

Nº de Informe	60.1 - NB42-35s-13575971
Descripción general del gen	El Clon 3086056 corresponde a Ceres cDNA 13575971 que codifica un aminoácido 559 transportador de péptido putativo procedente de la Arabidopsis
Utilidad general del gen:	- El transporte de péptidos desde tejidos fuente a tejidos sumidero puede mejorar la eficiencia del uso del nitrógeno durante la germinación de la semilla, y el establecimiento de la fuerza y la senescencia de la semilla. La expresión del transportador a través de promotores con diferentes patrones de expresión espacial y temporal y que coinciden con el proceso objetivo constituiría el punto de partida más adecuado. Por ejemplo, la expresión del transportador a través de un promotor que sea muy activo durante la germinación de la semilla y se encuentre localizado en los tejidos vasculares puede ayudar a incrementar el transporte desde el tejido de almacenamiento al meristema y las hojas en desarrollo. Alternativamente, el aumento de la expresión durante la senescencia de la hoja puede mejorar el transporte de nitrógeno desde las hojas de origen a las semillas en desarrollo. - Este cDNA principal podría resultar útil a la hora de conseguir plantas insensibles a los cambios que activan el N ambiente realizados en las prácticas de abono, para la conservación de los abonos nitrogenados y para la conservación del medio ambiente. - Se recomienda comprobar los transgénicos con un mayor o menor N ambiente y verificar el contenido de clorofila (verdor) y la capacidad de fotosíntesis (transporte de electrones). También debe comprobarse si las plantas que tienen un mayor verdor tienen una mayor capacidad de búsqueda (niveles de sucrosa, transporte de la sucrosa, relleno de las semillas).
Rasgos que pueden modular el Gen y sus Homólogos/O rtólogos:	- Los transportadores de péptidos pueden resultar muy útiles para mejorar el transporte y la utilización del nitrógeno en maíz y otros cultivos mediante la manipulación de la expresión temporal y espacial del gen. Además de los aminoácidos, los pequeños péptidos constituyen una importante fracción de los compuestos que contienen nitrógeno en la savia del xilema y el floema. La actividad de los transportadores de péptidos puede ser especialmente útil para mejorar el movimiento a gran escala de los productos de degradación de las proteínas durante el proceso de germinación y senescencia de la semilla. Esto puede explicar en parte el mayor rendimiento de las plantas del clon 3086056 en medios con escasez de nitrógeno. - Puede alterarse el balance de nitrógeno/carbono en una planta C4 en comparación con una planta C3. Esto podría tenerse en cuenta en el caso de que el cDNA Principal se pruebe en el maíz
Resumen de las Funciones del Gen:	- La expresión errónea del clon Ceres 3086056 bajo el control del promotor 35S induce la tolerancia a un inhibidor de la asimilación del nitrógeno. - Las líneas de Plantas, que son heterocigóticas u homocigóticas para el Clon Ceres 3086056, no muestran fenotipos nocivos en condiciones de cultivos normales o de stress. - El método de determinación de asimilación de N se desarrolló para encontrar expresiones erróneas que utilicen nuevas formas de asimilar el nitrógeno.
Aplicabilidad del Gen/rasgo al Maíz y otras especies:	La modulación de este gen y de sus homólogos/ortólogos puede utilizarse para modular fenotipos y funciones similares en otras especies, asumiendo la conservación del proceso que controla el crecimiento vegetativo entre las especies.

85

Secuencia proteínica:	MASLVSGDKEAQISGDPGSKRGGWITFPFMLATLLGLSVTSFGWVMNLIVFLIEEFNIKSIAAAQISNVANGCLSMPLPVAAILADSFSGNIPVIAASSFI SLLGIVLLTLIASLDYLRP PCEAGSVLCTPPSKLHLGILYTALALVTGAGGTRFTMASAGANQYKEPKQGSFFNWWYFLTLYAGAITGATAIVYIQD NASWKLGFGLCAANLISFIVFSGKRYKHDKPMGSPFTSLIRVVVSATYKRAVISCNEEDYHHYGLEKEVKTSAAMPSSKFRFLNRAALMTKDD LNQKEGSVNNIWRLCVQVEDEFKAILRVFPLWLSIFVSTPMVMQTSILVLQALVTDRLGPNFKVPAGSLQVIIITACIVIMNNWLVFPMYKKLTHK LLTPLQKVIGIGQVLTILSMALSAVVEAKRLKTVENGHPMVSVLWLPPLVIVGIEAFQFPANIELFYGEFPESLRNTATSLTSVWIGISFYLTALIDLIQR TTAWLPNDINHGRVDNYYWLLVIGILNFGYFLVCSWWYKYRNLKDNDQEQDPKDGTM*																																																																														
Coincidencias NR:	Coincidencias NR: (la coincidencia con gi 15231215 es idéntica al 99,28% Véase a continuación la alineación completa de la proteína) <table><tr><th colspan="2">Suma</th><th colspan="2">Punt.</th><th colspan="2">Probabilidad</th></tr><tr><th colspan="2"></th><th colspan="2">Elevada</th><th colspan="2">P(N)</th><th colspan="2">N</th></tr><tr><th colspan="2">Secuencias con las que se obtienen</th><th colspan="6">Pares de segmentos con una elevada puntuación:</th></tr><tr><td>gi 15231215 ref NP_190154.1 </td><td>proton-dependent oligopeptid...</td><td>2832</td><td>2.6e-293</td><td>1</td><td></td><td></td><td></td></tr><tr><td>gi 26450397 dbj BAC42313.1 </td><td>proteína transportadora putativa ...</td><td>2828</td><td>6.8e-293</td><td>1</td><td></td><td></td><td></td></tr><tr><td>gi 30692629 ref NP_190157.2 </td><td>proton-dependent oligopeptid...</td><td>2203</td><td>1.2e-226</td><td>1</td><td></td><td></td><td></td></tr><tr><td>gi 11358696 pir T47511</td><td>probable proteína transportadora - Ar...</td><td>2175</td><td>1.1e-223</td><td>1</td><td></td><td></td><td></td></tr><tr><td>gi 15231217 ref NP_190156.1 </td><td>proton-dependent oligopeptid...</td><td>2174</td><td>1.4e-223</td><td>1</td><td></td><td></td><td></td></tr><tr><td>gi 26449486 dbj BAC41869.1 </td><td>proteína transportadora putativa ...</td><td>2171</td><td>2.9e-223</td><td>1</td><td></td><td></td><td></td></tr><tr><td>gi 15231221 ref NP_190158.1 </td><td>proton-dependent oligopeptid...</td><td>2169</td><td>4.6e-223</td><td>1</td><td></td><td></td><td></td></tr></table> >gi 15231215 ref NP_190154.1 proton-dependent oligopeptide transport (POT) family protein [Arabidopsis thaliana] >gi 11358693 pir T47508 probable proteína transportadora - Arabidopsis thaliana >gi 7019634 emb CAB75781.1 putative transporter protein [Arabidopsis thaliana] Length = 558 Plus Strand HSPs: Score = 2832 (1002.0 bits), Expect = 2.6e-293, P = 2.6e-293 Identities = 554/558 (99%), Positives = 554/558 (99%), Frame = +1 Query: 1 MASLVSGDKEAQISGDPGSKRGGWITFPFMLATLLGLSVTSFGWVMNLIVFLIEEFNIKS 180 MASLVSGDKEAQISGDPGSKRGGWITFPFMLATLLGLSVTSFGWVMNLIVFLIEEFNIKS Sbjct: 1 MASLVSGDKEAQISGDPGSKRGGWITFPFMLATLLGLSVTSFGWVMNLIVFLIEEFNIKS 60 Query: 181 IAAAQISNVANACLSMLPVAAILADSFSGNIPVIAASSFISLLGIVLLTLIASLDYLRP 360 IAAAQISNVAN CLSMLPVAAILADSFSGNIPVIAASSFISLLGIVLLTLIASLDYLRP Sbjct: 61 IAAAQISNVANGCLSMPLPVAAILADSFSGNIPVIAASSFISLLGIVLLTLIASLDYLRP 120 Query: 361 RPCEAGSVLCTPPSKLHLGILYTALALVTGAGGTRFTMASAGANQYKEPKQGSFFNWWY 540 RPCEAGSVLCTPPSKLHLGILYTALALVTGAGGTRFTMASAGANQYKEPKQGSFFNWWY	Suma		Punt.		Probabilidad				Elevada		P(N)		N		Secuencias con las que se obtienen		Pares de segmentos con una elevada puntuación:						gi 15231215 ref NP_190154.1	proton-dependent oligopeptid...	2832	2.6e-293	1				gi 26450397 dbj BAC42313.1	proteína transportadora putativa ...	2828	6.8e-293	1				gi 30692629 ref NP_190157.2	proton-dependent oligopeptid...	2203	1.2e-226	1				gi 11358696 pir T47511	probable proteína transportadora - Ar...	2175	1.1e-223	1				gi 15231217 ref NP_190156.1	proton-dependent oligopeptid...	2174	1.4e-223	1				gi 26449486 dbj BAC41869.1	proteína transportadora putativa ...	2171	2.9e-223	1				gi 15231221 ref NP_190158.1	proton-dependent oligopeptid...	2169	4.6e-223	1			
Suma		Punt.		Probabilidad																																																																											
		Elevada		P(N)		N																																																																									
Secuencias con las que se obtienen		Pares de segmentos con una elevada puntuación:																																																																													
gi 15231215 ref NP_190154.1	proton-dependent oligopeptid...	2832	2.6e-293	1																																																																											
gi 26450397 dbj BAC42313.1	proteína transportadora putativa ...	2828	6.8e-293	1																																																																											
gi 30692629 ref NP_190157.2	proton-dependent oligopeptid...	2203	1.2e-226	1																																																																											
gi 11358696 pir T47511	probable proteína transportadora - Ar...	2175	1.1e-223	1																																																																											
gi 15231217 ref NP_190156.1	proton-dependent oligopeptid...	2174	1.4e-223	1																																																																											
gi 26449486 dbj BAC41869.1	proteína transportadora putativa ...	2171	2.9e-223	1																																																																											
gi 15231221 ref NP_190158.1	proton-dependent oligopeptid...	2169	4.6e-223	1																																																																											

5	Sbjct: 121 RPCEAGSVLCTPPSKLHLGILYALALVTTGAGGTRFTMASAGANQYKPKKEQGSFFNWWY 180
10	Query: 541 FLTYAGAITGATAIVYIQDNASWKLGFGLCAAANLISFIVSGKRRYKHDKPMSGPFT 720 FLTYAGAITGATAIVYIQDNASWKLGFGLCAAANLISFIVSGKR YKHKDKPMSGPFT
15	Sbjct: 181 FLTYAGAITGATAIVYIQDNASWKLGFGLCAAANLISFIVSGKRYKHDKPMSGPFT 240
20	Query: 721 SLIRVWSATVKGKAVISCNEEDYHHYGLEKEVKTSAAAMPKSFRLNRAALMTKDDLNQ 900 SLIRVWSATVK KAVISCNEEDYHHYGLEKEVKTSAAAMPKSFRLNRAALMTKDDLNQ
25	Sbjct: 241 SLIRVWSATVKKRKAIVISCNEEDYHHYGLEKEVKTSAAAMPKSFRLNRAALMTKDDLNQ 300
30	Query: 901 KEGSVNNIWRKLSVQVEDFKAILRVFPLWLSIFVSTPMVMQTSILVQLALVTDRLGP 1080 KEGSVNNIWRKLSVQVEDFKAILRVFPLWLSIFVSTPMVMQTSILVQLALVTDRLGP
35	Sbjct: 301 KEGSVNNIWRKLSVQVEDFKAILRVFPLWLSIFVSTPMVMQTSILVQLALVTDRLGP 360
40	Query: 1081 NFKVPAGSLQVIIITACIVIMNNWPVFPYMYKKLTHKLLTPLQKVGIGQVLTILSMALS 1260 NFKVPAGSLQVIIITACIVIMNNW VFPYMYKKLTHKLLTPLQKVGIGQVLTILSMALS
45	Sbjct: 361 NFKVPAGSLQVIIITACIVIMNNWLVPYMYKKLTHKLLTPLQKVGIGQVLTILSMALS 420
50	Query: 1261 AVVEAKRLKTVENGHPMSVLWLPPLVIVGGEAFQFPANIELFYGEFPESLRNTATSLT 1440 AVVEAKRLKTVENGHPMSVLWLPPLVIVGGEAFQFPANIELFYGEFPESLRNTATSLT
55	Sbjct: 421 AVVEAKRLKTVENGHPMSVLWLPPLVIVGGEAFQFPANIELFYGEFPESLRNTATSLT 480
60	Query: 1441 SVVIGISFYLTALIDLIQRTTAWLPNDINHGRVDNVVWLLVIGGILNFGYFLVCSWVYK 1620 SVVIGISFYLTALIDLIQRTTAWLPNDINHGRVDNVVWLLVIGGILNFGYFLVCSWVYK
65	Sbjct: 481 SVVIGISFYLTALIDLIQRTTAWLPNDINHGRVDNVVWLLVIGGILNFGYFLVCSWVYK 540
	Query: 1621 YRNLDNDQEQDPKDGTM 1674 YRNLDNDQEQDPKDGTM
	Sbjct: 541 YRNLDNDQEQDPKDGTM 558
	Predicción de la Proteína para la Proteína gi_15231215 – Alineación completa (Los 5 SNPs en el ORF tienen como resultado cuatro sustituciones de aminoácidos sin codones de parada, lo que constituye otra prueba de que los plomorfismos se deben probablemente a diferencias ercotípicas).
	Implanta_experimental MASLVSGDKEAQISGDPGSKRGGWITFPFMLATLLGLSVTSFGWVMNLIVFLIEEFNIKS gi_15231215 MASLVSGDKEAQISGDPGSKRGGWITFPFMLATLLGLSVTSFGWVMNLIVFLIEEFNIKS *****
	Implanta_experimental IAAAQISNVANACLSMLPVVAAILADSFNGIPVIAASSFISLLGIVLLTLIASLDYLRP gi_15231215 IAAAQISNVANGCLSMPLPVVAAILADSFNGIPVIAASSFISLLGIVLLTLIASLDYLRP *****
	Implanta_experimental RPCEAGSVLCTPPSKLHLGILYALALVTTGAGGTRFTMASAGANQYKPKKEQGSFFNWWY gi_15231215 RPCEAGSVLCTPPSKLHLGILYALALVTTGAGGTRFTMASAGANQYKPKKEQGSFFNWWY

	***** Inplanta_experimental FLTLYAGAITGATAIVYIQDNASWKLGFGLCAAANLISFIVSGKRRYKHKDKPMGSPFT gi_15231215 FLTLYAGAITGATAIVYIQDNASWKLGFGLCAAANLISFIVSGKRRYKHKDKPMGSPFT ***** Inplanta_experimental SLIRVVVSATVKGKAVISCNEEDYHHYGLEKEVKTSAAMPSKSFRFLNRAALMTKDDLNQ gi_15231215 SLIRVVVSATVKGKAVISCNEEDYHHYGLEKEVKTSAAMPSKSFRFLNRAALMTKDDLNQ ***** Inplanta_experimental KEGSVNNIWRLCSVQVEDEFKAILRVFPLWLSIIFVSTPMVMQTSILVLQALVTDRLGLP gi_15231215 KEGSVNNIWRLCSVQVEDEFKAILRVFPLWLSIIFVSTPMVMQTSILVLQALVTDRLGLP ***** Inplanta_experimental NFKVPAGSLQVIIITACIIVIMNNWPVFPMYKKLTHKLLTPLQKVGIGQVLTILSMALS gi_15231215 NFKVPAGSLQVIIITACIIVIMNNWLVFPMYKKLTHKLLTPLQKVGIGQVLTILSMALS ***** Inplanta_experimental AVVEAKRLKTVENGHPMSVLWLPPLVIVGIGEAQFPANIELFYGEFPESLRNTATSLT gi_15231215 AVVEAKRLKTVENGHPMSVLWLPPLVIVGIGEAQFPANIELFYGEFPESLRNTATSLT ***** Inplanta_experimental SVVIGISFYLSALIDLIQRTTAWLPNDINHGRVDNVYVWLLVIGGILNFGYFLVCSWVYK gi_15231215 SVVIGISFYLSALIDLIQRTTAWLPNDINHGRVDNVYVWLLVIGGILNFGYFLVCSWVYK ***** Inplanta_experimental YRNLDNDQEQDPKDGTM gi_15231215 YRNLDNDQEQDPKDGTM ***** Porcentaje de identidad: 99.28%	
Secuencias Homóloga/Ortólogo:	>gi 30692629 ref NP_190157.2 familia de proteínas de transporte de oligopéptidos dependiente de protones (POT) [Arabidopsis thaliana] MADSKSGDTEVAHRSSDPSEKRGGWITLPMFLVTLLGMSITSGWGMNLIVFLIEEFHIK NIAAAQISNVGWNMLPVAAILADSFNGIPVISTSTFISLAGTSLLTLTSLNYLM PRPCETGSLCQSPSKLQLGILYVALALVIIGSAGTRFTLAAAGANQYKKPKQGRFFNW FFLALYIGAITGTTAIVYTQDNASWKLGFGLCAVANLISFIVFIAGVRFYKHKDKPLGSPY TSLIRVLVAATMKRKAVISSKDEDYHQYGLGKEAKTYTTMPKSFRLNRAALKNKEDLN TSGDSSNNMWRLCSVQVEDEFKAILRLVPLWAAMFLSTPVAVQMSMTVLQALVMDRKL PHFEVSAGSLQVILVFGGVFIMLNNWIIYPMYQKLGKPLTPLQQVGIGHVFTILSMAL SAVVEAKRLKTVENGHPMSVLWLPALVMVGIGEAHFHPANVAVFYGEFPESLRNTATS LTSWIGISFYLSAVIDVIQRTTWSWLPNDINHGRVDNVYVWVIGGVLNLYFLVCSWF	

5	YKYRNLKDDDDHEQDPKDKVT	
10	>gi 11358696 pir T47511 probable proteína transportadora - Arabidopsis thaliana >gi 7019637 emb CAB75784.1 proteína transportadora putativa [Arabidopsis thaliana]	
15	MADSKSGDTEVAHRSSDPSEKRGWITLPMFLGMSITSFSGWGMNLIVFLIEEFHIKNIAA	
20	AQISNVGVNMPLPVAAILADSFNGIPVISTSTFISLAGTSLLTLITSLNLYLMPRPC	
25	ETGSILCQSPSKLQGLIYVALALVIIGSAGTRFTLAAAGANQYKKPKEQGRFFNWWFFLA	
30	LYIGAITGTTAIVYQDNASWKLGFGLCAVANLISFIVFIAGVRFYKHKDKPLGSPYTSLI	
35	RVLVAATMKRKAVISSKDEYHQYGLGKEAKTYTTMPSKSFRFLNRAALKNKEDLNTSGD	
40	SSNNMWRLCSVQVEDFKAILRLVPLWAAMFLSTPVAVQMSMTVLQALVMDRKLSPHFE	
45	VSAGSLQVILVFGCFIIMLNWIIPMYQKLGKPLTPLQVQVIGHVFTILSMAISAVV	
50	EAKRLKTVENGGHMPMSVLWLVPALVMVGIGEAFFHPANVAVFYGEFFESLKNATATSLTSV	
55	VIGISFYLSSTAVIDVIQRTTSLWLPNDINHGRVDNVVYVVVIGGVNLGYFLVCSWFYKYR	
60	NLKDDDDHEQDPKDKVT	
65	>gi 15231217 ref NP_190156.1 familia de proteínas de transporte de oligopéptidos dependiente de protones (POT) [Arabidopsis thaliana]	
	>gi 11358695 pir T47510 probable proteína transportadora - Arabidopsis thaliana >gi 7019636 emb CAB75783.1 proteína transportadora putativa [Arabidopsis thaliana]	
	MANSDSGDKEAHRSSKHGGWITLPMFLVTLLGMSITYFGWVMNLIVFLIEEFNIKSIAAV	
	QISNIVGVNMPLPVAAILADSFNGIPVISASAFISLTGISLLTLIASLDYLRPRPCE	
	TGSILCQSPSKLQGLIYAAALVITGTATRFILASAGANQYKKPKEQGRFFNWWYFFTL	
	YGGAITGTTAIVYQDNASWKLGFGLCVAANLISFIIFVAGKRLYEHQDPLGSPYTSLVR	
	VLVAATMKRKAVISYKDEYHHRELEKETKTYVAMPSKSFRLNRAALKTEGDSNNNMWR	
	LCSVQVEDFKAVRLVPLWTSVMFLSAPLAVQMSMTVLQAMVMDRKLGPHEKVSAGSMQ	
	VIALVSGCVFIILNNWTTYPMYQKLRKPLTPLQVQVIGHVLTLSMAISAVVEAKRLKT	
	VENSHLMSVLWLVPALVINGIGEAFFHPANIAIFYGEFFESLRNTATSLTSVMGISFYL	
	STALIDVIQRTTKWLPNDINHGRVDNVYLVLIIGVSNFGYFLVCSWFYKYRNLKNDDHE	
	QDLKDVNTN	
	>gi 264449486 dbj BAC41869.1 proteína transportadora putativa [Arabidopsis thaliana] >gi 29028934 gb AAO64846.1 At3g45700 [Arabidopsis thaliana]	
	MANSDSGDKDAHRSSKHGGWITLPMFLVTLLGMSITYFGWVMNLIVFLIEEFNIKSIAAV	
	QISNIVGVNMPLPVAAILADSFNGIPVISASAFISLTGISLLTLIASLDYLRPRPCE	
	TGSILCQSPSKLQGLIYAAALVITGTATRFILASAGANQYKKPKEQGRFFNWWYFFTL	
	YGGAITGTTAIVYQDNASWKLGFGLCVAANLISFIIFVAGKRLYEHQDPLGSPYTSLVR	
	VLVAATMKRKAVISYKDEYHHRELEKETKTYVAMPSKSFRLNRAALKTEGDSNNNMWR	
	LCSVQVEDFKAVRLVPLWTSVMFLSAPLAVQMSMTVLQAMVMDRKLGPHEKVSAGSMQ	
	VIALVSGCVFIILNNWTTYPMYQKLRKPLTPLQVQVIGHVLTLSMAISAVVEAKRLKT	
	VENSHLMSVLWLVPALVINGIGEAFFHPANIAIFYGEFFESLRNTATSLTSVMGISFYL	
	STALIDVIQRTTKWLPNDINHGRVDNVYLVLIIGVSNFGYFLVCSWFYKYRNLKNDDHE	
	QDLKDVNTN	
	>gi 15231221 ref NP_190158.1 familia de proteínas de transporte de oligopéptidos dependiente de protones (POT) [Arabidopsis thaliana]	

5	>gij11358697 pir T47512 probable proteína transportadora - Arabidopsis thaliana >gij1019638 emb CAB75785.1 proteína transportadora putativa [Arabidopsis thaliana]
10	MAGVLNSDTEAKISGDCRGGCITFPFMIATLLGISVTSYGWVLNLVFLIEEYNIKSI
15	AAQISNIVNGCLSMPLPVWTAILADSFNGNIPVISAFISLLGIFLLTLISSFENLRPR
20	PCETGSILCQSPSKLHLGVLYAALAVTAGTSGTRVALASAGANQYDKPRDKGSFFNWYF
25	LTVNTGAISATAIVYTQENASWRLGFLCAAANLISFIVISGKRFYKHKDKPMGSPFTS
30	LIRLVAAILKIKVTTSSKEEDYHREVEKESKTCIGMPKSKFRFLNRAALKSEKDLNQED
35	GLCHNPWRLCSVEEVEDFKSVLRVPLWLAILFVGTSIGVQASMTVLQALVTDRLDLSKF
40	KVPAGSLQVIVLISSCVFLNNWTIYQKTHKQLTPLQQVGIGQVFNILSMAISAI
45	VEAKRLKTVENEHPMSVLWLLPPLVIVIGDAFHYMANVAVFYGEFPESMRNTATSVTSV
50	AFGISFYLSTALINLIQRTTAWLPDDINHGRVDNVYVWL VIGGVNLGYFFVCWSWYFTYR
55	KIQDDNRQDPKDVNTN
60	>gij15231216 ref NP_190155.1 familia de proteínas de transporte de oligopéptidos dependiente de protones (POT) [Arabidopsis thaliana]
65	>gij11358694 pir T47509 probable proteína transportadora - Arabidopsis thaliana >gij1019635 emb CAB75782.1 proteína transportadora putativa [Arabidopsis thaliana]
	MARSDVTTEAMTTTRDPSSKRGGWKTFPFMIATLLGLSIASFGWVMNLVFLIKEFNISIA
	ATQNSNIVNGCVSMLPVAAAILADSFNGNIPVISAFISLLGIILLTMITSLDHLRPPP
	CETGSILCESPSKLQLGILYIALALVIIGSAGTRFTLASAGANQYKPKQGSFFNWYFL
	TLTYTGAITGATAIVYTQENASWKLGFGLCAVANLISFIVFVSGKRYKHKDKPMGSPFTNL
	IRVWAATRKRKAVISREEDYHHGLGREGKTSAMPKSKFRFFNRAALKTEDDSVNNNW
	RLCVQVEVEDKAVFRVPLLLAIIFVSTPMVTQTSIIILQALVTDRLGLGPHFKIPAGSL
	QVIVITACIVILMNNCLVYPMYQKLAHKPLTPLQKVGIGHVFILSMAISAVEAKRLK
	TVTNGHSMVSLWLHRDFIASVIGISFYLSLTALTIQKTTKWL PNDINHGRVDNVYVWL
	VIVGVNLVFLYCAWFYRYRNLNDDDDQEQDPKDDTT
	>gij15231199 ref NP_190151.1 familia de proteínas de transporte de oligopéptidos dependiente de protones (POT) [Arabidopsis thaliana]
	>gij11357926 pir T47505 proteína hipotética F9K21.230 - Arabidopsis thaliana >gij6996268 emb CAB75494.1 proteína putativa [Arabidopsis thaliana]
	MASSVTGDAETAISADSSTKRRGGGWTFPFMIATLLGLTIAAWGWLNLIVYLIEEFNV
	KSIAAAQIANIVSGCICMVPAAVAAIASDSFFGTIPVISVSFAFISLMGVALLTLTASLDTL
	RPRPCETASILCQSPSKTQLGVLYTATLASIGTGGTRFTLATAGANQYKTKDQGSFFN
	WFFFTTYLAGAISATAIVYTEDNISWTLGFLSVAANFFSLVFSVGKRFYKHKDKPLGSP
	FTSLLCVIFAALRKRKAVVSTNEKDYHNESITMPTKSRFFNRAALKQEDDEVKPDGTIRN
	PWRLCSVQQVEDFKAVIRIIPALATIFELSTPIAMQLSLTVLQGLVMDRRLGPSFKIPAG
	SLQVITLLSTCLFIINDRVLYPFYQKLTGKHLTPLQRVIGHAFNLSMAVTAIVEAKR
	LKIVQKGHFLGSSVADMSVLWLPPLVIVIGGEAFHFPGNVALCYQEFPEMRSTATSI
	TSVIGICFYTSTALIDIQRTTAWLPDDINHGRVDNVYVWL VIGGVNLGYFLVCSWLY
	RYRNLKDDDDHKQAAANVSH
	>Clon Ceres:1002997 Organismo:3769 Solapado:0 FL5:1
	MASSVTGDAETAISADSSTKRRGGGWTFPFMIATLLGLTIAAWGWLNLIVYLIEEFNV
	KSIAAAQIANIVSGCICMVPAAVAAIASDSFFGTIPVISVSFAFISLMGVALLTLTASLDTL

5	RRPCETASILCQSPSKTQLGVLYTAITLASIGTGGTRFTLATAGANQYEKTKDQGSFFN WFFFTYLAGAISATAIVYTEDNISWTLGFLSVAANFSLFVSGKRFYKHKDKPLGSP FTSLLCVIFAALRKRAVSTNEKDYHNESITMPTKSFRFFNRAALKQEDEVKPDGTIRN PWRLCSVQVEDFKAVIRIPLALATIFLSTPIAMQLSLTVLQGLVMDRRLGPSFKIPAG SLQVITLLSTCLFIIVNDRVLYPFYQKLTKGHLTPLQRVIGIGHAFNLSMAVTAIVEAKR LKIVQKGHFLGSSSVADMVSLWLPPLVIVGIGEAFFPGNVALCYQEFPEMRSTATSI TSVWIGICFYTSTALIDLIQRTTAWLPDDINHGVRDNDVYWLIVGGVLNLGYFLVCSWLY RYRNLDKDDHKKQAAVNSH*	10
15	>gi 15231202 ref NP_190152.1 familia de proteínas de transporte de oligopéptidos dependiente de protones (POT) [Arabidopsis thaliana] >gi 11357927 pir T47506 proteina hipotética F9K21.240 - Arabidopsis thaliana >gi 6996269 emb CAB75495.1 proteina putativa [Arabidopsis thaliana]	20
25	MSGVSVRDAEALKSADSTRSSGGRIITPFMIVTLFGLTLATLGLWLNLIYVLIIEYNMK SIAAAKILNIFSGFTMFPAIGAIAADSFPGTIPVILVSSFISLVGVLLALTTLTLDLSLR PQACETASKLCQAPTNIQLGVLYTAITLGCVGAGGLRFTLATAGANQYEKTKDQGSFFNW FFFTWYLAASISATAIVYAEENISWSFGGLCVAAANLLGLVIFISGKFKYKHKDKPLGSPF TSLLRVIFAIRKRAVSTNEKDYHSESKTPTKSFRFFNRAALKQDDDEVNSDGTIHNQ WRLCSVQVEDFKAVIRIPLVLAIFLSTPIAMQLGLTVLQGLVMDRRLGPHFKIPAGS LQVITLLSTCLFIIVNDRFLYPFYQKLTKGKFTPIQRVGIGHVFNILSMVTAIVEAKRL KIVQKGHFLGSSSVADMVSLWLPPLVIVGIGEAFFPGNVALCYQEFPEMRSTATSIT SVLIGICFYTSTALIDLIQRTTAWLPDDINHGVRDNDVYWLIVGGVLNLGYFLVCSWIFYK YRNLENADHEQDANVSH	30
35	>gi 34905798 ref NP_914246.1 transportador putativo de nitratos [Oryza sativa (cultivar del grupo japonica)] >gi 15289914 dbj BAB63609.1 transportador putativo de nitratos [Oryza sativa (cultivar del grupo japonica)] >gi 20146235 dbj BAB89017.1 transportador putativo de nitratos [Oryza sativa (cultivar del grupo japonica)]	40
45	MAMSATSSNLIVLVHKYVNVKAIHAAQISNVVRGCMQLAPVLAALSDAFFGYPPIAVAG LVFSLLSFVLFTLTAALPSLLPPCQQRGAGGGATATSCPPNAAQSAYLYAALCLLAAG NGGTRYNMAALGADQFAGEGQPRRRRQGGFFSCYFAFLYASYATGDTVLVYVQDGVSWA LGFGVCVATTGLAALLLGSRHYRRPVKGPSFTAMARVAAARKATVDLGSRVQYYH GCNRDDAVPRADQAPSDRFRFLNRAAMVVAGETREEDGSVAKPWRLCTVQQVEDVKSVVR VLPLWSSGILVSVTVNAQVSLTVLQALTMDRAVGPFAVPAASITVLAFAFLAAALFD RVAAPLCAAAGKLAITPLRRVGLGHALNVASMAVALVERRRIGAAARGRAAAAAVPMMS VLWLVPQLALTGAEEALHPGNTALFYGELPASLRGTATAMPPLFIAAGSYLSAAAVDAV KRGTTWLPDDLNASRLDCVYWTAVLAVALNLGYFLLCATTYKYNNGGDDGNVKAQTQTD DVS	50
55	>psiblast/cDNA_ID:13575971 MAS(L,S)V<0-1>tIGD(K,A)E<0-1>t(Q,A)StD(P,S)tKtR<0- 2>GGWITFPFMAATLLGLtatrGWaaNLIVrLIEEFNaKSIAAAQItNa(A,V)(N,S)GCa(S,C)MaP(V,A)VAA(L,A)DSFFG(N,T)IPVIt(A,V)StFISLaGa(V,A)	60
65	Secuencias de Consenso:	

	LLTL(I,T)ASLD(Y,T)LRPRPCEttSaL<0-7>C(T,Q)(P,S)PSK(L,T)(H,Q)LGaLYTAatL(V,A)t(T,I)GtGGTRFTTaAtAGANQY<0-6>EK(P,T)KnQGSFFNWf(L,F)T(L,T)Y(A,L)t(I,A)(T,I)ATAIVY(I,T)(Q,E)DN(A,I)SW(K,T)LGFG(L,C,S)(A,V)AAN(L,F)(I,F)SFaVFSVGKRrYKHDKP aGSPFTSLa(R,C)Va(V,F)A(T,L)(V,R)KRKAvaS(C,T)NE(E,K)DYH(H,N)<0-8>(T,E)S(A,I)tMPKKSFRF(L,F)NRAAL(M,K)(T,Q)(K,E)Dna<0-1>(Q,K)(K,P)nGta(N,R)N(I,P)WRRLCSVQ(E,Q)VEDFKAaaRa(F,I)PL(W,A)lt(I,T)IFaSTPa(V,A)MQ(T,L)JSL(I,T)VLQtl(V,T,M)DR(G,R)LGP(N,S)FKa PAGSLQV(I,T)aatCa(V,F)Ila(N,N,D)(W,R)aarP(M,F)Y(K,Q)KLt(H,G)K(L,H)LTPLQ+VGIG(Q,H)(V,A)(L,F)(T,N)ILSMAatAaVEAKRLK(T,I)(V,E,Q)(N,K)<0-1>GH<0-7>(P,D)MSVLWLFPPLVVIGGEAF(Q,H)FPrNa(E,A)(L,F,C)Y(G,Q)JEFPESaR(N,S)TATSaTSVVIG(I,S,C)FY(L,T)STALDIQRTTAWLP(N,D)DINHGRVDNVYWaLVIGGaLN(F,L)GYFLVCSWaY+YRNLK<0-1>D(N,D)D(Q,H)(E,K)Q																																																																																																								
Promotor utilizado en los experimentos con el Fenotipo:	35S, un potente promotor constitutivo																																																																																																								
ID de Evento/Semill a obtenida de los experimentos con fenotipos:	SR00790-F1 y -F5 (Generado fuera del Proceso de Construcción del Vector http).																																																																																																								
Datos del Fenotipo:	Se recogieron y analizaron mediante GC/MS tejidos procedentes de diferentes eventos (F1, F2, F3, F4) de plantas transgénicas T2 de Arabidopsis thaliana con sobreexpresión de cDNA 13575971. Se utilizó Norvalina como norma interna de normalización de los Datos. El peso de la muestra utilizada en los experimentos y los datos procedentes de ejemplares naturales también se utilizaron para normalizar los Datos que se muestran a continuación. Los valores de la tabla siguiente se refieren a los resultados de ejemplares naturales. Los resultados naturales se normalizan a 1. Los datos que se muestran a continuación muestran los incrementos con respecto al ejemplar natural. <table><tr><th></th><th>F1</th><th>F2</th><th>F3</th><th>F4</th><th>Media</th><th>Desv, Est,</th><th>%desv est</th></tr><tr><td>Alanina</td><td>2,447497</td><td>1,726807</td><td>1,630749</td><td>1,585402</td><td>1,84761383</td><td>0,404244177</td><td>21,87926</td></tr><tr><td>Glicina</td><td>2,836728</td><td>1,35106</td><td>1,505477</td><td>1,444197</td><td>1,784365498</td><td>0,7044417</td><td>39,47855</td></tr><tr><td>Valina</td><td>1,471038</td><td>1,066523</td><td>1,166393</td><td>0,968126</td><td>1,168019977</td><td>0,217625026</td><td>18,63196</td></tr><tr><td>Norvalina</td><td>1</td><td>1</td><td>1</td><td>1</td><td>1</td><td>0</td><td>0</td></tr><tr><td>Leucina</td><td>1,60277</td><td>1,263418</td><td>1,246465</td><td>1,002828</td><td>1,278870223</td><td>0,246576022</td><td>19,28077</td></tr><tr><td>Isoleucina</td><td>1,779376</td><td>1,20406</td><td>1,303902</td><td>1,133489</td><td>1,35520693</td><td>0,291293469</td><td>21,49439</td></tr><tr><td>Treonina</td><td>1,296984</td><td>1,095072</td><td>1,173717</td><td>1,060234</td><td>1,156501762</td><td>0,104996064</td><td>9,078764</td></tr><tr><td>Serina</td><td>1,219303</td><td>1,123323</td><td>1,454117</td><td>1,228986</td><td>1,256432288</td><td>0,140153942</td><td>11,15491</td></tr><tr><td>Prolina</td><td>1,477831</td><td>0,819607</td><td>0,895881</td><td>0,968797</td><td>1,040528662</td><td>0,297830046</td><td>28,62295</td></tr><tr><td>Asparagina</td><td>1,499773</td><td>1,337768</td><td>1,477688</td><td>1,125154</td><td>1,360095794</td><td>0,172273113</td><td>12,66625</td></tr><tr><td>Ácido aspártico</td><td>1,011512</td><td>0,652204</td><td>0,902876</td><td>0,890343</td><td>0,86423383</td><td>0,151461909</td><td>17,52557</td></tr><tr><td>Metiomina</td><td>0</td><td>3,111742</td><td>3,811581</td><td>1,578663</td><td>2,125496234</td><td>1,696302057</td><td>79,80734</td></tr></table>		F1	F2	F3	F4	Media	Desv, Est,	%desv est	Alanina	2,447497	1,726807	1,630749	1,585402	1,84761383	0,404244177	21,87926	Glicina	2,836728	1,35106	1,505477	1,444197	1,784365498	0,7044417	39,47855	Valina	1,471038	1,066523	1,166393	0,968126	1,168019977	0,217625026	18,63196	Norvalina	1	1	1	1	1	0	0	Leucina	1,60277	1,263418	1,246465	1,002828	1,278870223	0,246576022	19,28077	Isoleucina	1,779376	1,20406	1,303902	1,133489	1,35520693	0,291293469	21,49439	Treonina	1,296984	1,095072	1,173717	1,060234	1,156501762	0,104996064	9,078764	Serina	1,219303	1,123323	1,454117	1,228986	1,256432288	0,140153942	11,15491	Prolina	1,477831	0,819607	0,895881	0,968797	1,040528662	0,297830046	28,62295	Asparagina	1,499773	1,337768	1,477688	1,125154	1,360095794	0,172273113	12,66625	Ácido aspártico	1,011512	0,652204	0,902876	0,890343	0,86423383	0,151461909	17,52557	Metiomina	0	3,111742	3,811581	1,578663	2,125496234	1,696302057	79,80734
	F1	F2	F3	F4	Media	Desv, Est,	%desv est																																																																																																		
Alanina	2,447497	1,726807	1,630749	1,585402	1,84761383	0,404244177	21,87926																																																																																																		
Glicina	2,836728	1,35106	1,505477	1,444197	1,784365498	0,7044417	39,47855																																																																																																		
Valina	1,471038	1,066523	1,166393	0,968126	1,168019977	0,217625026	18,63196																																																																																																		
Norvalina	1	1	1	1	1	0	0																																																																																																		
Leucina	1,60277	1,263418	1,246465	1,002828	1,278870223	0,246576022	19,28077																																																																																																		
Isoleucina	1,779376	1,20406	1,303902	1,133489	1,35520693	0,291293469	21,49439																																																																																																		
Treonina	1,296984	1,095072	1,173717	1,060234	1,156501762	0,104996064	9,078764																																																																																																		
Serina	1,219303	1,123323	1,454117	1,228986	1,256432288	0,140153942	11,15491																																																																																																		
Prolina	1,477831	0,819607	0,895881	0,968797	1,040528662	0,297830046	28,62295																																																																																																		
Asparagina	1,499773	1,337768	1,477688	1,125154	1,360095794	0,172273113	12,66625																																																																																																		
Ácido aspártico	1,011512	0,652204	0,902876	0,890343	0,86423383	0,151461909	17,52557																																																																																																		
Metiomina	0	3,111742	3,811581	1,578663	2,125496234	1,696302057	79,80734																																																																																																		

	4-Hidroxiprolina	2,454889	2,098777	0,953648	1,102636	1,652487586	0,737955758	44,65726
	Ácido glutámico	1,039939	0,748178	1,087898	1,061484	0,984374666	0,158681406	16,12002
	Fenilalanina	1,968117	1,171159	1,068243	0,985134	1,298163548	0,453070649	34,90089
	Csteína	1,60107	1,370199	0,89253	1,118771	1,245642511	0,306935153	24,64071
	Glutamina	3,271199	2,275231	0,784229	2,108138	2,109698997	1,021984243	48,44218
	Ornitina	1,470473	1,304616	1,0396	0,620774	1,108865611	0,370634177	33,42463
	Lisina	1,421104	0,552388	0,913087	0,751493	0,909517827	0,371594569	40,85622
	Histidina	1,329111	1,092715	1,392017	0,661689	1,118882809	0,330912404	29,57525
	Tirosina	1,960803	1,230393	1,644004	1,328447	1,540911856	0,330908019	21,47482

Se recogieron y analizaron tejidos de plantas transgénicas T2 de Arabidopsis thaliana con sobreexpresión de cDNA 13575971 mediante un analizador C/N. Los datos que figuran a continuación se normalizaron mediante el peso de las muestras utilizadas en los experimentos y los datos naturales. Los valores de la tabla siguiente se refieren a los resultados de la planta natural. Los resultados naturales se normalizaron a 1. Los datos que se muestran a continuación muestran los incrementos con respecto al ejemplar natural.

	Promedio de incremento en % de Nitrógeno y Carbono para todos los eventos		
Nitrógeno	0,899248887		
Carbono	1,030809604		

Tabla 1. Análisis del cuadrado de Ji del fenotipo tolerante a la MSX al cabo de 7-9 días tras la plantación de semillas T₂ de eventos SR00790-F1 (suponiendo una proporción de 3:1 (R:S)).

Evento	Observado	Previsto	χ ²	Probabilidad del Test Ji
Tolerante a la MSX	28	27	0,037	0,70
Sensible a MSX	8	9	0,111	
	36	36	0,148	

Tabla 2. Análisis del cuadrado de Ji del fenotipo tolerante a la MSX al cabo de 7-9 días tras la plantación de semillas T₂ procedentes de eventos SR00790-F5 (suponiendo una proporción de 15:1 (R:S)).

Evento	Observado	Previsto	χ ²	Probabilidad del Test Ji
Tolerante a la MSX	34	33.75	0,002	0,86
Sensible a MSX	2	2.25	0,028	

	36	36	0,030	

Tabla 3. Análisis del cuadrado de Ji correspondiente a la resistencia a Basta™ entre la progenie de eventos SR00790 T ₂ (SR00790-F1 (3:1) y SR00790-F5 (15:1))				
Evento	Observado	Previsto	χ ²	Probabilidad del Test Ji
SR00790-F1 Resistente a Basta™	29	28,5	0,035	0,85
SR00790-F1 Sensible a Basta™	9	9,5		
	38	38		
SR00790-F5 Resistente a Basta™	36	35,63	0,063	0,80
SR00790-F5 Sensible a Basta™	2	2,37		
	38	38		

Contenido de clorofila de las plantas T₂ de SR00790-F1 en comparación con las plantas naturales de control. El análisis se realizó al cabo de 12-14 días tras la plantación en bandejas de cultivo.

t-Test: Two-Sample Assuming Unequal Variances

	6056-F1	Control
Mean	8,398256	7,517382
Variance	3,49274	5,417859
Observations	15	15
Hypothesized Mean Difference	0	
df	0	27
t Stat	1,142894	
P(T<=t) one-tail	0,131558	
t Critical one-tail	1,703288	
P(T<=t) two-tail	0,263116	
t Critical two-tail	2,051829	

Contenido de clorofila de las plantas T₂ de SR00790-F5 en comparación con las plantas naturales de control. El análisis se realizó al cabo de 12-14 días tras la plantación en bandejas de cultivo.

t-Test: Two-Sample Assuming Unequal Variances			
	6056-F5	Control	
Mean	2.221262	1.700295	
Variance	0.106071	0.608724	
Observations	16	16	
Hypothesized Mean Difference	0		
df	20		
t Stat	2.464787		
P(T<=t) one-tail	0.011444		
t Critical one-tail	1.724718		
P(T<=t) two-tail	0.022887		
t Critical two-tail	2.085962		

TABLA I-G

Nombre de la fila	
Nº de Informe	61.1 - NB42-35s 2997404
Descripción general del gen	El Clon 2997404 es una secuencia genómica de Ws procedente de At3g45690. El cDNA 2997404 representa este gen en la base de datos Ceres. El Clon 2997404 codifica un transportador putativo de nitratos con una longitud de 467 aminoácidos.
Utilidad general del gen:	- El transporte de péptidos desde tejidos fuente a tejidos sumidero puede mejorar la eficiencia del uso del nitrógeno durante la germinación de la semilla, y el establecimiento de la fuerza y la senescencia de la semilla. La expresión del transportador a través de promotores con diferentes patrones de expresión espacial y temporal y que coincidan con el proceso objetivo constituiría el punto de partida más adecuado. Por ejemplo, la expresión del transportador a través de un promotor que sea muy activo durante la germinación de la semilla y se encuentre localizado en los tejidos vasculares puede ayudar a incrementar el transporte desde el tejido de almacenamiento al meristema y las hojas en desarrollo. Alternativamente, el aumento de la expresión durante la senescencia de la hoja puede mejorar el transporte de nitrógeno desde las hojas de origen a las semillas en desarrollo. - Este cDNA principal podría resultar útil a la hora de conseguir plantas insensibles a los cambios que activan el N ambiente realizados en las prácticas de abono, para la conservación de los abonos nitrogenados y para la conservación del medio ambiente. - Se recomienda comprobar los transgénicos con un mayor o menor N ambiente y verificar el contenido de clorofila (verdor) y la capacidad de fotosíntesis (transporte de electrones). También debe comprobarse si las plantas que tienen un mayor verdor tienen una mayor capacidad de búsqueda (niveles de sucrosa, transporte de la sucrosa, relleno de las semillas). - Como el gen está muy expresado en las raíces, sería muy ventajoso sobreexpresarlo con promotores específicos de la raíz.
Resumen de las Funciones del Gen:	RESUMEN: - La expresión errónea del clon Ceres 2997404 bajo el control del promotor 35S induce la tolerancia a unas elevadas condiciones de carbono (sucrosa). - Las líneas de plantas del clon Ceres 2997404, tanto heterocigóticas como homocigóticas no muestran fenotipos nocivos en condiciones de cultivos normales o de stress. El CDS del clon 2997404 codifica una proteína de longitud completa con homología a un transportador de péptidos putativo de la Arabidopsis. El cDNA se clonó en función de la información publicada que indica que participa en la absorción del nitrógeno. Esta proteína está también relacionada con los transportadores de péptidos, lo que se presentó en el informe principal 32.1, 46.1, 59.1 y 60.1 (Figura 1). Las dos proteínas comparten un 33% de identidad a lo largo de toda la longitud de la proteína más corta en el Informe Principal 32.1. Resulta interesante el hecho de que este transportador de nitratos específico mostró tan sólo respuesta a las condiciones de carbono y no a la MSX. Las plantas cuentan con diversos medios para hacer frente a las deficiencias de nutrientes. Uno de los mecanismos más importantes para ello consiste en secuestrar o almacenar el nitrógeno en épocas de abundancia para su posterior utilización. Los transportadores de péptidos son una de las clases de proteínas que probablemente participan en este proceso. Se han publicado muy pocos informes acerca de los transportadores de péptidos de las plantas que indican que desempeñan un papel no explorado en el crecimiento y el desarrollo de la planta. Los transportadores de péptidos son transportadores mediados por portadores y dependientes de la energía. Los péptidos, que se han internalizado en la célula, se descomponen en aminoácidos, que a su vez se utilizan como fuentes de nitrógeno y carbono. La expresión errónea de un transportador de péptidos puede alterar mejor el equilibrio de nitrógeno y carbono de una planta, aportándole una ventaja en entornos

97

	TAGTCATTGTAGGAGTCTTGAAATTCGGCTATTTCCTTGCTCGCCTTGGTTTACAGATATAGAACCCTGAATGATGATCATGCAGCAACAAGATCCAAAAGACGATAAACCTAA
Coincidencias NR:	cDNA 2997404 (Previsto) v. planta SR00612 (in planta). Alineación de nucleótidos La coincidencia con las previsiones es idéntica al 99,23%. Se dan 10 cambios de par base, que probablemente se deben a diferencias en el ecotipo. No obstante, un cambio provoca un desplazamiento del marco/truncamiento cerca del final. Apparentemente se sigue produciendo una proteína de longitud completa, pero se trunca en comparación con la prevista. MARSVDTEAMTRDPSSKRGGWKTFFPMIATLLGLSIASFGVWMNLVFLLIKEFNISIAATQNSNVNGCVSMLPVVAAILADSFNIPVISVSASFIS LLGIILLTMITSLDLHRPPPCETGSILCESPSKLQLGILYIALALVIIGSAGRFTFLASAGANQEYPKEQSFFNWYFLTLYTGAITGATAIVYTQENASW KLGFGLCAVANLSIFIVSVSGKYRKHDKPMSPTNFLRVVVAATRKAIVSSREEDHYHGLGREGITSSAMPSPKSFRFNRRAALKTEDDSDVNINN WRLCSVQVEDFKAVFRVLPLLAIFVTMPMTQTSLILQAULTDRGLGPHEPKIPAGSLQVIVITACIVLNNCLVPYMYQKLAKHLTPLQKVGHGVFIILMAISAIVEAKRLKTVTNHGHSMSLVWLHRDFIASVVIGISFYLSALTALIQTTKTLPNNDINHGRVDNVYWLLVVGVLNFVLCAWFYRYRNLN DDDDEQQEPKDODDT*
Secuencia proteínica:	MARSVDTEAMTRDPSSKRGGWKTFFPMIATLLGLSIASFGVWMNLVFLLIKEFNISIAATQNSNVNGCVSMLPVVAAILADSFNIPVISVSASFIS LLGIILLTMITSLDLHRPPPCETGSILCESPSKLQLGILYIALALVIIGSAGRFTFLASAGANQEYPKEQSFFNWYFLTLYTGAITGATAIVYTQENASW KLGFGLCAVANLSIFIVSVSGKYRKHDKPMSPTNFLRVVVAATRKAIVSSREEDHYHGLGREGITSSAMPSPKSFRFNRRAALKTEDDSDVNINN WRLCSVQVEDFKAVFRVLPLLAIFVTMPMTQTSLILQAULTDRGLGPHEPKIPAGSLQVIVITACIVLNNCLVPYMYQKLAKHLTPLQKVGHGVFIILMAISAIVEAKRLKTVTNHGHSMSLVWLHRDFIASVVIGISFYLSALTALIQTTKTLPNNDINHGRVDNVYWLLVVGVLNFVLCAWFYRYRNLN DDDDEQQEPKDODDT*
	La coincidencia con gi_15231216 es idéntica al 98% hasta el desplazamiento, y después del desplazamiento, es idéntica al 93%. Véase a continuación la alineación de la proteína completa)
	Suma Punt. Probabilidad Elevada P(N) N
	Pares de segmentos con las que se obtienen Secuencias con las que se obtienen Pares de segmentos con una elevada puntuación: gi 15231216 ref NP_190155.1 proton-dependent oligopeptid... 2187 5.8e-265 2 gi 15231215 ref NP_190154.1 proton-dependent oligopeptid... 1791 2.6e-220 2 gi 26450397 dbj BAC42313.1 proteína transportadora putativa ... 1787 6.8e-220 2 gi 30692629 ref NP_190157.2 proton-dependent oligopeptid... 1669 3.8e-206 2 gi 11358696 pir T47511 probable proteína transportadora - Ar... 1643 2.1e-203 2 gi 26449486 dbj BAC41869.1 proteína transportadora putativa ... 1639 1.3e-201 2 gi 15231217 ref NP_190156.1 proton-dependent oligopeptid... 1639 1.3e-201 2 >gi 15231216 ref NP_190155.1 proton-dependent oligopeptide transport (POT) family protein [Arabidopsis thaliana] >gi 11358694 pir T47509 probable proteína transportadora - Arabidopsis thaliana >gi 7019635 emb CAC75782.1 proteína de transporte putativa [Arabidopsis thaliana] Longitud = 516
	Más las HSPs: Puntuacion = 2187 (774.9 bits), Previsión = 5.8e-265, Suma P(2) = 5.8e-265 Identidades = 430/438 (98%), Positivas = 435/438 (99%), Marco = +1
	Query: 1 MARSVDTEAMTRDPSSKRGGWKTFFPMIATLLGLSIASFGVWMNLVFLLIKEFNISIA 180 MARSVDTEAMTRDPSSKRGGWKTFFPMIATLLGLSIASFGVWMNLVFLLIKEFNISIA

5		Sbjct: 1 MARSVDTEAMTTTRDPSSKRGGWKTFPFMIATLLGLSIASFGWVMNLVFLIKEFIKSIA 60
10		Query: 181 ATQISNIVNGCVSMFPVIAAILADSFEGNIPVISVSFAISLLGIVLLTMITSLDYLRRPPP 360 ATQ SNIVNGCVSM PV+AAILADSFEGNIPVISVSFAISLLG+LLTMITSLD+LRPPP
15		Sbjct: 61 ATQNSNIVNGCVSMLPVAAAILADSFEGNIPVISVSFAISLLGIILLTMITSLDHLRPPP 120
20		Query: 361 CETGSILCQSSSKLQLGILYIALALVIIGSAGTRFTLASAGANQYEKPEQGSFFNWYFL 540 CETGSILC+S SKLQLGILYIALALVIIGSAGTRFTLASAGANQYEKPEQGSFFNWYFL
25		Sbjct: 121 CETGSILCESPSKLQLGILYIALALVIIGSAGTRFTLASAGANQYEKPEQGSFFNWYFL 180
30		Query: 541 TYTGAITGATAIVYTQENASWKLGFGLCAVANLISFIVSVGKRYKHDKPMGSPFTNL 720 TYTGAITGATAIVYTQENASWKLGFGLCAVANLISFIVSVGKRYKHDKPMGSPFTNL
35		Sbjct: 181 TYTGAITGATAIVYTQENASWKLGFGLCAVANLISFIVSVGKRYKHDKPMGSPFTNL 240
40		Query: 721 IRVVAAATRKRAVISSREEDYHHGLGREGKTSSAMPSKSFRRFFNRAALKTEDDSVNNNW 900 IRVVAAATRKRAVISSREEDYHHGLGREGKTSSAMPSKSFRRFFNRAALKTEDDSVNNNW
45		Sbjct: 241 IRVVAAATRKRAVISSREEDYHHGLGREGKTSSAMPSKSFRRFFNRAALKTEDDSVNNNW 300
50		Query: 901 RLCSVQEVEDFKAVFRVLP LL LAIFVSTPMVTQTSLLILKALVTDRLGLPHFKIPAGSL 1080 RLCSVQEVEDFKAVFRVLP LL LAIFVSTPMVTQTSLLIL+ALVTDRLGLPHFKIPAGSL
55		Sbjct: 301 RLCSVQEVEDFKAVFRVLP LL LAIFVSTPMVTQTSLLILQALVTDRLGLPHFKIPAGSL 360
60		Query: 1081 QVIVITACIVILMNNCLVYPMYQKLAHKPLTPLOKVGIGHVFIILSMAISAIVEAKRLK 1260 QVIVITACIVILMNNCLVYPMYQKLAHKPLTPLOKVGIGHVFIILSMAISAIVEAKRLK
65		Sbjct: 361 QVIVITACIVILMNNCLVYPMYQKLAHKPLTPLOKVGIGHVFIILSMAISAIVEAKRLK 420
		Query: 1261 TVTNGHSM SVLWHLRDFI 1314 TVTNGHSM SVLWHLRDFI
		Sbjct: 421 TVTNGHSM SVLWHLRDFI 438
		Score = 401 (146.2 bits), Expect = 5.8e-265, Sum P(2) = 5.8e-265 Identities = 76/81 (93%), Positives = 77/81 (95%), Frame = +2
		Query: 1313 LTSVVIGISFYLS TALITLIQKTTKWLPN DINHGRVGNVYLLVIVGLNFGYFLVCAWF 1492 + SVVIGISFYLS TALITLIQKTTKWLPN DINHGRV NYWLLVIVGLN YFLVCAWF
		Sbjct: 438 IASVVIGISFYLS TALITLIQKTTKWLPN DINHGRVDNVYLLVIVGLN--YFLVCAWF 495
		Query: 1493 YRYRNLNDDDDQEQDPKDDTT 1555 YRYRNLNDDDDQEQDPKDDTT
		Sbjct: 496 YRYRNLNDDDDQEQDPKDDTT 516
	Secuencia	

proteínica; Observacione s:								
Secuencias Homóloga/Ort ólogo:	Similar a los homólogos/ortólogos de cDNA ID 13575971							
Promotor utilizado en los experimentos con el Fenotipo:	35S, un potente promotor constitutivo							
ID de Evento/Semill a obtenida de los experimentos con fenotipos:	SR00612-F1, -F3 y -F4 (Generado fuera del Proceso de Construcción del Vector http)							
Datos del Fenotipo:	Se recogieron y analizaron mediante GC/MS tejidos procedentes de diferentes eventos (F1,F2,F3, F4) de plantas transgénicas T2 de Arabidopsis thaliana con sobreexpresión de cDNA 2997404. Se utilizó Norvalina como norma interna de normalización de los Datos. El peso de la muestra utilizada en los experimentos y los datos procedentes de ejemplares naturales también se utilizaron para normalizar los Datos que se muestran a continuación. Los valores de la tabla siguiente se refieren a los resultados de ejemplares naturales. Los resultados naturales se normalizan a 1. Los datos que se muestran a continuación muestran los incrementos con respecto al ejemplar natural.							
	F1	F2	F3	F4	Media	Desv, Est,	%desv est	
Alanina	1,460507	1,445857	1,922058	1,399254	1,556919147	0,2448222775	15,72482	
Glicina	1,497865	1,442913	2,583561	0,9626	1,621734848	0,684808671	42,22692	
Valina	1,350691	1,232583	1,442426	1,059538	1,271309489	0,165256413	12,99891	
Norvalina	1	1	1	1	1	0	0	
Leucina	1,55313	1,132308	1,65679	0,997294	1,334880506	0,319509385	23,93543	
Isoleucina	1,556046	1,191079	1,619326	0,946202	1,328163198	0,316960757	23,86459	
Treonina	0,949066	1,182587	1,187046	1,056331	1,093757435	0,113914896	10,41501	
Serina	1,333438	1,473036	1,194863	1,27902	1,320088907	0,116817825	8,849239	
Prolina	1,130845	1,493873	2,139653	1,138323	1,475673694	0,473959306	32,11816	
Asparagina	1,295401	1,095638	1,227728	1,096694	1,178865513	0,099409743	8,432662	
Ácido aspártico	0,894868	0,91043	1,048188	0,808431	0,915479288	0,099199034	10,83575	
Metionina	1,411963	0,253751	1,32452	0,200539	0,797693043	0,660136225	82,75567	

4- Hidroxiprolina Ácido glutámico Fenilalanina Glutamina Ornitina Lisina Histidina Tirosina Triptófano	1,144093	1,015613	1,164631	0,779627	1,025990803	0,176985519	17,25021
	1,083873	1,026791	1,118863	0,879544	1,027267802	0,105540641	10,27392
	1,707084	1,667052	2,360661	1,24013	1,743731745	0,462399332	26,5178
	1,055007	1,007799	1,408361	1,022096	1,123316044	0,191055379	17,00816
	1,475806	1,771737	1,51654	0,943038	1,426780142	0,348071604	24,3956
	1,052543	1,10626	0,931314	1,021592	1,027927081	0,073294499	7,130321
	3,507947	3,311038	5,362156	2,8434	3,756135114	1,106360019	29,45474
	1,385792	1,134029	1,084845	1,202053	1,201679884	0,13181361	10,96911
	1,988564	1,337279	1,73815	1,307302	1,592823764	0,32891524	20,64982

Se recogieron y analizaron tejidos de plantas transgénicas T2 de Arabidopsis thaliana con sobreexpresión de cDNA 2997404 mediante un analizador C/N. Los datos que figuran a continuación se normalizaron mediante el peso de las muestras utilizadas en los experimentos y los datos naturales. Los valores de la tabla siguiente se refieren a los resultados de la planta natural. Los resultados naturales se normalizaron a 1. Los datos que se muestran a continuación muestran los incrementos con respecto al ejemplar natural.

	Promedio de incremento en % de Nitrógeno y Carbono para todos los eventos
Nitrógeno	0,979091508
Carbono	1,022005252

Tabla 1. Análisis del cuadrado de Ji del fenotipo de tolerancia a elevadas concentraciones de sucrosa al cabo de 4-5 días tras la plantación de semillas T₂ de eventos SR00612-F1 (suponiendo una proporción de 3:1 (R:S)).

Evento	Observado	Previsto	χ ²	Probabilidad del Test Ji
Tolerante a HS	20	27	1,81	0,007
Sensible a HS	16	9	5,44	
	36	36	7,26	

Tabla 2. Análisis del cuadrado de Ji del fenotipo de tolerancia a elevadas concentraciones de sucrosa al cabo de 4-5 días tras la plantación de semillas T₂ procedentes de eventos SR00612-F3 (suponiendo una proporción de 15:1 (R:S)). This ratio does not match the ratio found for Basta™ segregation.

Evento	Observado	Previsto	χ ²	Probabilidad del Test Ji
Tolerante a HS	21	24,75	0,568	0,13
Sensible a HS	12	8,25	1,70	
	33	33	2,27	

Tabla 3. Análisis del cuadrado de Ji del fenotipo de tolerancia a elevadas concentraciones de sucrosa al cabo de 4-5 días tras la

plantación de semillas T ₂ procedentes de eventos SR00612-F4 (suponiendo una proporción de 3:1 (R:S)).		Probabilidad del Test Ji		
Evento	Observado	Previsto	X ²	
Tolerante a HS	20	27	1,81	0,007
Sensible a HS	16	9	5,44	
	36	36	7,26	

Tabla 4. Análisis del cuadrado de Ji para la resistencia a Basta™ entre la progenie de los eventos SR00609 T ₂ .				
Evento	Resistente	Sensible	Total	Cuadrado de Ji
SR006102-F1	30	7	37	0,730 (3:1)
SR006102-F3	38	0	38	2,53 (15:1)
SR006102-F4	30	9	39	0,077 (3:1)

TABLA I-H

Nº de Informe	62.1 - NB42-35s 13649807
Descripción general del gen	El Clon 3086056 corresponde a Ceres cDNA 13649807 que codifica un transportador putativo de nitratos procedente de la Arabidopsis. El cDNA 13649807 codifica una proteína putativa 591 transportadora de nitratos de aminoácidos. Se observó un polimorfismo al efectuar una comparación de la secuencia <i>in planta</i> con la prevista, que es silente en la traducción de la proteína. Posiblemente, esta diferencia se debe al hecho de que la secuencia <i>in planta</i> es Ws y la prevista es Col.
Utilidad general del gen:	- Este cDNA principal podría resultar útil a la hora de conseguir plantas insensibles a los cambios que activan el N ambiente realizados en las prácticas de abono, para la conservación de los abonos nitrogenados y para la conservación del medio ambiente. - Se recomienda comprobar los transgénicos con un mayor o menor N ambiente y verificar el contenido de clorofila (verdor) y la capacidad de fotosíntesis (transporte de electrones). También debe comprobarse si las plantas que tienen un mayor verdor tienen una mayor capacidad de búsqueda (niveles de sucrosa, transporte de la sucrosa, relleno de las semillas). - Teniendo en cuenta que el gen está muy sobreexpresado en las raíces, resultaría ventajosa su expresión errónea con promotores específicos de la raíz.
Rasgos que pueden modular el Gen y sus Homólogos/O rtólogos:	Puede alterarse el balance de nitrógeno/carbón en una planta C4 en comparación con una planta C3. Esto podría tenerse en cuenta en el caso de que el cDNA Principal se pruebe en el maíz.
Subrasgos que pueden modular el Gen y sus Homólogos/O rtólogos:	- Este cDNA principal podría resultar útil a la hora de conseguir plantas insensibles a los cambios que activan el N ambiente realizados en las prácticas de abono, para la conservación de los abonos nitrogenados y para la conservación del medio ambiente. - Se recomienda comprobar los transgénicos con un mayor o menor N ambiente y verificar el contenido de clorofila (verdor) y la capacidad de fotosíntesis (transporte de electrones). También debe comprobarse si las plantas que tienen un mayor verdor tienen una mayor capacidad de búsqueda (niveles de sucrosa, transporte de la sucrosa, relleno de las semillas). - Teniendo en cuenta que el gen está muy sobreexpresado en las raíces, resultaría ventajosa su expresión errónea con promotores específicos de la raíz.
Resumen de las Funciones del Gen:	- La expresión errónea del clon Ceres 1816383 bajo el control del promotor 35S induce la tolerancia a unas condiciones de ausencia de nitrógeno y una elevada concentración de sucrosa. - Las líneas de Plantas, que son heterocigóticas u homocigóticas para el Clon Ceres 1816383, no muestran fenotipos nocivos en condiciones de cultivos normales o de stress. - La expresión errónea del clon Ceres 1816383, con un potente promotor constitutivo (35S), tiene como resultado una serie de plantas con una mayor tolerancia al inhibidor de la asimilación del nitrógeno, la sulfoximina de metomina y a unas elevadas condiciones de carbono. - Debido a la respuesta mostrada por el clon 1816383 a la MSX y a unas condiciones de elevada concentración de sucrosa, esto apoya fuertemente su participación en el balance de carbono/nitrógeno. - Estas plantas no muestran fenotipos nocivos en condiciones de cultivos normales o de stress.

Aplicabilidad del Gen/rasgo al Maíz y otras especies: 13575971	La modulación de este gen y de sus homólogos/ortólogos puede utilizarse para modular fenotipos y funciones similares en otras especies, asumiendo la conservación del proceso que controla el crecimiento vegetativo entre las especies.
Secuencia del Nucleótido (de Ceres cDNA)	cDNA ID: 13649807 TGCACAAAAGAAACCAAGAGCTCTCAACAAAAACAGCCCTTTACATAAGAACAAACACCCCAAACTGCACAAAAAGAGAGATCATTAATCCATCTCAAGATGCTCTTCTCGTGAACATAATCTGATGATATCCTCTTGATGCTTGGGACTTCCAAAGCCGTCGCCGATCGCTCAAAAACCGCGCTGGCCAGCGCCCATGATCTTTGATTAGGCCGCTGGAGAGGCTGACGACGTAGGTATCGGAGTTAATCTGGTGACGTATTGACGGGAATATGCTATAGGCAATGCAACTGCGGTAAACACCGTTACCAATTTCTCGGAACCTTCTTTCATGCTCTCTCTCGGTGGCTTCATCGCCGATACCTTTCTCGGAGGTACCTTAACGATTGCTATATCGCCGCAATCCAAGCCAGGTTCAATCTTAACCTCTATCAACAATACGCTGCTCACTCGCAACAGCAAGTGAATACAACTGACGCTCCTATACCTAGCCCTTATACCTCACCGCTCAGCAACGGAGGCTGAGGCTAGTGTCTCGGTTTCGGGTCGGACCAATTCGATGAGACCGAACCAAAAGAACGATCGAAAAATGACATATCTTCAACCGTTCTTTGATCAACGTTGGCTCTCTTTAGCTGTGACGGTCTTGTCTACGTACAAAGACGATTTGGACGCAATGGGCTATGGAAATTTGCGCGTTTGGCATCGTGTGCACCTACGCTTTCTTGGCCGGAACAACCGCTACCGTTTCAAGAAATTGATCGGTAGCCGATGACGAGTTGCTCGGTTATCGTGGCGGTGGAGGATAGGAAGCTCGAGCTGCGGCGAGATCCGTCTATCTAGCATGTGGATGATATATTGGGCGGAAGTTACCTCGAATGATTAACAAGTGGACACTCTCAACACTAACAGATGTTGAGGATAGATAAGGCAGCAATAAGGATCAGGAAGCGGGAGTTACCTCGAATGATTAACAAGTGGACACTCTCAACACTAACAGATGTTGAGGAGTGAACAAATCGTGGAATGTTACCAATTTGGCAACATGATCCTCTTCTGGACCGTCCACGCTCAATTAACGACATTAACGTCGCACAATCCGAGACATTGGACCGTTCCATCGGGAGCTTCGAGATCCCTCCAGCATCGATGGCAGTCTTACGTCGGTGGCTCTCTCTAACCCCGCCGTATGACCGGTCGCCATTGCTATGCAAAAAGCTATTCAACTACCCCATGGTCTAAGACCGCTTCAACGGATCGGTTTGGGCTTTCTTCGGATCAATGGCTATGGCTGGCTGCTTTGGTCGAGCTCAACGCTTAGAACTGCACACGCTCATGGTCCAACAGTCAAAAACGCTTCCTCTAGGGTTTATCTACTATCCCAATATCTATTGTCGGTATCGCGAAGCGTTAATCTACACAGGACAGTAGATTCTCTTGAGAGAGTGCCCTAAAGGTATGAAGGGATGAGCAGGGTCTATTGTTGAGCACAATTGGCATTAGGCTTTTCTTCAGCTCGGTTCTCGTGACAATCGTCGAGAAATTCACCGGAAAGCTCATCCATGGATTGCCGATGATCTCAACAAGGGCGCTTTTACAATTTCTACTGGCTTGTGGCCGTACTTGTTGCCCTTGAACCTTCCCTATTTCCCTAGTTTCTCCAAGTGGTAGCTTTACAAGGAAAAAGACTAGCTGAGGTGGGATGAGTTGGATGATGAGCCGATATCCAATGGGTCAATTGATCATGAATTCATGATCATGATGATGAACATTAAGCATGCTATGTTGATGATGTTTGAATTTGATTTTGGATTTGTTGATATTTTATGATGCTTTTCTTAATTACCTCTTGTTCGGAGTCGACAAATAATGGACCGACCGGATAAGGGATAAAAGTTAAAGTTTTCCCATCAGGTTCTGTATAAAGCAGAAATTGTAACATTTCTTAAGATTTGACGC
Secuencia del Nucleótido (de la planta transformada)	Secuencia procedente de SR00609 (Los tres eventos se secuenciaron, obteniéndose el mismo resultado) >clone_1816383_inplanta_experimental ATGTCTCTTCTCTGAACTAAATCTGATGATATCCTTCTTGATGCTTGGGACTTCCAAGGCGCTCCCGCCGATCGCTCAAAAACCGGGCTGGGCCGCGCCGCCATGATCTTTGATTGAGGCGGTGAGAGGCTGACGACGTAGGTATCGGAGTTAATCTGGTGACGTATTTGACGGGAACATATGATTTAGGCAATGCAACTGCGGCTAACACCGTTACCAATTTCTCGGAACTCTTTCATGCTCTGCTCGGTGGCTTCATCGCCGATACCTTTCTCGGCAAGTACCTAACGATGCTATATCGCCGCAATCCAAGCCACGGGTGTTCAATCTTAACTCTATCAACATACACGGGACTTCGACACCAAGATGC AATCCACAACCGTCTGCTACTGCGAACAAGCAAGTGAATACAACTGACGGTCTCTATAGCTTATACCTCACCGCTCTAGCAACCGGAGCGG TGAAGGCTAGTGCTCGGGTTTCGGGTTCGACCAATTCGATGAGACCGCAACCAAGAACGATCGAAATAGCATATTTCTTCAACCGTTCTCTTGTATCAACGTTGGCTCTCTTTAGCTGTGACGGTCTTGTCTACGTAGAAGACGATGTTGGACGCAATGGGCTATGGAATTTGCGGCTTTGCGA TCGTGCTTGCACTCAGCGTTTCTTGGCCGGAACAACCGCTACCGTTTCAAGAAAGTTGATCGGTAGCCCGATGACGAGGTTGCTGCGGTTATCGT GCGCGCGTGGAGGAATAGGAAGCTCGAGCTGCCGCGAGATCCGCTCTATCTACGATGTGGATGATATTTGCGGCGGAAGGTTTCGATGAAGG

	GTAAACAAAGCTGCCACACACTGAACAAATTCGGTTTCATTAGATAAGGCAGCAATAAGGGATCAGGAAGCGGGAGTTACCTCGAATGTATTCAACAA GTGGACACTCTCAACACTAACAGATGTTGAGGAAGTGAACAAATCGTGCAGATGTTACCAATTTGGGCAACATGCATCCTCTTCTGGACCGTCCAC GCTCAATTACGACATTATCAGTCGCACAAATCGGACATCGGAGCTTCGAGATCCCTCCAGCATCGATGGCAGTCTTCTACG TCGGTGGCTCCTCCTAACACCGCGTCTATGACCGCTGCGCATTCGCTATGCAAAAAGCTATTCAACTACCCCATGGCTTAAGACCGCTTCA ACGGATCGGTTTGGGGCTTTTCTCGGATCAATGGCTATGGCTGGCTGCTTTGGTGAGCTCAACCGCTTTAGAACTGCACACGCTCATGGTCCA ACGGTCAAAACGCTTCCCTAGGGTTTATCTACTCATCCACAATATCTATTGCGGTATCGGGAAGCGTTAATCTACACAGGACAGTTAGATTTC TTCTTGAGAGAGTCCCTAAAGGTATGAAAGGATGAGCAGCGGTCTATTGTTGAGCACATTGGCATAGGCTTTTCTTCAGCTCGGTTCTCGTGA CAATCGTCGAGAAATTCACCGGAAAGCTCATCCATGGATGCCGATGATCTCAACAGGCGCTTTACAATTTCTACTGGCTTGTGGCGGTACTT GTTGCTTGAACCTTCCTCATTTCTCTAGTTTCTCCAAGTGGTAGCTTACAAGGAAAAAGACTAGCTGAGGTGGGATTGAGTTGGATGATGAGCC GAGTATCCCAATGGGTCAATTGA	5 10 15 20 25 30 35 40 45 50 55 60																																
Secuencia proteínica:	MSLPETKSDILLDAWDFQGRPADRSKTGGWASAAAMILCIEAVERLTTLGIGNLVLYLTGTMHLGNATAANTVTNFLTGSFMLCLLGGFIADTFLGR YLTIIFAIAIQAATGVLSILTLSTIIPGLRPPRCNPPTSSHCEQAQSIQLTVLYLALYLTALGTGGVKASVSGFSDQDFDETPKERSKMTYFFNRRFFCINV GSLAVTVLVVQDDVGRKWGYGICAFIVLALSVELAGTNRVRFKLGSPMTQVAIVAAWRNRKLELPADPSYLYDVDDIAAEGSMKGKQKLP HTEQFRSLDKAAIRDQEAQVTSNFKWTLSTLTDVEEVQIVRMLPIWATCILFWTVHAQLTLSVAQSETLDRSIGSEIPPASMAVFYVGGLLT TAVYDRVAIRLCKLNFYPHGLRPLQRIQLGLFFGSMAMAAVALVELKRLRTAHAGPTVKTPLGFYLLIPQYLIVGIGEALYTGQLDFELRECPKG MKGMSTGLLLSTLALGFFSSVLVTEKFTGKAHPWIADLLNKGRLYNFYWLVAVLVALNFLIFLVFSKWYVYKEKRLAEVGIELDDEPSIPMGH*																																	
Coincidencias NR:	La coincidencia con gi 18391353 es idéntica al 100%. El cambio en el par base en la secuencia del nucleótido es silente en la Secuencia proteínica. Véase más adelante la alineación completa). <table><tr><th colspan="4">Suma</th></tr><tr><th colspan="2">Punt.</th><th colspan="2">Probabilidad</th></tr><tr><th colspan="2">Pares de segmentos con una elevada puntuación:</th><th>Elevada</th><th>P (N)</th></tr><tr><td>gi 18391353 ref NP_563899.1 nitrate/chlorate transporter...</td><td>3036</td><td>6.3e-315</td><td>1</td></tr><tr><td>gi 602292 gb AAA80582.1 RCH2 protein</td><td>2813</td><td>2.7e-291</td><td>1</td></tr><tr><td>gi 9971067 emb CAC07206.1 transportador de nitratos [Brassica ...</td><td>2788</td><td>1.2e-288</td><td>1</td></tr><tr><td>gi 28273098 dbj BAC56915.1 transportador de nitratos [Nicotian...</td><td>2047</td><td>3.9e-210</td><td>1</td></tr><tr><td>gi 28273096 dbj BAC56914.1 transportador de nitratos [Nicotian...</td><td>2040</td><td>2.2e-209</td><td>1</td></tr></table> >gi 18391353 ref NP_563899.1 nitrate/chlorate transporter (NRT1.1) (CHL1) [Arabidopsis thaliana] >gi 544018 sp Q05085 CHL1_ARATH Nitrate/chlorate transporter >gi 1076359 pir I A45772 nitrate-inducible transportador de nitratos - Arabidopsis thaliana >gi 166668 gb AAA32770.1 CHL1 >gi 3157921 gb AAC17604.1 Identical to nitrate/chlorate transporter cDNA gb L10357 from A. thaliana. ESTs gb H37533 and gb R29790, gb T46117, gb T46068, gb T75688, gb R29817, gb R29862, gb Z34634 and gb Z34258 come from this gene. [Arabidopsis thaliana] >gi 25082983 gb AAN72027.1 putative NPK1-related protein kinase 2 [Arabidopsis thaliana] >gi 31711732 gb AAP68222.1 At1g12110 [Arabidopsis thaliana] Length = 590	Suma				Punt.		Probabilidad		Pares de segmentos con una elevada puntuación:		Elevada	P (N)	gi 18391353 ref NP_563899.1 nitrate/chlorate transporter...	3036	6.3e-315	1	gi 602292 gb AAA80582.1 RCH2 protein	2813	2.7e-291	1	gi 9971067 emb CAC07206.1 transportador de nitratos [Brassica ...	2788	1.2e-288	1	gi 28273098 dbj BAC56915.1 transportador de nitratos [Nicotian...	2047	3.9e-210	1	gi 28273096 dbj BAC56914.1 transportador de nitratos [Nicotian...	2040	2.2e-209	1	
Suma																																		
Punt.		Probabilidad																																
Pares de segmentos con una elevada puntuación:		Elevada	P (N)																															
gi 18391353 ref NP_563899.1 nitrate/chlorate transporter...	3036	6.3e-315	1																															
gi 602292 gb AAA80582.1 RCH2 protein	2813	2.7e-291	1																															
gi 9971067 emb CAC07206.1 transportador de nitratos [Brassica ...	2788	1.2e-288	1																															
gi 28273098 dbj BAC56915.1 transportador de nitratos [Nicotian...	2047	3.9e-210	1																															
gi 28273096 dbj BAC56914.1 transportador de nitratos [Nicotian...	2040	2.2e-209	1																															
	inplanta experimental MSLPETKSDILLDAWDFQGRPADRSKTGGWASAAAMILCIEAVERLTTLG																																	

gi_18391353	MSLPETKSDDILLDAWDFQGRPADRSKTGTGWSAAMILCIEAVERLTTLG *****
implanta_experimental gi_18391353	IGVNLVTYLTGTMHLGNATAANTVNFLGTSFMLCLLGGFIADTFLGRYL IGVNLVTYLTGTMHLGNATAANTVNFLGTSFMLCLLGGFIADTFLGRYL *****
implanta_experimental gi_18391353	TIAFAAIQATGVLSILTLSTIIPGLRPPRCNPPTTSSHCEQASGIQLTVLY TIAFAAIQATGVLSILTLSTIIPGLRPPRCNPPTTSSHCEQASGIQLTVLY *****
implanta_experimental gi_18391353	LALYLTALGTGGVKASVSGFGSDQFDETEPKERSKMTYFFNRRFFCINVG LALYLTALGTGGVKASVSGFGSDQFDETEPKERSKMTYFFNRRFFCINVG *****
implanta_experimental gi_18391353	SLLAVTVLVYVQDDVGRKWGYGICAFALSVFLAGTNRYRFRKKLIGS SLLAVTVLVYVQDDVGRKWGYGICAFALSVFLAGTNRYRFRKKLIGS *****
implanta_experimental gi_18391353	PMTQVAIVAAWRNRKLELPADPSYLYDVDDIAAEGSMKGKQLPHT PMTQVAIVAAWRNRKLELPADPSYLYDVDDIAAEGSMKGKQLPHT *****
implanta_experimental gi_18391353	QFRSLDKAAIRDQEAAGVTNNVFNKWTLSLTDVEEVKQIVRMLPIWATCI QFRSLDKAAIRDQEAAGVTNNVFNKWTLSLTDVEEVKQIVRMLPIWATCI *****
implanta_experimental gi_18391353	LFWTVHAQLTTLVSAQSETLDRSIGSEIPPASMAVFYVGGLLTTAVYD LFWTVHAQLTTLVSAQSETLDRSIGSEIPPASMAVFYVGGLLTTAVYD *****
implanta_experimental gi_18391353	RVAIRLCKKLFNYPHGLRPLQRIGLGLFFGSMAMAVAALVELKRLRTAHA RVAIRLCKKLFNYPHGLRPLQRIGLGLFFGSMAMAVAALVELKRLRTAHA *****
implanta_experimental gi_18391353	HGPTVKTLPLGFYLLIPQYLIVGIGALYTGQDFFLRECPKMGKMST HGPTVKTLPLGFYLLIPQYLIVGIGALYTGQDFFLRECPKMGKMST *****
implanta_experimental gi_18391353	GLLLSTLALGFFSSVLVIVEKFTGKAHPWIADDNLKGRLYNFYWLVA GLLLSTLALGFFSSVLVIVEKFTGKAHPWIADDNLKGRLYNFYWLVA *****

	inplanta_experimental LVALNFLFLVFSKWVYVYKEKRLAEVGIELDDPSIPMGH gi_18391353 LVALNFLFLVFSKWVYVYKEKRLAEVGIELDDPSIPMGH ***** Porcentaje de identidad: 100.00%
Secuencias Homóloga/Ort óloga:	>Clon Ceres:1124508 Organismo:3708 Solapado:0 FL5:0 MSLPETKTQTLLDAWDFQGRPADRSKTGGWASAMILCIEAVERLTTLGIGVNLVTYLTG TMHLGNATAANTVTNFLTSMCLLGGFIADTFLGRYLTIAFAAIQATGVSILTLSTI IPGLRPPRCPTTSSHCVQANGIQLTVLYLALYTALGTGGKASVSGFGSDQFDDTEPK ERSQMTYFFENRFFFCINVGSLMAVTVLYIQDDVGRKWGYGICALAVLSLIFLAGTNR YRFKKLIGSPMTQGTVLVAWRNRRLPSDFLYDLDDVIAAEGSMKSKQLPHTNQ FRSLDKAAIKDQEMAMTQNVYKWTLSVTVDIEEVQIVRMPLPIWATCILFWTVHAQLTT LSVAQSETMDRHIGSFEPAPAMAVFYIGLLLTAVYDRLAIPCLKLFNYPHGLRPLQ RIGLGLLLAAMGMAVAALVEIKRLRTAHAGPTVKTPLGFSLLIPQYLIVGIGEALYIT QLDFFLRECPKGMKTMSTGLLLSTLALGFFFSVLVTIVEKVTDKAHPWIADDLNKGRL NYFYWLVAIVVALNFLVFLVFSKWVYVYKEKRLADL GIELEDEPDIPMGH* >gi19971067 embj CAC07206.1 transportador de nitratos [Brassica napus] MSLPETKSQTLLDAWDFQGRPADRSKTGGWASAMILCIEAVERLTTLGIGVNLVTYLTG TMHLGNATAANTVTNFLTSMCLLGGFIADTFLGRYLTIAFAAIQATGVSILTLSTI IPGFPPTCPTTSSHCVQPSGQLTVLYLALYTALGTGGKASVSGFGSDQFDETEPK QSQMTYFFENRFFFCINVGSLAVTVLYMQDDVGRKWGYGICALAVLSLIFLAGTNR RFFKKLIGSPMTQAAVIVAANWRRLPSDFLYDLDDVIAAEGSMKSKQLPHTNQF RSLDKAAIKDQEMAMTQNVYKWTLSVTVDIEEVQIVRMPLPIWATCILFWTVHAQLTT SVAQSETMDRHIGSFEPAPAMAVFYIGLLLTAVYDRLAIPCLKLFNYPHGLRPLQR IGLGLLLAAMGMAVAALVEIKRLRTAHAGPTVKTPLGFSLLIPQYLIVGIGEALYITG QLDFFLRECPKGMKTMSTGLLLSTLALGFFFSVLVTIVEKVTDKAHPWIADDLNKGRLY NYFYWLVAIVVALNFLVFLVFSKWVYVYKEKRLADL GIELEDEPDIPMGH >gi133411520 dbj BAC81420.1 transportador de nitratos [Prunus persica] MSNCTLPETQEKLTLPDAWDFKGRPAERSKTGGWTAAMILGGEACERLTTLGIAVNLVT YLTGTMHNGNATSANTVTNFLTSMCLLGGFVADTFLGRYLTIAFATFQAMGVTLT ISTTIPSLRPPKCTSDTSPCIPASGKQMLVYALYTALGTGGLKSSVSGFGSDQFDE SDKQERRQMTNFFNWFFFISIGSLAAVTVLYIQDNLGRQWGYGICVCAVLGLVFLS GTRRYRFFKLVGSLTQISGVCVAARKRMELPSDFLYNVDDIDDLGKKKKQKLPH SKQRFRLDKAAIKEPRTSGTAMINKWSLSTLTDVEEVKLIIRMLPIWATTIMFWTVYA QMTTFVSQATSMDRHIGKSFQIPASLTAFVGSILLTVPVYDRLVPMARKALENPQG LTPLRMGVGLVFSIFAMVAALTEVKRLNIARSHGLTDNPTAEIPLSVFWLVPQFFVVG SGEFTYIGQLDFFLRECPKGMKTMSTGLFLSTLGSFFFSLLVTIVHKTTGHNKPWLA DNLNQGKLYDFWLLALLSALNLVYLFCAWVYVYKDKRLAEEGIELEEPEICAH >Clon Ceres:467818 Organismo:3847 Solapado:0 FL5:0 VCAMLVALLVLLSSSTRYRYKRLVGSPLTQIAMVFVAAWKRHRHLELPDSSLLFNLLDDVA

5		
10		
15		
20		
25		DESLRKNKQMLPHSKQFRFLDKAAIKDPKMDGEEITMQRNWYLSTLTDVEEVKMVQRILP VWATTIMFWTVYAQMTTFVSQQAATMDRRIGNSFQIPAASTVFFVGSVLLTVPIYDRVI TPIAKKISHNPQGLTPLQRIGVGLVFSIFAMVSAALIEIKRLRMAQFFVGSGEAFTYIG QLDFFLRECPRGMTMSTGLFSLSTLSLGFSLVTLVHKATHREPWLANLNLHGRLH HFYWLALLSGVNLVAYLFCAGYVYKDKRLAEAGIELEETDTACHA*
30		>gi 9581817 emb CAC00544.1 transportador de nitratos putativo de baja afinidad [Nicotiana plumbaginifolia] MALPETQQDQTKTLPDAWDYKGRPAVRSSSGWSSAAMILGIEAVERLTTLGIAVNLVTYL TGTMLHGNASSANNVTNFLTSTFMTLLGGFVADTFLGRLYTIGIFTTQIAMGVTLTIS TIPLSRPPKCEQVSSSIPANSKQMLVYALYMTALGTGGLKSSVSGFGSDQFDETDK KERGMKIFFFNFWFFFINVGS LGAVTVLYIQDNLGREYGYGICACAVIGLVFLSGTR KYRFKKLVGSPLTQIASVFVAWNRHMDLPDSSTLLYNIDIPGDGKNKAKQRLPHSKE FRFLDKAAIKVQDTSAGITVNNKWNLSLTDVEEVKLVWRMLPTWATTIMFWTVYAQMT TFVSQAATMDRHIGTFEIPASLTFFVGSILLTCIFYDRAVVPVRRVNNPHGTTPL QRIAVGLLSIAMVAAALTEVKRLNVAHLHGLTNDANAKVPLSVFLLVPQFLLVGAGEA FTYIGQLDFFLRECPKGMKTMSTGLFSLSTLSLGFVSSILVTIVHKVTYKPNPWLANLNLQ GRLYDFWLLATLSVLNLMVFLFSRRYVYKEKRLAECGIEMEDSEPACH
35		>gi 9581819 emb CAC00545.1 transportador de nitratos putativo de baja afinidad [Nicotiana plumbaginifolia] MALPETQQDSKALPDWDYKGRPALRSSSGWASGAMILGVEAVERLTTLGIAVNLVTYL TGTMLHGNATAANNVTNFLTSTFMTLLGGFVADTFLGRLYTIGIFATVOAMGVTLTIS TIPLSRPPKCEQVSSSIPANSKQMLVYALYMTALGTGGLKSSVSGFGTDQFDDGD KKEKGQMIKFFDWFNFINVGS LGAVTVLYIQDNLGREWGYGICACAVIGLVFLSGT RKYRFKKLVGSPLTQIASVIVAANKTHLELPSNSSLFEIDNIFGEGNKKSKQKLPHSK EYRFLDKAAIKEDNDLESNGTKVINKWKLATLTDVEEVKLLIRMLPTWATTIMFWTVYA QMTTFVSQAATMDRHIGTFEIPASLTFFVGSILLTVIFYDRIIVPICRRFMNKP HGL TPLHRIFTGLVLSILAMIAAALTEVKRLKVAHLHGLTNDANATPLTVFVLLVPQFLLVGA GEAFTYIGQLDFFLRECPKGMKTMSTGLFSLSTLSLGFVSSILVTIVHVVTGTKNPWLAD NLNQGRLYDFWLLAILSVFNLMMFFLYSSRKVYVYKEKRLAEMGIELEDDGVPVCH
40		>gi 28273098 dbj BAC56915.1 transportador de nitratos [Nicotiana tabacum] MALPETQQDSKALPDWDYKGRPALRSSSGWASGAMILGVEAVERLTTLGIAVNLVTYL TGTMLHGNATAANNVTNFLTSTFMTLLGGFVADTFLGRLYTIGIFATVOAMGVTLTIS TIPLSRPPKCEQVSSSIPANSKQMLVYALYMTALGTGGLKSSVSGFGTDQFDDAD KKEKGQMIKFFDWFNFINVGS LGAVTVLYIQDNLGREWGYGICACAVIGLVFLSGT RKYRFKKLVGSPLTQIASVIVAANKRHLLELSDSSLFEIDDIIFGEGNKKNKQKLPHSK EYRFLDKAAIKEDHDLESNGTNVINKWKLATLTDVEEVKLLIRMLPTWATTIMFWTVYA QMTTFVSQAATMDRHIGTFEIPASLTFFVGSILLTVIFYDRVIVPICRRFMNKP HGL TPLQRIFTGLVLSILAMIAAALTEVKRLKVAHLHGLTNDANATPLSVFLLVPQFLLVGA GEAFTYIGQLDFFLRECPKGMKTMSTGLFSLSTLSLGFVSSILVTIVHVVTGTTNPWLAD NLNQGRLYDFWLLAILSVLNLMMFFLYFSRKVYVYKEKRLAEMGIELEDDGVPVCH
45		>gi 28273096 dbj BAC56914.1 transportador de nitratos [Nicotiana tabacum]
50		
55		
60		
65		

5		
10		
15		
20		
25	MALPETQQDTKTLPDAWDYKGRPAVRSSSGWSSAAMILGIEAVERLTTLGIAVNLVTYL TGMHLGNASSANNVTNFGTSFMTLLGGFVADTFLGRYLTIGITTTIQAMGVTLTIS TIIPSLRPPKCPGSGSTCIPASSKQMLVLYALYMTALGTGGLKSSVSGFGSDQFDETDK KERGMKIFNFWFFFINVGSIGAVTVLYIQDNLGREYGYGICACAIIGLVIFLSGTR KYRFKKLVGSPLTQIASVFVAAWNKRHMLPSDSLLYNIDDIPGDGNGKKAKQRLPHSKE FRFLDKAAIKVQDPESAGITVNNKWNLSLTDVEEVKLVVRMLPTWATTIMFWTVYAQMT TFSVQAATTMDRHIGNFEIPASLTFFVGSILLTCIFYDRAVVPVCRRLNPNPHGTSPL QRIAVGLISIIAMIAAALTEVKRLNVAHLHGLTNDANAKVPLSVFWLVPQFLLVGAGEA FTYIGQLDFELRECPKGMKMTSTGLFLSTSLGFFFSILVTIVHKVTGKNPWLADNLNQ GRLYDFWLLATLSVLNLMIFLFISRRYVYKEKRLAECGIEMEDSEPAH	
30	>gi 28273100 dbj BAC56916.1 transportador de nitratos [Nicotiana tabacum] MALPETQQDSKALPDAWDYKGRPALRSSSGWASGAMILGVEAVERLTTLGIAVNLVTYL TGMHLGNASSANNVTNFGTSFMTLLGGFVADTFLGRYLTIGIFATVQAMGVTLTIS TIIPSLRPPKCEQVGSSTCIPANSKQMLVLYALYMTALGTGGLKSSVSGFGTDQFDDSD KKEKGMIKFFDWFNFINVGSIGAVTVLYIQDNLGREWGYGICACAIIVLVFLFGT RKYRFKKLVGSPLTQIASVVAWNKRHLELPSDSLLFEIDDFEGEGNKKSKQKLPHSK EYRFDKAAIKEDDLESGNTVNNKWLKATLTDVEEVKILIRMLPTWATTIMFWTVYA QMTTFSVQAATTMDRHIGTFEIPATLTFFVGSILLTVIFYDRIIVPICRRFMNKPHGL TPLQRIFTGLVLSIIAMIAAALTEVKRLKVAHLHGLTNDANATPLTVFWLVPQFLLVGA GEFTYIGQLDFELRECPKGMKMTSTGLFLSTLALGFFFSILVTIVHVVTGTTNPWLAD NLNQGRLYDFWLLAILSVENLMFFLYSSRKVYVYKEKRLAEMGIELEDDGPVGH	
35	>gi 28273094 dbj BAC56913.1 transportador de nitratos [Nicotiana tabacum] MALPETQQDTKTLPDAWDYKGRPAVRSSSGWSSAAMILGIEAVERLTTLGIAVNLVTYL TGMHLGNASSANNVTNFGTSFMTLLGGFVADTFLGRYLTIGITTTIQAMGVTLTIS TIIPSLRPPKCPGSGSTCIPASSKQMLVLYALYMTALGTGGLKSSVSGFGSDQFDETDK KERGMKIFNFWFFFINVGSIGAVTVLYIQDNLGREYGYGICACAIIGLVIFLSGTR KYRFKKLVGSPLTQIASVFVAAWNKRHMDLPSDSLLYNIDDIPGDGNGKKAKQRLPHSKE FRFLDKAAIKVQDPESAGITVNNKWNLSLTDVEEVKLVVRMLPTWATTIMFWTVYAQMT TFSVQAATTMDRHIGNFEIPASLTFFVGSILLTCIFYDRAVVPVCRRLNPNPHGTTPL QRIAVGLISIIAMVAAALTEVKRLNVAHLHGLTNDANAKVPLSVFWLVPQFLLVGAGEA FTYIGQLDFELRECPKGMKMTSTGLFLSTSLGFFFSILVTIVHKVTGKNPWLADNLNQ GRLYDFWLLATLSVLNLMIFLFISRRYVYKEKRLAECGIEMEDSEPAH	
40	>Clon Ceres:778790 Organismo:4565 Solapado:0 FL5:1 MVGLLPQTNAAAQAEVLGDAWDYRGRPAARSTTGRWGAAAMILVAELNERLTTLGIAVNL VTYLTATMHVGNAAEAAVNTFMGTSFMLCLLGGFVADSFLLGRYLTIAIFTAIGASGVTI LTISTAAPGLRPPAXHGGGRRDRDLLPRVGRQLGVLYLAL	
45	>Clon Ceres:936016 Organismo:4565 Solapado:0 FL5:0 FLGTSFLLCLLGGFVADTYLGLYLTIAISTAVQAAGMAVLTVSTAAPGLRPAKCDPTGD GRLPGCAPPTGAQLGVLYLGLYLTALGTGGLKSSVSGFGSDQFDESHAGERRRRMARFFGW	
50		
55		
60		
65		

5	FFFFISLGSLLAVTVLVYVQDNVGR	
10	>Clon Ceres:883526 Organismo:4565 Solapado:0 FL5:0 CAASIAVGLVFLAGTRRYRFFKLAGSPLTQIAAVVAAWRKRGVQLPTDTSMLYDIDVG KVAIEGASTKSKLKERIPHTKQFRFLDHAAINSDPAGEPTKWQLATLTDVEEVKTVAR MLPIWATTIMFWTVYAQMTTFSVSQATTMDRHIGPSFXIP	
15	>gi16304006[gb AAL16907.1] transportador de nitratos putativo de baja afinidad [Narcissus pseudonarcissus] QPMVSFWLVLPQFLVGAGEAFCYIGQLDFLRECPKGMKTMSTGMFLSTLSLGFLLSSAL VTIVHKVTGESGQGAWL PDDLNRGKLYDFYWLLAVLSAVNLVAFVLSARWYVYKERNMAT DDG	
20	>gi37805980[dbj BAC99394.1] transportador putativo de nitratos [Oryza sativa (cultivar del grupo japonica)] MVGMLPETNAQAAEEVLGDAWDYRGRPAARSRTGRWGAAAMILVAELNERLTTLGIAVN LVTYLTATMHAGNAEAAVNTNFMGTSMFLCLLGGFVADSFLGRYLTIAIFTAVQASGVT ILTISTAAPGLRPAACAAGSAACERATGAQMGLYLALYLTALGTGGLKSSVSGFGSDQF DESDSGEKSMRFFNWFFFSISLGLAVTVLVYVQDNLRPWGYGACAAAIAAGLVF LAGTRRYRFFKLVGSPLTQIAAVVAAWRKRRLPSDPAML YDIDVGKLAEEVELAAS SKSKLKQRLPHTKQFRFLDHAINDAPDGEQSKWTATLTDVEEVKTARMPLPIWATTI MFWTVYAQMTTFSVSQATTMDRHIGASFQIPAGSLTVFFVGSILLTVPIYDRLVVPVARR ATGNPHGLTPLQRIGVGLVLSIVAMVCAALTEVRRLRVARDARVGGGEAVPMTVFWLIPQ FLFVGAGEAFTYIGQLDFLRECPKGMKTMSTGLFLSTLSGFFVSSALVAAVHKL TGDR HPWLADDLNKGQLHKFYWLLAGVCLANLLVYLVAARWYKYKAGRAAAAAGDGGVEMADAEP CLH	
25	>gi37536738[ref NP_922671.1] transportador putativo de nitratos [Oryza sativa (cultivar del grupo japonica)] >gi13194223[gb AAK15441.1] transportador putativo de nitratos [Oryza sativa (cultivar del grupo japonica)] >gi31433445[gb AAP54958.1] transportador putativo de nitratos [Oryza sativa (cultivar del grupo japonica)] MVLPETAAEGKALTDADWDYKGRPAGRAATGGWGGCAAMILGAELFERMTTLGIAVNLVPYM TGTMLHGNAAAANTVTNFIGTSFMLCLLGGFVADTYLGRYLTIAIFEAVQATGVMLTIS TAAPGLRPPACGDPKGASAECAADGTQLGLVYLGLYLTALGTGGLKSSVSGFGSDQFDE SDVDGERKKMMRFFNWFFFSISLGLAVTVLVYVQDNVGRRWYGICAAAGILAGLAVFL SGTRRYRFFKLVGSPLTQIAAVTAAWWSKRSPLSPDMLYDIDDAAAAGHDVKGQORM PHSKECRFLDHAIDRSAAESPATASKWRCLTRTDVEEVKQVVRMLPIWATTIMFWTIH AQMTTFAVAQAEIMDRRLAGGFLIPAGSLTVFLIASILLTVPFYDRLVVPVARRATANPH GLTPLQRVFGVLSIAGMAVAAAVERHRATASAAAAAPTFLMPQFLLVGAGEAFT YMGQLDFLRECPKGMKTMSTGLFLSTCAIGFFFTLLTVTHKVTGHGARGGGWLADNL DDGRLDYFYWLLAVISAINLVFTVAARGVYVYKEKRLADAGIELADEETIAVGH	
30		
35		
40		
45		
50		
55		
60		
65		
	Secuencias	>psiblast/cDNA_ID:13649807

de Consenso:	MSLP(E,Q)T(K,N)<0-4>t<2-7>L(L,G)<0-1>DAWDr(Q,R)GRPA(D,A)RS(K,T)TG(G,R)WttAAMIL(C,V)(I,A)E(A,L)(V,N)ERLTTLGtVNLVTYLtTMHaGNA(T,E)AAN(T,V)VTNFaGTSFaLCLLGGFaADtrLG(R,L)YLtIAI(F,S)AaQaTGaTALTaST(I,A)(I,A)PGLRP(P,A)<1>C<1-2>(P,G)t<0-1>t<3-6>(C,R)<1-3>(Q,P)<2>G<1>QLtVLyLtLTALGTGgaKtSVSGFGSDQFDnt(E,H)<0-1>(P,A)(K,G)ER(S,R)<1>Mt(Y,R)FF(N,G)(R,W)FFF(C,F)(N,S)aGSLaAVTLVYaaQD(D,N)VGR+WGYGICA<1>ta<1>a(L,F,L)tT(N,R)RYRrK+L<1>GSPaTQat<1>V<1>VAAWR(N,K)R<1>a(E,Q)LPtD<1>S<1>Lr(D,N)aD<0-2>(D,K)<1-2>A<1>Et<2-7>K<1>K(Q,E)<1>aPHt<1>QFR(S,F)LD+AAI<1-4>(D,S)<2-6>(A,M)<0-1>t<3-7>(K,N)W<1>LrTaTdaEEVK<1>a<1>RaLPaWAT(C,T)laFWTV(H,Y)AQaTT(L,F)SV<1>Qt(E,T)TaDR<1>I<0-1>G<0-1>SF(E,Q)IP(P,A)AtatVFraGtaLLT(T,V)(A,P)aYDRa(A,I)(I,T)(R,P)a(C,A)KKa(F,S)(N,H)(Y,N)P(H,Q)GL(R,T)PLQRIGaGL<1>(F,L)t<1>(M,F)IM(A,V)(V,S)AALaEaKRLR(T,M)A<0-29>Qr(L,F)(I,F)VG(I,S)GEA(L,F)(I,T)Y(T,I)GQLDFFLRECP+GMKtMSTGL(L,F)LSTLlLGFF(F,L)SSaLVtaV(E,H)K<1>T<1-4>+(A,R)<0-2>(H,E)PWaAD(D,N)LN+GRL(Y,H)(N,H)FYWLaaAa(V,S)taN(F,L)a<1>l(V,F)(F,C)tK(W,G)YVYKnKRLAn<1>GIELnn<0-1>EP(S,D)IPMGH																																																																																																								
Promotor utilizado en los experimentos con el Fenotipo:	35S, un potente promotor constitutivo																																																																																																								
Datos del Fenotipo:	Se recogieron y analizaron mediante GC/MS tejidos procedentes de diferentes eventos (F1,F2,F3, F4) de plantas transgénicas T2 de Arabidopsis thaliana con sobreexpresión de cDNA 13649807. Se utilizó Norvalina como norma interna de normalización de los Datos. El peso de la muestra utilizada en los experimentos y los datos procedentes de ejemplares naturales también se utilizaron para normalizar los Datos que se muestran a continuación. Los valores de la tabla siguiente se refieren a los resultados de ejemplares naturales. Los resultados naturales se normalizan a 1. Los datos que se muestran a continuación muestran los incrementos con respecto al ejemplar natural. <table><tr><th></th><th>F1</th><th>F2</th><th>F3</th><th>F4</th><th>Media</th><th>Desv, Est,</th><th>%desv est</th></tr><tr><td>Alanina</td><td>0,763423</td><td>0,787843</td><td>0,696651</td><td>0,798371</td><td>0,761571872</td><td>0,045689271</td><td>5,999338</td></tr><tr><td>Glicina</td><td>0,696952</td><td>0,998115</td><td>0,919082</td><td>1,169059</td><td>0,945801934</td><td>0,195976415</td><td>20,72066</td></tr><tr><td>Valina</td><td>0,805387</td><td>0,799774</td><td>0,845907</td><td>1,101951</td><td>0,888254611</td><td>0,143939295</td><td>16,20473</td></tr><tr><td>Norvalina</td><td>1</td><td>1</td><td>1</td><td>1</td><td>1</td><td>0</td><td>0</td></tr><tr><td>Leucina</td><td>0,715868</td><td>0,645984</td><td>0,880643</td><td>1,027327</td><td>0,817455439</td><td>0,171036978</td><td>20,9231</td></tr><tr><td>Isoleucina</td><td>0,733622</td><td>0,690337</td><td>0,807875</td><td>1,038531</td><td>0,817591181</td><td>0,155084108</td><td>18,96842</td></tr><tr><td>Treonina</td><td>0,822431</td><td>0,830609</td><td>0,859875</td><td>0,706541</td><td>0,804864032</td><td>0,067490781</td><td>8,385364</td></tr><tr><td>Serina</td><td>0,794558</td><td>1,067503</td><td>1,030647</td><td>1,037365</td><td>0,982517926</td><td>0,126327632</td><td>12,85754</td></tr><tr><td>Prolina</td><td>0,693606</td><td>0,507039</td><td>0,53584</td><td>0,56574</td><td>0,575556158</td><td>0,082268063</td><td>14,29366</td></tr><tr><td>Asparagina</td><td>0,57942</td><td>0,670315</td><td>0,600732</td><td>0,718695</td><td>0,642290426</td><td>0,064038672</td><td>9,970361</td></tr><tr><td>Ácido aspártico</td><td>1,059172</td><td>0,903451</td><td>0,758141</td><td>1,236172</td><td>0,989234203</td><td>0,205452816</td><td>20,76888</td></tr><tr><td>Metionina</td><td>1,343753</td><td>0,523311</td><td>0,33835</td><td>1,275281</td><td>0,870173691</td><td>0,513659893</td><td>59,02958</td></tr></table>		F1	F2	F3	F4	Media	Desv, Est,	%desv est	Alanina	0,763423	0,787843	0,696651	0,798371	0,761571872	0,045689271	5,999338	Glicina	0,696952	0,998115	0,919082	1,169059	0,945801934	0,195976415	20,72066	Valina	0,805387	0,799774	0,845907	1,101951	0,888254611	0,143939295	16,20473	Norvalina	1	1	1	1	1	0	0	Leucina	0,715868	0,645984	0,880643	1,027327	0,817455439	0,171036978	20,9231	Isoleucina	0,733622	0,690337	0,807875	1,038531	0,817591181	0,155084108	18,96842	Treonina	0,822431	0,830609	0,859875	0,706541	0,804864032	0,067490781	8,385364	Serina	0,794558	1,067503	1,030647	1,037365	0,982517926	0,126327632	12,85754	Prolina	0,693606	0,507039	0,53584	0,56574	0,575556158	0,082268063	14,29366	Asparagina	0,57942	0,670315	0,600732	0,718695	0,642290426	0,064038672	9,970361	Ácido aspártico	1,059172	0,903451	0,758141	1,236172	0,989234203	0,205452816	20,76888	Metionina	1,343753	0,523311	0,33835	1,275281	0,870173691	0,513659893	59,02958
	F1	F2	F3	F4	Media	Desv, Est,	%desv est																																																																																																		
Alanina	0,763423	0,787843	0,696651	0,798371	0,761571872	0,045689271	5,999338																																																																																																		
Glicina	0,696952	0,998115	0,919082	1,169059	0,945801934	0,195976415	20,72066																																																																																																		
Valina	0,805387	0,799774	0,845907	1,101951	0,888254611	0,143939295	16,20473																																																																																																		
Norvalina	1	1	1	1	1	0	0																																																																																																		
Leucina	0,715868	0,645984	0,880643	1,027327	0,817455439	0,171036978	20,9231																																																																																																		
Isoleucina	0,733622	0,690337	0,807875	1,038531	0,817591181	0,155084108	18,96842																																																																																																		
Treonina	0,822431	0,830609	0,859875	0,706541	0,804864032	0,067490781	8,385364																																																																																																		
Serina	0,794558	1,067503	1,030647	1,037365	0,982517926	0,126327632	12,85754																																																																																																		
Prolina	0,693606	0,507039	0,53584	0,56574	0,575556158	0,082268063	14,29366																																																																																																		
Asparagina	0,57942	0,670315	0,600732	0,718695	0,642290426	0,064038672	9,970361																																																																																																		
Ácido aspártico	1,059172	0,903451	0,758141	1,236172	0,989234203	0,205452816	20,76888																																																																																																		
Metionina	1,343753	0,523311	0,33835	1,275281	0,870173691	0,513659893	59,02958																																																																																																		

4-	6,062952	0,377722	3,745135	0,640091	2,706474716	2,710337178	100,1427
Hidroxi prolina							
Acido glutámico	0,86138	1,021045	0,74428	1,034396	0,915275061	0,138469259	15,1287
Fenilalanina	0,427608	0,703163	0,92045	0,666321	0,679385633	0,201858044	29,71185
Glutamina	0,796152	0,826068	0,592625	0,944606	0,789862864	0,146285538	18,52037
Ornitina	0,607755	0,864624	0,976736	0,732125	0,795310127	0,160092666	20,12959
Lisina	0,622008	0,661353	1,011692	1,034246	0,83232491	0,220914001	26,5418
Histidina	0,57335	0,606688	0,622336	0,884382	0,671689104	0,143259518	21,32825
Tirosina	0,590015	0,672193	0,962043	1,095172	0,829855807	0,238220559	28,70626
Triptófano	0,782444	0,868518	0,847043	1,159507	0,914377931	0,167463602	18,31448

Se recogieron y analizaron tejidos de plantas transgénicas T2 de Arabidopsis thaliana con sobreexpresión de cDNA 13649807 mediante un analizador C/N. Los datos que figuran a continuación se normalizaron mediante el peso de las muestras utilizadas en los experimentos y los datos naturales. Los valores de la tabla siguiente se refieren a los resultados de la planta natural. Los resultados naturales se normalizaron a 1. Los datos que se muestran a continuación muestran los incrementos con respecto al ejemplar natural.

	Promedio de incremento en % de Nitrógeno y Carbono para todos los eventos
Nitrógeno	0,987837852
Carbono	1,030448291

Tabla 1. Análisis del cuadrado de Ji del fenotipo tolerante a la ausencia de nitrógeno al cabo de 7-9 días tras la plantación de semillas T₂ procedentes de eventos SR00609-F3 (suponiendo una proporción de 3:1 (R:S)).

Evento	Observado	Previsto	χ^2	Probabilidad del Test Ji
Tolerancia a N0	24	27	0,333	0,25
Sensible a N0	12	9	1	
	36	36	1,33	

Tabla 2. Análisis del cuadrado de Ji del fenotipo tolerante a la MSX al cabo de 7-9 días tras la plantación de semillas T₂ procedentes de eventos SR00790-F5 (suponiendo una proporción de 3:1 (R:S)).

Evento	Observado	Previsto	χ^2	Probabilidad del Test Ji
Tolerancia a N0	30	27	0,333	0,25
Sensible a N0	6	9	1	
	36	36	1,33	

Tabla 3. Análisis del cuadrado de Ji del fenotipo tolerante a la MSX al cabo de 7-9 días tras la plantación de semillas T₂ procedentes de eventos SR00609-F6 (suponiendo una proporción de 15:1 (R:S)).

Evento	Observado	Previsto	χ^2	Probabilidad del Test Ji
Tolerancia a N0	22	27	0,926	0,05
Sensible a N0	14	9	2,78	
	36	36	3,70	

Tabla 4. Análisis del cuadrado de Ji correspondiente a la resistencia a Basta[™] entre laprogenie de eventos SR00609 T₂.

Evento	Resistente	Sensible	Total	Cuadrado de Ji
SR00609-F3	24	8	32	0
SR00609-F5	26	8	34	0,039
SR00609-F6	29	2	31	0,002

Tabla 5. Análisis del cuadrado de Ji del fenotipo tolerante a elevadas concentraciones de sucrosa al cabo de 4-5 días de la plantación de semillas T₂ procedentes de los eventos SR00609-F3 (suponiendo una proporción de 3:1 (R:S)).

Evento	Observado	Previsto	χ^2	Probabilidad del Test Ji
Tolerancia a una concentración de sucrosa elevada	28	26,25	0,117	0,49
Sensibilidad a una concentración de sucrosa elevada	7	8,75	0,35	
	35	35	0,467	

Tabla 6. Análisis del cuadrado de Ji del fenotipo tolerante a elevadas concentraciones de sucrosa al cabo de 4-5 días de la plantación de semillas T₂ procedentes de los eventos SR00609-F5 (suponiendo una proporción de 3:1 (R:S)).

Evento	Observado	Previsto	χ^2	Probabilidad del Test Ji
Tolerancia a una concentración de sucrosa elevada	26	26,25	0,002	0,92

Sensibilidad a una concentración de sucrosa elevada		9	8,75	0,007	
		35	35	0,009	
Tabla 7. Análisis del cuadrado de Ji del fenotipo tolerante a elevadas concentraciones de sucrosa al cabo de 4-5 días de la plantación de semillas T ₂ procedentes de los eventos SR00609-F6 (suponiendo una proporción de 15:1 (R:S)).					
Evento	Observado	Previsto	χ²	Probabilidad del Test Ji	
Tolerancia a una concentración de sucrosa elevada	25	27	0,148	0,44	
Sensibilidad a una concentración de sucrosa elevada	11	9	0,444		
	36	36	0,593		

TABLA I-I

Nombre de la fila	
Nº de Informe	64.1 - NB42-35S 2706693-F
Descripción general del gen	El <i>Arabidopsis</i> Ceres cDNA 2706693 codifica una proteína de transporte de péptidos/aminoácidos putativa.
Resumen de las Funciones del Gen:	La expresión errónea del clon Ceres bajo el control del promotor 35S induce los fenotipos siguientes:
Aplicabilidad del Gen/rasgo al Maíz y otras especies: 13575971	La modulación de este gen y de sus homólogos/ortólogos puede utilizarse para modular fenotipos y funciones similares en otras especies, asumiendo la conservación del proceso que controla el crecimiento vegetativo entre las especies.
Secuencia del Nucleótido (de Ceres cDNA)	cDNA ID: 2706693 atgcagctctgcatgggtttaccgttcggtggtttaccctctggaatggtgctatcttgacgaacgagatgaagctaaagttcacagacgagctgctgattgtaaattgtttgctggtgctatcagctattggtc atcttggtcatgcaattctgttgatgcattattggttcactttggtgagctgctctctctactttgacattcagtttgggttcttggtgcaatatacgcgtcccaatacttccagcaatggcaaaaaggcctgttc tacgtagcgtcaacgggtatattcgttggtattggtgacgtctatctcttggtgagttattacagaagaccactagaaagcgttaggaacaaggggaaaccccccgaacgtctgtagcttgcatttggaaatgt ggggaattttgttctgtctgctattgacaaacggtttccggtctttattggtctgctccaaatgtctgcatctacgaacaactcaagccagctctatgaaaagctgtagtggatcaagattattaaagccccacacaa accagggtggagccctttgacaaacggtttccggtctttattggtctgctccaaatgtctgcatctacgaacaactcaagccagctctatgaaaagctgtagtggatcaagattattaaagccccacacaa gcagcttaaggtatctagatagagctgcaatgatactccaaacagagcttgggaacaacagatggaagctttgctgggtgacagaaagtggaagcaaaagcgtcatagcagcgtt tcctttgttgcacatctctcattcgggtattgctctctctgtgtaatacttctctctggaacaagcaaacatattgactccaagttcggatcatggaacctctctccactctctactctttagtgaagctgca aggtaggataccgagaaactatgtgctaggtgcgcaaaacgcccattgacctccctgaatcaccataacacaaacccaaagcccttattggtataccagcttccatctccatctgctccatgc tgcacatgttgagctagaggtcacaagtagtagtactcaagtttactacatgaacatgctcccatgagtgattctgctccacagatcattctactcggttcaatcacaggaatctacgaaaacagcttt gcgcttaccctagaagaacgggtgcctgaagagttgagccaatatggttctattaaacggtggagtgcggggtcgggatacagacattgctctgttagttggtggcagtgtaagcgaggcaaa tggttcaagacacataaacaagagccgggtgggataactattattgggtataacaggtgtttgcatgttcaatctcttattatttcaactataggtacacagtggtgaacaagaagatggtgcaacac aagaaaaatgatacgaagataatgcctctgtgtag
Secuencia proteínica:	MSVLSWAFVAVFTLWMLMLYL TNEMKLFKTDAAAIVNVFAGVSAIGHLGMQFLVDAFIGHFWMLCLSTLAFSFGFGFLAISASPILSGNGQKGLFY VALTVISVGIFGRSISLGVFTEDQLEDGRNKNPAKLVSFVIGNVGNFVLLAAIAMPQISPFVFRFTIPSGCEVLAMLIFISGACSYKRVPKPGSPLT TVFRVFMASASKMSCAY'SNNSSQLYEKACDQDIKPH'TSSRLYLDRAAMILQTESLEQQQRKNFWKLCRVTEVEQTKSVIRTVPLFATSLISGIVFSL GNTFFLEQANHMDSKFSGWNLP LPLLLFSEARLGSRELCVMAAKRAIDFPESPKQTKTPYGPVSIILSIFCCSIAAHVESRRLKVVSTQGLLHET VPMSVFWLLPQYILLGSITGIYENSFALYLEETVPEELSQYMWLLNVGVCVGIMSNIALVSLVGSVSGGKWFDQTINKSRVDNYYWVITVFCMFNLL LYFIVTRYTVGNKKDGGATQENDRRIIASV*
Promotor utilizado en los experimentos con el	35S, un potente promotor constitutivo

Fenotipo:	Se recogieron y analizaron mediante GC/MS tejidos procedentes de diferentes eventos (F1,F2,F3, F4) de plantas transgénicas T2 de Arabidopsis thaliana con sobreexpresión de cDNA 2706693. Se utilizó Norvalina como norma interna de normalización de los Datos. El peso de la muestra utilizada en los experimentos y los datos procedentes de ejemplares naturales también se utilizaron para normalizar los Datos que se muestran a continuación. Los valores de la tabla siguiente se refieren a los resultados de ejemplares naturales. Los resultados naturales se normalizan a 1. Los datos que se muestran a continuación muestran los incrementos con respecto al ejemplar natural.								
Datos del Fenotipo:		F1	F2	F3	F4	Media	Desv, Est,	%desv est	
	Alanina	0,827213	1,069073	1,000353	0,729192	0,906457463	0,155951947	17,20455	
	Glicina	0,653967	0,810397	1,250882	0,459076	0,79358058	0,337042479	42,47111	
	Valina	0,635295	0,78752	0,889696	0,566409	0,719729853	0,146196717	20,31272	
	Norvalina	0,966348	0,946372	1,01876	0,952393	0,970968112	0,032941694	3,392665	
	Leucina	0,542412	0,550645	0,95509	0,499649	0,636949116	0,213268524	33,48282	
	Isoleucina	0,473129	0,610415	0,607599	0,486839	0,54449541	0,074710556	13,72106	
	Treonina	0,827702	1,359927	1,192724	0,950296	1,082662019	0,239106024	22,08501	
	Serina	1,005413	1,217176	1,146026	0,891553	1,065042083	0,145324127	13,64492	
	Prolina	0,473656	0,421794	0,45828	0,318761	0,418122678	0,069720351	16,67462	
	Asparagina	0,705168	0,999749	0,719499	0,674446	0,774715453	0,15119509	19,51621	
	Acido aspártico	1,159162	1,190607	1,189364	1,126252	1,166346373	0,030428204	2,608848	
	Metiomina	0,776804	0,540817	0,478571	1,535029	0,832805505	0,485452893	58,29127	
	4-Hidroxiprolina	1,024991	1,101927	1,105427	0,937279	1,042405634	0,079308248	7,608194	
	Acido glutámico	1,060788	1,282085	1,19527	1,018328	1,139117623	0,121543477	10,66997	
	Fenilalanina	0,474223	0,003695	0,743046	0,003725	0,306172353	0,366090447	119,5701	
	Glutamina	0,961593	1,125633	1,021368	0,921834	1,007607001	0,088682651	8,801313	
	Ornitina	0,914937	1,007449	1,054942	0,803598	0,945231455	0,110883159	11,73079	
	Lisina	0,704304	0,738525	1,218296	0,528285	0,797352633	0,29535826	37,04236	
	Histidina	0,828834	0,936563	0,629407	0,779133	0,793484235	0,127603717	16,08144	
	Tirosina	0,582889	0,76534	1,109527	0,517648	0,743851081	0,265366184	35,67464	
	Triptófano	0,347922	0,605056	0,550123	0,707187	0,552571976	0,151160203	27,35575	
	Se recogieron y analizaron tejidos de plantas transgénicas T2 de Arabidopsis thaliana con sobreexpresión de cDNA 2706693 mediante un analizador C/N. Los datos que figuran a continuación se normalizaron mediante el peso de las muestras utilizadas en los experimentos y los datos naturales. Los valores de la tabla siguiente se refieren a los resultados de la planta natural. Los resultados naturales se normalizaron a 1.								

Los datos que se muestran a continuación muestran los incrementos con respecto al ejemplar natural.		Promedio de incremento en % de Nitrógeno y Carbono para todos los eventos
Nitrógeno	0.898249601	
Carbono	1.056929365	

Ensayo en suelo de NB-35S-2706693-F. Las plantas se transplantaron el 11.06.2003 y se abonaron con 250ppm de N.

Análisis de los Datos

Muestra	Peso	Línea	Muestra	Peso	Línea
F1-1	209.45	NB-35S-2706693-F1	F2-3	230.75	NB-35S-2706693-F2
F1-4	160.97	NB-35S-2706693-F1	F2-4	199.34	NB-35S-2706693-F2
F1-5	156.78	NB-35S-2706693-F1	F2-7	197.58	NB-35S-2706693-F2
F1-11	144.48	NB-35S-2706693-F1	F2-9	158.54	NB-35S-2706693-F2
F1-12	140.53	NB-35S-2706693-F1	F2-10	140.5	NB-35S-2706693-F2
F1-13	135.62	NB-35S-2706693-F1	F2-12	138.94	NB-35S-2706693-F2
F1-14	120.37	NB-35S-2706693-F1	F2-13	134.61	NB-35S-2706693-F2
F1-15	111.61	NB-35S-2706693-F1	F2-14	134.3	NB-35S-2706693-F2
F1-16	102.6	NB-35S-2706693-F1	F2-15	125.36	NB-35S-2706693-F2
F1-2	113.55	C24	F2-1	147.35	C24
F1-3	99.16	C24	F2-2	125.25	C24
F1-6	92.32	C24	F2-5	124.04	C24
F1-7	87.52	C24	F2-6	117.51	C24
F1-8	80.99	C24	F2-8	116.64	C24
F1-9	71.99	C24	F2-11	106.86	C24
F1-10	69.91	C24	F2-16	104.86	C24
F1-17	69.21	C24	F2-17	81.49	C24
F1-18	55.37	C24	F2-18	73.72	C24

Muestra	Peso	Línea	Muestra	Peso	Línea

Muestra	Peso	Línea
F5-2	197.46	NB-35S-2706693-F5
F5-6	185.63	NB-35S-2706693-F5
F5-7	182.15	NB-35S-2706693-F5
F5-8	175.86	NB-35S-2706693-F5
F5-10	150.71	NB-35S-2706693-F5
F5-12	150.17	NB-35S-2706693-F5
F5-14	136.48	NB-35S-2706693-F5
F5-17	109.11	NB-35S-2706693-F5
F5-13	N/A	NB-35S-2706693-F5
F5-1	195.21	C24
F5-3	162.1	C24
F5-4	138.39	C24

F5-5		133.96	C24
F5-9		133.21	C24
F5-11		131.65	C24
F5-15		106.35	C24
F5-16		82.35	C24
F5-18		59.97	C24

Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas			
		NB-35S-2706693-F1	C24
Media		142.49	82,2244444
Varianza		1014,80445	318,3146028
Observaciones		9	9
Hipótesis de diferencia de medias		0	
Df		13	
t Estad,		4,951718545	
P(T<=t) unilateral		0,000132315	
t Crítica unilateral		1,770931704	
P(T<=t) bilateral		0,00026463	
t Crítica bilateral		2,16036824	
Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas			
		NB-35S-2706693-F2	C24
Media		162,2133333	110,8577778
Varianza		1406,542725	510,4889944
Observaciones		9	9
Hipótesis de diferencia de medias		0	

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65

7	
Varianza 222,83382 1087,65477 Observaciones 9 5 Hipótesis de diferencia de medias 0 9 Df 11 t Estad, 1,1755767 P(T<=t) unilateral 0,1322907 t Crítica unilateral 1,7958837 P(T<=t) bilateral 0,2645814 t Crítica bilateral 2,2009863	
Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas	
NB-35S-2706693- F5 C24 Media 160,94625 127,021111 Varianza 874,43757 1629,50453 Observaciones 8 9 Hipótesis de diferencia de medias 0 Df 15 t Estad, 1,9909148 P(T<=t) unilateral 0,0325146 t Crítica unilateral 1,753051 P(T<=t) bilateral 0,0650291 t Crítica bilateral 2,1314509	
NB-35S-2706693-E1 Media 142,49 Desv, Est, 31,856	

	F3-6	NB-35S-2706693-F3	15,52	2,7344	20	10,57		
	F3-9	NB-35S-2706693-F3	14,88	4,4548	20	17,96		
	F3-10	NB-35S-2706693-F3	17,79	5,2185	20	17,60		
	F3-11	NB-35S-2706693-F3	15,98	3,8141	20	14,32		
	F3-12	NB-35S-2706693-F3	15,68	6,3562	20	24,32		
	F3-13	NB-35S-2706693-F3	17,57	2,2650	20	7,73		
	F3-14	NB-35S-2706693-F3	17,6	3,8609	20	13,16		
	F3-16	NB-35S-2706693-F3	16,91	4,9041	20	17,40	15,03	4,91
	F3-1	C24	15,37	2,7582	20	10,77		
	F3-2	C24	16,42	3,2283	20	11,80		
	F3-3	C24	15,59	4,7333	20	18,22		
	F3-5	C24	15,65	4,7541	20	18,23		
	F3-7	C24	16,36	5,0853	20	18,65		
	F3-8	C24	15,65	4,5260	20	17,35		
	F3-15	C24	15,72	7,3510	20	28,06		
	F3-17	C24	16,9	4,8524	20	17,23		
	F3-18	C24	15,62	8,0677	20	30,99	19,03	6,64
	F4-4	NB-35S-2706693-F4	19,28	2,7220	20	8,47		
	F4-5	NB-35S-2706693-F4	18,4	5,4558	20	17,79		
	F4-6	NB-35S-2706693-F4	19,79	4,0978	20	12,42		
	F4-7	NB-35S-2706693-F4	17,44	4,5423	20	15,63		
	F4-8	NB-35S-2706693-F4	17,6	6,8635	20	23,40		
	F4-9	NB-35S-2706693-F4	18,65	5,5351	20	17,81		
	F4-15	NB-35S-2706693-F4	17,76	7,6848	20	25,96		
	F4-16	NB-35S-2706693-F4	17,63	7,2167	20	24,56		
	F4-18	NB-35S-2706693-F4	20,66	9,7437	20	28,30	19,37	6,64
	F4-1	C24	17,07	1,3554	20	4,76		
	F4-2	C24	16,87	2,5500	20	9,07		
	F4-3	C24	17,27	5,3445	20	18,57		
	F4-10	C24	17,9	4,3119	20	14,45		
	F4-11	C24	17,97	9,1621	20	30,59		
	F4-12	C24	19,08	4,1454	20	13,04		
	F4-13	C24	17,11	3,3450	20	11,73		
	F4-14	C24	18,66	5,5294	20	17,78		

F4-17	C24	17,28	7,9095	20	27,46	16,38	8,34
Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas							
NB-35S-2706693-F1				C24			
Media				12,22400359	25,0958325	5	
Varianza				14,90523724	24,0047567	4	
Observaciones				9	9	9	
Hipótesis de diferencia de medias				0			
Df				15			
t Estad,				-6,190574201			
P(T<=t) unilateral				8,6424E-06			
t Crítica unilateral				1,753051038			
P(T<=t) bilateral				1,72848E-05			
t Crítica bilateral				2,131450856			

Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas							
NB-35S-2706693-F3				C24			
Media				15,02591139	19,03152	539	
Varianza				24,06373582	44,08041	448	
Observaciones				9	9	9	
Hipótesis de diferencia de medias				0			
Df				15			
t Estad,				-1,455714007			
P(T<=t) unilateral				0,083040795			

	t Crítica unilateral	1,753051038
	P(T<=t) bilateral	0,166081589
	t Crítica bilateral	2,131450856

Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas			
		NB-35S-2706693-F4	C24
Media		19,37093551	16,3839122
Varianza		44,03771898	69,5550459
Observaciones		9	9
Hipótesis de diferencia de medias		0	
Df		15	
t Estad,		0,840784165	
P(T<=t) unilateral		0,206835682	
t Crítica unilateral		1,753051038	
P(T<=t) bilateral		0,413671363	
t Crítica bilateral		2,131450856	

Segregación de T2			
	Resistente	Sensible	%
NB42-35s 2706693-F1 C24 T2	20	17	54
NB42-35s 2706693-F2 C24 T2	30	8	79
NB42-35s 2706693-F3 C24 T2	28	11	72
NB42-35s 2706693-F4 C24 T2	27	13	68
NB42-35s 2706693-F5 C24 T2	28	8	78

Segregación de T3			
	Resistente	Sensible	%
NB42-35s 2706693-F1 C24 T3	20	17	54
NB42-35s 2706693-F2 C24 T3	30	8	79
NB42-35s 2706693-F3 C24 T3	28	11	72
NB42-35s 2706693-F4 C24 T3	27	13	68
NB42-35s 2706693-F5 C24 T3	28	8	78

ES 2 364 152 T3

|--|

ES 2 364 152 T3

	C24	150ppm	104,03
	C24	150ppm	128,94
	C24	150ppm	118,76

C24		250ppm	80,8
C24		250ppm	82,9
C24		250ppm	68,8
C24		250ppm	83,5
C24		250ppm	84,4
C24		250ppm	81,8
C24		250ppm	86,3

Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas		Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas	
2706693-F1-01		<i>Transgénico</i>	
Media		121,2067	91,47111
Varianza		1367,255	626,6101
Observaciones		9	9
Hipótesis de diferencia de medias		0	
Df		14	
t Estad,		1,997788	t Estad,
P(T<=t) unilateral		0,032776	P(T<=t) unilateral
t Crítica unilateral		1,761309	t Crítica unilateral
P(T<=t) bilateral		0,065552	P(T<=t) bilateral
t Crítica bilateral		2,144789	t Crítica bilateral

Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas		Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas	
2706693-F1-01		<i>Transgénico</i>	
Media		105,0357	82,70286
Varianza		297,551	425,0981
Observaciones		7	7

Hipótesis de diferencia de medias		0	
Df		12	
t Estad,		2,198009	
P(T<=t) unilateral		0,024155	
t Crítica unilateral		1,782287	
P(T<=t) bilateral		0,048309	
t Crítica bilateral		2,178813	
Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas			
2706693-F1-03		Transgénico	C24
Media		128,8975	97,9875
Varianza		343,4492	485,6123
Observaciones		8	8
Hipótesis de diferencia de medias		0	
Df		14	
t Estad,		3,036341	
P(T<=t) unilateral		0,004444	
t Crítica unilateral		1,761309	
P(T<=t) bilateral		0,008887	
t Crítica bilateral		2,144789	
Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas			
2706693-F1-01		Trangénico	C24
Media		108,85	90,9333
Varianza		127,263	226,0587
Observaciones		6	6

Hipótesis de diferencia de medias		0	
Df		9	
t Estad,		2,334789	
P(T<=t) unilateral		0,022199	
t Crítica unilateral		1,833114	
P(T<=t) bilateral		0,044398	
t Crítica bilateral		2,262159	
Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas			
2706693-F1-01		Transgénico	C24
Media		56,34286	46,77143
Varianza		55,03286	99,45905
Observaciones		7	7
Hipótesis de diferencia de medias		0	
Df		11	
t Estad,		2,037384	
P(T<=t) unilateral		0,033201	
t Crítica unilateral		1,795884	
P(T<=t) bilateral		0,066402	
t Crítica bilateral		2,200986	
Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas			
2706693-F1-01		Transgénico	C24
Media		54,76667	43,95
Varianza		45,17067	52,483
Observaciones		6	6

Hipótesis de diferencia de medias		0	
Df		10	
t Estad,		2,681173	
P(T<=t) unilateral		0,011523	
t Crítica unilateral		1,812462	
P(T<=t) bilateral		0,023046	
t Crítica bilateral		2,228139	
Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas			
2706693-F1-02			
		<i>Transgénico</i>	<i>C24</i>
Media		77,9	61,13333
Varianza		102,4275	436,5925
Observaciones		9	9
Hipótesis de diferencia de medias		0	
Df		12	
t Estad,		2,166534	
P(T<=t) unilateral		0,025555	
t Crítica unilateral		1,782287	
P(T<=t) bilateral		0,051111	
t Crítica bilateral		2,178813	
Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas			
2706693-F1-03			
		<i>Transgénico</i>	<i>C24</i>
Media		72,82857	61,41429
Varianza		63,84571	126,4681
Observaciones		7	7

Hipótesis de diferencia de medias		0
Df	11	
t Estad,	2,189085	
P(T<=t) unilateral	0,025525	
t Crítica unilateral	1,795884	
P(T<=t) bilateral	0,05105	
t Crítica bilateral	2,200986	
Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas		
	F1-01	Control
Media	56,55556	37,61111
Varianza	254,1728	93,01361
Observaciones	9	9
Hipótesis de diferencia de medias	0	
Df	13	
t Estad,	3,050154	
P(T<=t) unilateral	0,004649	
t Crítica unilateral	1,770932	
P(T<=t) bilateral	0,009297	
t Crítica bilateral	2,160368	
T3: Análisis de eventos F1 y F2		
mg de peso en seco		
Pos	Línea	Control
1	F1-01	50,5
2	F1-01	41,5
3	F1-01	25,4
		88,2
		73,6
		54,3
		41,7

4	F1-01	54,4	65,5	41,5
5	F1-01	73,6	54,4	41,5
6	F1-01	22,7	50,5	40,9
7	F1-01	41,5	45,9	38,8
8	F1-01	41,7	44,8	31,7
9	F1-01	40,9	44,4	25,4
10	F1-01	41,7	41,7	22,7
11	F1-01	54,3		
12	F1-01	44,8		
13	F1-01	44,4		
14	F1-01	88,2		
15	F1-01	45,9		
16	F1-01	65,5		
17	F1-01	38,8		
18	F1-01	31,7		
1	F1-02	39,1	F1-02	Control
2	F1-02	45,3	65,7	54,5
3	F1-02	40,3	56,6	51,7
4	F1-02	37,4	49,4	50,5
5	F1-02	31,9	45,3	45,3
6	F1-02	35,3	41,2	39,1
7	F1-02	41,2	40,3	38,6
8	F1-02	35,5	38,1	35,5
9	F1-02	36,3	37,4	35,3
10	F1-02	45,3	36,3	31,9
11	F1-02	50,5		
12	F1-02	38,1		
13	F1-02	49,4		
14	F1-02	65,7		
15	F1-02	56,6		
16	F1-02	54,5		
17	F1-02	51,7		
18	F1-02	38,6		
1	F1-03	32,1	F1-03	Control

2	F1-03	27,8	83,3	63
3	F1-03	33,3	80,1	56,2
4	F1-03	16,6	77,7	55,4
5	F1-03	27,4	70,9	53,3
6	F1-03	57,9	64,4	50,5
7	F1-03	53,3	57,9	33,3
8	F1-03	55,4	49,6	32,1
9	F1-03	49,6	45	27,8
10	F1-03	83,3	16,6	27,4
11	F1-03	70,9		
12	F1-03	80,1		
13	F1-03	45		
14	F1-03	77,7		
15	F1-03	63		
16	F1-03	64,4		
17	F1-03	56,2		
18	F1-03	50,5		
1	F2-01	38,7	F2-01	Control
2	F2-01	37,2	84,2	67,3
3	F2-01	33,4	74,1	49,3
4	F2-01	45,4	60,6	47,7
5	F2-01	51,6	57,5	44,7
6	F2-01	36,8	52,4	40,7
7	F2-01	49,3	51,6	38,7
8	F2-01	84,2	45,9	37,2
9	F2-01	74,1	45,4	36,8
10	F2-01	57,5	33,4	35,4
11	F2-01	44,7		
12	F2-01	67,3		
13	F2-01	40,7		
14	F2-01	47,7		
15	F2-01	60,6		
16	F2-01	45,9		
17	F2-01	35,4		

18	F2-01	52,4			
1	F2-02	20,5			
2	F2-02	27,5			
3	F2-02	26,2			
4	F2-02	52,5			
5	F2-02	34,1			
6	F2-02	35,2			
7	F2-02	35,8			
8	F2-02	33,5			
9	F2-02	39,9			
10	F2-02	42,2			
11	F2-02	45,6			
12	F2-02	41,7			
13	F2-02	47,1			
14	F2-02	58,3			
15	F2-02	42,6			
16	F2-02	47,5			
17	F2-02	46,3			
18	F2-02	58,4			
1	F2-03	41,3			
2	F2-03	35,3			
3	F2-03	18,8			
4	F2-03	34,9			
5	F2-03	43,2			
6	F2-03	28,3			
7	F2-03	30,3			
8	F2-03	47,8			
9	F2-03	40,3			
10	F2-03	38,3			
11	F2-03	39			
12	F2-03	55,9			
13	F2-03	78			
14	F2-03	39,6			
15	F2-03	57,3			

16	F2-03	53,3	
17	F2-03	32,8	
18	F2-03	64,1	

Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas			
Media	F1-01	Control	
	56,55556	37,61111	
Varianza	254,1728	93,01361	
Observaciones	9	9	
Hipótesis de diferencia de medias	0		
Df	13		
t Estad,	3,050154		
P(T<=t) unilateral	0,004649		
t Crítica unilateral	1,770932		
P(T<=t) bilateral	0,009297		
t Crítica bilateral	2,160368		

Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas			
Media	F1-03	Control	
	66,1125	46,45	
Varianza	205,2898	177,0086	
Observaciones	8	8	
Hipótesis de diferencia de medias	0		
Df	14		
t Estad,	2,844346		
P(T<=t) unilateral	0,006497		
t Crítica unilateral	1,761309		

P(T<=t) bilateral	0,012994	
t Crítica bilateral	2,144789	

Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas		
	<i>F2-01</i>	<i>Control</i>
Media	58,9625	45,3
Varianza	188,9627	101,2429
Observaciones	8	8
Hipótesis de diferencia de medias	0	
Df	13	
t Estad.	2,268414	
P(T<=t) unilateral	0,020494	
t Crítica unilateral	1,770932	
P(T<=t) bilateral	0,040989	
t Crítica bilateral	2,160368	

TABLA I-J

65

L NKAIEGKTHHIWLECTVQVEDVKIVLKM LPIFGCTIMLNCCLAQ LSTYSVHQAA TMNR
KIVNFNVPASL PVFPVFM LILAPTYDHLIPFARKVTKSEIGTHLQRIGVGLVLSIV
AMAVAAALVELKRQVAREAGLLDSEETLPITELWIALQYFLGSADLFTLAGLEFFTE
APSSMRSLATSLSWASLALGYLSVSMVPIVNRVTKSAGQSPWLGEKLNRRNRLDLFYWLM
CVLSVNVFLHYLFWAKRYKYISTGSI S

>gi|15241938|ref|NP_201079.1| familia de proteínas de transporte de oligopéptidos dependiente de protones (POT) [Arabidopsis thaliana]
MSTNYTAINHILHFHSPNSCFLMIMSLFEQMD EANRLSAWNGYVDWRSPALRGRHGGM
LAASFVLVVEVLNENLAFLANASNLVYLSTKMGFSPSGAANAVTAFMGTAFFLALLGGFL
ADAFFTTFHIYLSAAIEFLGMLVTVQAHEHSTEPWSRVFLFVGLYLVALGVGGIKGSL
PPHGAEQFDEETSSGRRQRFFNYFISLSCGALIAVTVVWLEDNKGWSYGFVGSTAA
ILISVPFLAGSRVYRLKVPSGSPITTLFKVLTAALYAKYKKRRTSRIVVTCHTRNDCCD
SVTKQNCDDGDFLGSFGEVVRERESLPRLRCTEEQKDVKIVIKILPIFMSTIMLNC
CLAQLSTFSVQQA STMNTKLSFTVPPAALPVFPVFMMLAPTYNHLLPLARKSTKTE
TGITHLQRIGTGLVLSIVAMAAALVETKRKHVVVSCCNSNNSSSYSSSPLPITFLWVAI
QYVFLGSADLFTLAGMMEFFFT EAPSTMRSLATSLSWASLAMYGFSSVLVSAVNFVTGL
NHNPNWLLGENLNQYHLERFYWLMCVLSGINFLHYLFWASRYVYRSNQG

>gi|10177451|dbj|BAB10842.1| transportador de nitratos NTL1 [Arabidopsis thaliana]
MDEANRLSAWNGYVDWRSPALRGRHGGMLAASFVLVVEVLNENLAFLANASNLVYLSTK
MGFSPSGAANAVTAFMGTAFFLALLGGFLADAFFTTFHIYLSAAIEFLGMLVTVQAHE
HSTEPWSRVFLFVGLYLVALGVGGIKSLPPHGAEQFDEETSSGRRQRSSFFNYFISLS
CGALIAVTVVWLEDNKGWSYGFVGSTAAILISVPFLAGSRVYRLKVPSGSPITTLFKV
LTAALYAKYKKRRTSRIVVTCHTRNDCCD SVTKQNCDDGDFLGSFGEVVRERESLPRL
LRCTEEQKDVKIVIKILPIFMSTIMLNCCLAQ LSTFSVQQA STMNTKLSFTVPPAALP
VFPVFMMLAPTYNHLLPLARKSTKTE TGITHLQRIGTGLVLSIVAMAAALVETKRK
HVVVSCCNSNNSSSYSSSPLPITFLWVAIQYVFLGSADLFTLAGMMEFFFT EAPSTMRS
LATSLSWASLAMYGFSSVLVSAVNFVTGLNHNPNWLLGENLNQYHLERFYWLMCVLSGIN
FLHYLFWASRYVYRSNQG

>Clon Ceres:1095948 Organismo:3708 Solapado:0 FL5:1
MIMSLFIQMD EANRLSAWNGYVDWRNRPALRGYHGM LAASFVLVVEVLNENLAFLANAS
NLVYLSTKMGFSPSGAANAVTAFMGTAFFLALLGGFLADAFFTTFHIYLSAAIEFLGL
LVLTVQAHEHSTEPWARVLYVGLYLVALGV

>Clon Ceres:548363 Organismo:3847 Solapado:1 FL5:1 FL3:0
MLFAGLYLVALGVGVKGSLPSHGAEQFDDNTPSGRRQRSTFFNYFVCLSCGALIAVTF
VWVEDNKGWEWGFGISTIAFVSIPLVLAGSTTYRSKIPSGSPLTTLIKVLVAASLNSC
FNSRNSSAVNM TSPSPNPHSGSRKQQAGKEASNTTNKEPEALTNLKFNLKAADQNNN
NPIYSSIECTVEQVEDVKIVLPIFACITMLNCCLAQ LSTFSVEQAATMDTKLSLKV
PPASLPFPVLFMVLAPIYDHITPARRVTKTEMGITHLQRIGILVLSIVAMAAAV
VEVKRKRVMETHNTNNSLGHDA TKPLITELWIAFYQLFLGSADLFTLAGLLEFFFT
EAPSSMRSLATSLSWASLAVGVVSSAIVSIVNVTGNTSHRPWL SGANI NHYHI EREYW

5		
10		
15		
20		
25		
30		
35		
40		
45		
50		
55		
60		
65		
	>Clon Ceres:313748 Organismo:311987 Solapado:1 FL5:1 FL3:1 MEDVAPGAEPWEGYVDWPNRPATRSRHRGMAAASFVLVVEVLNLAFLANASNLVTYLMG FMHYSQSASATATNFMGTAFLLALLGGFLSDAFFTTYIYIASAFIELMGLVILTQAR TQSLMPQCACAPCEPVSGAKKAMLFAGLYLTALGVGGIKGSLPSHGAEQFDEHAARG RKGRSTFFNYFVCLSCGALVAVTFVAVVEDNKGWQWGGISTAILLSIPLFVAGSSRY RNKVPTGSPLTTIAKLIJAAALARRGCAPSSSNGAVIDRAPSTGSTDMKEYCKPGDMEE ITVSGAAIVASSPAEPSRELAFLNRAVQCQPPRHGRLACTVQEVEDVKVLMVLPFELST IMLNCCLAQLSTFVEQAATMDTRVGSITVPPASLPVFPVTFIIILAPVYDHIIVPFAARR VTGTEMGITHLQRIGTGLVLSIVAMAAVAAVEVKRKNVASHNGMLDSTKPLPITFFWIAF QYFLGSADLFTLAGLLEFFSEAPARMRSLATSLSWASLALGYLSSVLVSIVNSVTGR GDHRPWLGASLNHYHLERFYWMCVLSTINYLFFLFLAVRYKYRNAGVIKG* >Clon Ceres:389905 Organismo:311987 Solapado:1 FL5:1 FL3:1 MHMDVARATTMASNFFAALQMFSPAAFLADSYIKRFYTVLIFGPIELGYILLAVQAHV PSLHPPCPVPGQETSTCESVSGSNLSLLGLYLIPIGDGAARACLPALGGEQFDRSDPV EQRQESSFFNWYTFSTGGFVGLVFIWVWENSKGWDVGFACVLSVLLGMLWIAGLPL YRNQLPTSSPITRIILQVLVAAFKKRNVALPANPSELKQISQGDAGSLEILHRTDGFRCLD KAAVDTRGTGGWILCSITQVEETKILRMVPIFLSAVLGYIPVPLINFTVQQGNTMDTR LGALHISPATLFIPTLFQMVLVYDRFIVPFLRRITGVYGGVTHLQRIGIFLSTVVA TGVAATIVEASRKVKVRDSCLDATOSGIPISVFWLTIQFLLGIVDVTSFVGLLEFFYSEA STGMKSIGSSIFYCILGVSALWLSLLIQVANRVTRHRDGTGGWLDGTNLNKGKLERFYWL LAVLELVSLLVYVFFASRYVYGNDRQVVADEDNNTAPSDGTINV* >gi 34909514 ref NP_916104.1 transportador putativo de nitratos [Oryza sativa (cultivar del grupo japonica)] >gi 14209546 dbj BAB56042.1 transportador putativo de nitratos [Oryza sativa (cultivar del grupo japonica)] MENEEMSKVTQANGIDSRHKGQSJAVEANSKETREVVEGKVDWRGRPAIRGSHGGVAN SFFILNFGLENLASLAVNLIYFMTVMHIGLTDGSNLLTNYMGTSYMWAVLISVFAD TFIGRYKTVIISSVIELVGLLITLQASHNKLKPPYCVFPDPKQETVSGDGRTHLYVGL YLVAGSAGIKAALPAHCADQFDEKHPTKLMSSFFNWLLLSLCTGGAISVTVFVWIQS YKWDKGFGAATGVMGLALLVFIAGLPGYRISVWQGSTALLEILQVYVAAIRNRNMKLPE NPDELYEISKSKAPPDIDFMAHRDKPFRFLDKAAIVQAPTDEAPSPWRCQCRVTQVEHAKT VLAMVPJFCSAIIMSTCLAQLQTFSIQQGVMTDRITGTFKMPASLPIIPLVLVFAVPI YERGFVPFARRITGHPNGIPHLOQVGVGLVLSIVSMAIAAVVEVRRKRVAARHGMLDANP ILGKQLPISCFWLAPQFTVFGVADMFTFGLLEFFYSQAPPALKSMSSSFLWCPMSLGYF LSTIIVKAVNAATRGTASGGWLAGNNINRNHLDLFFWLLAVLSFLNLYFWASWYKY KPQQSAHVPAEHKV >gi 38347451 emb CAE02495.2 OS:JNBa0076N16.20 [Oryza sativa (cultivar del grupo japonica)] MVVGGFVDWRGNPIDRKVHGGVRAAFMFFLSVNTNMENIPNMLNLVTYLHGTMHMGVSS SATTVTNFIGATSGFALLGAFLSDSYITRSRTILLFGPLEFALGLLALQAYLPSLHPPP CNIEAELSNCEEVHGFTVILHGLYTWAFSEGCIRACTPSLGADQFDEHPSESRRQQSS FFNWFTFGISLGGFIGLILVWLENYKGWDIGFGVCALLILLGLLIVATGLPFYRNQVPE	

	5 10 15 20 25 30 35 40 45 50 55 60 GSPLTRILQVLVAFKRNKYELPEKLEEAQENRGLDSIEVPRPTNFKFLDKASINHGE DGAWSVCSTMKEETKIVLRMLPLFISSMIGYISNPLLLTFTVQQGSMNTNRLGKIHISP ATLFIVIPITFQMLMLAVYDRELVPFMRKRTGYACGITHLQRVGLGFASMIVASAVAAVE RKRKEAAVQMSLFWLAPQFFLLGVSDVTSFVGLLEFFNSEAPKDKMSIGTALFWCELGIA SWMGTFLLVELYNKATRHHGRGWLEGTSLNNSHLDFYVWVAVIGLLGFLNLYYWAKKYA YRHNPRMVTSPADQDSDP >gil21742982 embj CAD41354.1 OSJNBa0076N16.17 [Oryza sativa (cultivar del grupo japonica)] MAVGGLFDWRGNPINRKVHGGVRAAWFVYFLVVTSTVNPVNMMLNMVLYLGTMHMGISS SSTVTNVLGATSGFALLGAFSDSYITRARTILLFGPLEFLGYGLLQALQAYLPSLRPPP CNAEAEASSCREVHGRNAVLLYAALYISAFGDGFMFACMPPLGADQDFHEDPSESRRQQSS FFNWYTFGISFGGFIGLILVWLENSKGDVGFVCAFLILLGLLVAAAGLPLYRNHVPE GSPLTRILQVLVAFKRNKQLPEKLEEAQEERSTEQGGSTEIVTEIASQTNSSLKFLDKA CINGGKDGAWSCVSTKNVEETKAVLRVLPVFISLLGYMSNPILLFTFTVQQGGLTNTRLG RIHVSPATLFIIPSAFQMALLPVYDRFLVPLLRRTGYASGVTHLQRVGAGFAAVILASA IAAVVERKRRADAAAGQMSLFWLAPQFFLLGVSDVTSFPGLELLEFSSSEAPRGMKSIASA LFWCELGLSWLATLLVQVWNRATRRHGGGGGWLEGATLNTSRLDLFYVWVAAVGLLG FVNYLYWASRYIRQDPRVVVDVEPSADHDSP
Secuencias de Consenso:	>psiblast/cDNA_ID:12711144 <11>a(F, I)(F, M)ta(L, E)a(Q, E)<1>a<1>(E, P)<2- 4>(S, E)<1>w(E, N)GY(A, V)DWRNR(A, P)A<1>+t(R, Y)HGGM(L, A)AASFVLVVEaLENLaLANASNLV(L, T)YL<3>M(H, G)<1>(S, D)(P, V)t<1>tt(N, T)< 1>(V, A)t(N, A)(F, M, F)t(A, L)(F, Q)<1>(L, F)ta(L, P)tFtDtr(F, I)<1>(T, R)r<1>(I, T)<1>a<1>(S, F)t<1>IE<1>aG(L, Y)aaLtaQA+<2>S(L, T)<1>P(P, W)<3- 25>aL<2>GLYL<1>(A, P)aG(V, D)Gt<1>+t(S, C)L(A, P)t(H, L)GtEQFD<3>(P, A)<1>(G, E)(R, Q)+<Q, G)(R, E)StFFNrr(V, T)F(C, S)at(C, T)Gt(L, F)ata(T, V)F<1>VWae(D, N)(N, S)KGW<1>(W, V)GFta(S, C)tata(F, L)ata(L, P)aratG(S, L)<2>YR(N, S)(K, Q)aP<1>tS<0-1>PaT(T, R))(L, A)(K, Q)VLaAA<3- 16>(A, R)(V, N)<5>(S, N)Pt<1-5>t<4-13>t<2-4>(E, T)<4-17>t<2>(L, F)<2>L<0-5>(N, D)<1>a(A, V)<0-1>(D, Q)<2- 6>(P, R)<4>a<1>Cta<1>(Q, E)VEEn(V, T)KlaL<1>aaP(F, A, L)(P, V)aYD+<1><1>PF(A, L)R+<1>T(K, G)(T, Y)(E, V)<1>GaThLQRIg<1>G(L, F)a(L, S)taaA(M, T)tV >a(P, S)PatL(P, F)a(F, I)P(V, T)<1>F(I, Q)aaa(A, L)(P, V)aYD+<1><1>PF(A, L)R+<1>T(K, G)(T, Y)(E, V)<1>GaThLQRIg<1>G(L, F)a(L, S)taaA(M, T)tV AAaVE<1>(K, S)RK<1-6>V(A, V)<2-8>(S, N)<1>aa<0- 2>Dt(K, T)<2>aPat(F, V)(L, F)Wat<1>Qr(L, F)(F, L)LG(S, I)(A, V)Da(F, T)t(L, F)(A, V)GLLErFtEA(P, S)<1>M+SattSa(S, F)r(A, C)(S, I)Ltat(Y, A)rLts<1>a a(S, Q)a(V, A)N(S, R)aT<0- 1>(G, H)<5>(P, G)WL<1>G<1>(S, N)aN+(Y, G)+Ln(Y, R)FYWaa(C, A)VL(S, E)<2>(N, S)<1>L<1>raF<1>A<1>RY(K, V)YR(S, N)tG
Promotor utilizado en los experimentos con el	35S, un potente promotor constitutivo

Fenotipo:	Se recogieron y analizaron mediante GC/MS tejidos procedentes de diferentes eventos (F1, F2, F3, F4) de plantas transgénicas T2 de Arabidopsis thaliana con sobreexpresión de cDNA 12711144. Se utilizó Norvalina como norma interna de normalización de los Datos. El peso de la muestra utilizada en los experimentos y los datos procedentes de ejemplares naturales también se utilizaron para normalizar los Datos que se muestran a continuación. Los valores de la tabla siguiente se refieren a los resultados de ejemplares naturales. Los resultados naturales se normalizan a 1. Los datos que se muestran a continuación muestran los incrementos con respecto al ejemplar natural.									
	Se recogieron y analizaron tejidos de plantas transgénicas T2 de Arabidopsis thaliana con sobreexpresión de cDNA 12711144. Los datos que figuran a continuación se normalizaron mediante el peso de las muestras utilizadas en los experimentos y los datos naturales. Los valores de la tabla siguiente se refieren a los resultados de la planta natural. Los resultados naturales se normalizaron a 1. Los datos que se muestran a continuación muestran los incrementos con respecto al ejemplar natural.									
Datos del Fenotipo:	F1	F2	F3	F4	Media	Dev. Est.	%dev est			
	Alanina	0,716014	1,005271	1,164739	0,995931	0,970488811	0,186500653	19,21719		
	Glicina	0,648279	0,976275	0,881422	0,845309	0,837821335	0,137904096	16,45985		
	Valina	1,121525	1,095285	0,840305	1,023917	1,020257833	0,128860214	12,43413		
	Norvalina	1	1	1	1	1	0	0		
	Leucina	1,168801	1,222778	1,114375	1,235952	1,185476503	0,055595772	4,689741		
	Isoleucina	1,169159	1,040408	0,782151	1,014714	1,001607775	0,161153914	16,08952		
	Treonina	0,995112	1,26661	1,107657	1,764489	1,283466895	0,339472189	26,44963		
	Serina	1,148333	1,249814	1,209969	1,501049	1,277291236	0,154903387	12,12749		
	Prolina	0,489324	0,596606	0,532073	0,584485	0,550622123	0,049540625	8,997209		
	Asparagina	0,848484	1,206245	0,906756	1,611335	1,143205047	0,349231764	30,54848		
	Acido aspártico	1,334915	1,358106	1,31585	1,385793	1,348666029	0,030185558	2,238179		
	Metionina	0,795343	1,115189	0,961838	1,551736	1,106026554	0,324579579	29,34645		
	4-Hidroxirolina	0,824365	0,988324	1,009283	0,601927	0,855974824	0,18846677	22,01779		
	Acido glutámico	1,062852	0,997973	0,567535	0,963975	0,898083789	0,224150448	24,95875		
	Fenilalanina	1,382132	1,248087	1,112926	1,311378	1,263630884	0,114419778	9,054842		
	Glutamina	1,267102	1,383716	1,20148	1,653328	1,376406207	0,199403713	14,48727		
	Ornitina	1,036204	1,207166	1,05071	1,314926	1,152251438	0,133236921	11,56318		
	Lisina	1,35332	1,600501	1,884522	1,435279	1,568405289	0,234481361	14,9503		
	Histidina	0,85168	0,962352	1,140629	1,078218	1,008219568	0,127855017	12,68127		
	Tirosina	0,903873	1,070642	0,843025	1,187406	1,001236693	0,157042055	15,68481		
	Triptófano	1,054198	0,975377	1,277262	1,160678	1,116878734	0,131139751	11,74163		
		1,109552	0,99153	0,755765	1,11442	0,992816747	0,167938215	16,91533		

Promedio de incremento en % de Nitrógeno y Carbono para todos los eventos		
Nitrógeno	1,243006566	
Carbono	0,972485865	
Condiciones de cultivo:		
Las semillas germinaron en los recipientes		
Rociado con Basta 19,12,2003		
Suplementado con 50 y 150ppm N 5,1,2004		
Nitrógeno	50ppm	150ppm
KNO3 1M	8,6ml	25,8ml
NH4NO3 1M	1,065m	3,19ml
Recopilado el 13,1,04		
Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas		
NB42-35s-4268909-F1 50ppm		Control
Media	29,5149	21,8255
Varianza	29,4139	2,9146
Observaciones	6,0000	6,0000
Hipótesis de diferencia de medias	0,0000	
Df	6,0000	
t Estad.	3,3127	
P(T<=t) unilateral	0,0081	
t Crítica unilateral	1,9432	

P(T<=t) bilateral		0,0162
t Crítica bilateral		2,4469
Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas		
NB42-35s-4268909-f3 50ppm		Control
Media	24,84726379	20,33908531
Varianza	69,70058898	13,11196228
Observaciones	6	6
Hipótesis de diferencia de medias	0	
Df	7	
t Estad.	1,213468883	
P(T<=t) unilateral	0,132151106	
t Crítica unilateral	1,894577508	
P(T<=t) bilateral	0,264302212	
t Crítica bilateral	2,36462256	
Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas		
NB42-35s-4268909-F4 50ppm		Control
Media	35,2638	29,6574
Varianza	15,9265	13,5904
Observaciones	5,0000	5,0000

[illegible]

NB42-35s-4268909-f3 50ppm				Control	
Media	26,78018864			21,0129672	
Varianza	59,10424765			12,98407681	
Observaciones	5			5	
Hipótesis de diferencia de medias	0				
Df	6				
t Estad.	1,51886496				
P(T<=t) unilateral	0,089800025				
t Crítica unilateral	1,943180905				
P(T<=t) bilateral	0,17960005				
t Crítica bilateral	2,446913641				
Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas					
	NB42-35s-4268909-f4 50ppm			Control	NB42-35s-4268909-f4 50ppm
Media	33,73161623			28,88066643	35,26378
Varianza	26,82629564			14,49182359	3,990801
Observaciones	6			6	29,65736
Hipótesis de diferencia de medias	0				3,68651
Df	9				
t Estad.	1,848553966				
P(T<=t) unilateral	0,048787603				

Análisis del contenido de aminoácidos

Asparagina	264,52	276,18	227,36	241,13	214,05	219,66	287,77	314,43	216,13	243,72	371,60	422,08
Ácido aspártico	579,83	586,49	555,59	605,16	759,69	783,67	785,53	786,41	716,32	809,35	779,51	823,69
Metionina	24,00	20,01	18,42	21,36	20,72	21,82	21,44	21,32	17,11	22,93	23,60	22,08
4-Hidroxiprolina	19,79	18,52	17,77	20,13	19,93	19,68	19,67	18,57	17,36	19,14	18,99	18,65
Ácido glutámico	968,47	988,54	1100,20	1175,68	1089,26	1154,77	986,00	1126,26	584,16	634,06	939,85	1101,20
Fenilalanina	52,34	49,13	42,55	47,50	59,04	64,34	52,54	60,50	49,70	52,81	55,66	61,90
Cisteína	21,20	20,08	19,70	21,90	22,14	22,24	21,86	21,09	19,25	21,18	21,85	22,31
Glutamina	908,69	885,07	746,54	866,52	824,94	936,95	1000,53	1047,32	861,22	928,09	1082,62	1143,93
Ornitina	14,58	13,94	13,40	14,48	14,84	15,35	15,34	13,99	13,41	15,07	14,66	14,57
Lisina	51,90	51,63	45,19	49,78	44,91	46,10	47,45	49,45	50,31	56,93	47,58	57,21
Histidina	37,62	38,78	32,51	39,49	37,53	38,15	37,44	38,18	30,90	38,14	38,43	39,46
Tirosina	30,49	30,24	28,71	32,14	31,89	32,10	30,57	29,89	30,51	34,37	31,42	33,21
Triptófano	15,70	16,99	12,72	16,16	16,23	17,51	14,49	16,12	11,04	13,51	16,05	17,61

	C24-F4-1	C24-F4-2	4268909-F1	4268909-F2	4268909-F3	4268909-F4
Aminoácido	nmol/mg	nmol/mg	nmol/mg	nmol/mg	nmol/mg	nmol/mg
Alanina	498,90	657,02	541,11	789,70	884,98	697,73
Glicina	106,93	96,26	62,81	89,03	74,25	86,36
Valina	262,17	148,04	264,01	229,71	168,50	171,07
Norvalina	471,72	390,63	474,19	497,10	498,86	516,89
Leucina	129,52	62,65	115,48	109,40	97,87	68,74
Isoleucina	160,89	68,06	141,77	108,44	82,65	71,99
Treonina	524,34	487,96	660,38	806,93	794,28	1028,01
Serina	937,33	1144,75	1707,13	2084,11	2085,45	2515,18
Prolina	473,07	492,70	291,39	377,99	308,12	326,52
Asparagina	356,10	415,74	438,73	634,69	511,31	686,58
Ácido aspártico	854,06	839,34	1020,50	1199,28	1131,96	1207,42
Metionina	1,52	11,42	1,50	1,52	9,53	8,73
4-Hidroxiprolina	22,07	20,60	22,11	25,50	21,41	27,72
Ácido glutámico	1834,96	1697,69	2041,17	2353,47	1448,07	2696,25
Fenilalanina	303,60	97,62	165,09	189,70	128,36	143,99
Glutamina	1412,68	847,16	1417,81	1534,81	1418,65	1522,25
Ornitina	10,25	10,82	10,80	13,72	11,98	11,75

	Lisina	81,36	80,65	86,48	122,72	128,23	105,94
	Histidina	56,85	48,90	41,99	54,75	44,53	50,75
	Tirosina	36,54	31,27	43,97	48,09	52,41	41,98
	Triptófano	34,19	11,39	19,41	24,60	20,50	15,08

ES 2 364 152 T3

TABLA II-A

Análisis Ortólogo

5	Secuencia de consulta: >Clone_ID:15650 taxon:3702 especie:Arabidopsis thaliana MTDYNIDNMQGLITITLTASFQPLHPASCNSQDPLSCGGPNKLQIGVLLGLCFLSVGSGGIRPCSIPIFGVDQFD QRTEEGVKGVASFFNWYYMTFTVVLITQTVVVYIQDQVSWIIGFSIPTGLMALAVVMFFAGMKRYVYVKPEGSIFS GIAQVIVAARKKRKLKPAEDDGTVTYYDPAIKSSVLSKLHRSNQFRCLDKAAVVEGDLTPEGPPADKWRLCSVQ 10 EEEVKCLIRIVPIWSAGISLAAMTTQGTFTVSQALKMDRNLGPKFEIPAGSLSVISLLTIGIFLPFYDRVFPFMRRI TGHKSGITLLQRIQTGIVTIFSMIVAGIVERMRRIRSINAGDPTGMTMSVFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQIEFFNS QFPEHMRSIANSLSFSLFAGSSYLSSFLVTVVHKFSGGHDPRDWLNKNLNAGKLDYFYLI AVLGVVNLVYFWYC ARGYRYKVGLPIEDFEEDKSSDDVEMTSKKSME Secuencias Ortólogas/Homólogas:
15	Coincidencia N°1, identidad 98.8 % >gi 25404847 pir A96721 probable transportador de péptido T17F3.10 [importado] - Arabidopsis thaliana >gi 12325237 gb AAG52567.1 transportador de péptido putativo; 37139-33250 [Arabidopsis thaliana] MVLEDRKDGSSLPGRSGSFSKSSPELDDVDPYKRISPSGILDAEKVEKKPGGWRVAVSFILGNETLERLGSIGLL ANFMVYLTQVHLEQVDAANVINIWSGFTNLTPLVGAYISDTYVGRFKTIAFASFATLLLLNYFCIVRKRMLNLRDH 20 AIEDDKGLITITLTASFQPLHPASCNSQDPLSCGGPNKLQIGVLLGLCFLSVGSGGIRPCSIPIFGVDQFDQRTEEG VKGVASFFNWYYMTFTVVLITQTVVVYIQDQVSWIIGFSIPTGLMALAVVMFFAGMKRYVYVKPEGSIFS AARKKRKLKPAEDDGTVTYYDPAIKSSVLSKLHRSNQFRCLDKAAVVEGDLTPEGPPADKWRLCSVQVEVEVK CLIRIVPIWSAGISLAAMTTQGTFTVSQALKMDRNLGPKFEIPAGSLSVISLLTIGIFLPFYDRVFPFMRRI TGHKSGITLLQRIQTGIVFAIFSMIVAGIVERMRRIRSINAGDPTGMTMSVFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQIEFFNS 25 QFPEHMRSIANSLSFSLFAGSSYLSSFLVTVVHKFSGGHDPRDWLNKNLNAGKLDYFYLI AVLGVVNLVYFWYCARGYR YKVGLPIEDFEEDKSSDDVEMTSKKSME Coincidencia N°2, identidad 49.3 % >gi 56784406 dbj BAD82445.1 transportador putativo de nitratos NRT1-5 [Oryza sativa (cultivar del grupo japonica)] 30 MEIGAVENGGVGGEVAVAGKRKTPQGWKCMPIIATETFEKVATIGVVANLTVYLVKRFNIGQIEAANITNIFGT LNFAPLLGAFISDVYLGFRKTLAYGCFASLLGMLGMTLYASLPALKPPICHEKTRLGGGCNSPSTLQLSVLYLSLGF LIIGGGAIKPCSLPFGVDQFDKTDEEGRKGLNSYYNWYYGTSTAALVLSMIVIIYQNNVSWPIGFIPTLLMFLAIM LFLGTNLVYHVQPEGSIFAGIAQVLVASFKKRNKLKPCPHDINQQGLMLYNPPSKGNRVFRLPLTSQFRFLNKGAI 35 VMGDDINVDGSARNWELCNVQQIEEVKCLIRIVPVCISGVLCFVALAQQFTYIILQFTTMDCHFGTHFEIPAGSVV SISLIALTLFIPIYDRILVPIARGFTGVESGITLLQRQIGLAISPISMVVAGLVERKRRNSALSNGGISPMVSVLWLAPO LVLMGIAEAFNAVQIEFYKQFPENMQTLAGSLFFCTIAGANYLSTALANIMRKVTTTRDGHSSWLTDNINLGKLD YFYFIALMGVNLNLIYFLICSHFYQYKVMSLHSEESIKIPTKEEEATEIDIDTDAPSK Coincidencia N°3, identidad 49.3 % >gi 34906908 ref NP_914801.1 transportador de péptido putativo [Oryza sativa (cultivar del grupo japonica)] 40 MEIGAVENGGVGGEVAVAGKRKTPQATETFEKVATIGVVANLTVYLVKRFNIGQIEAANITNIFGTNLNFAPLLGA FISDVYLGFRKTLAYGCFASLLGMLGMTLYASLPALKPPICHEKTRLGGGCNSPSTLQLSVLYLSLGFLLIIGGGAIK CSLPFGVDQFDKTDEEGRKGLNSYYNWYYGTSTAALVLSMIVIIYQNNVSWPIGFIPTLLMFLAIMFLGTNLVY HVQPEGSIFAGIAQVLVASFKKRNKLKPCPHDINQQGLMLYNPPSKGNRVFRLPLTSQFRFLNKGAI 45 VMGDDINVDGSARNWELCNVQQIEEVKCLIRIVPVCISGVLCFVALAQQFTYIILQFTTMDCHFGTHFEIPAGSVV SISLIALTLFIPIYDRILVPIARGFTGVESGITLLQRQIGLAISPISMVVAGLVERKRRNSALSNGGISPMVSVLWLAPO LVLMGIAEAFNAVQIEFYKQFPENMQTLAGSLFFCTIAGANYLSTALANIMRKVTTTRDGHSSWLTDNINLGKLDYFYFIALMG VNLNLIYFLICSHFYQYKVMSLHSEESIKIPTKEEEATEIDIDTDAPSK Coincidencia N°4, identidad 47.4 % >gi 11933414 dbj BAB19760.1 transportador de nitratos NRT1-5 [Glicina max] 50 ENDPKIDYRGWKAMPFIIGNETFEKLGAI GTLANLLVYLTTFVNLKNITATNIINIFNGSTNFATFIGAFLSDTYFGRYK TIGFCTFTSFLGLLVIQLTAVFKNLHPPHCGKEMKTKGPTAGQMAFLVSGFGLLLIGAAGVRPCNLAFGADQFNP NTDSGKKGINSFFNWYFFFTFAQMVSLTLIVYVQSNVSWAIGLIPALMLISCVVYFMGSKIYVKVEPSGSPAGI VQVFVAVKKRSIKLPAEHPMLSLFNYPVPMVSVNSKLPYTFQFRLLDKAAIVTPKDKIKPDGSAADPWNLCSIQV 55 EEAKCVVRVLPWFVAAIVYHLVIVQMHTLLVFQALQSDRRLGSSNFKIPGASFNVFLMLSMTLWLPYIDRIVVPFSL SNTPEKSGGITLLQSDGIGIFISALCMIVAGVVEEHRRSLALTNPIGVQPRKGAISSMSGLWLIPQLSLAGLSESFTA VGQVEFYKQFPENMRSIAGSLFYCGMAGSSYLSTLLISIVHNTSEKSATGNWLPEDLNKGRLDFFYYMIAALEIM NLGYFLLCSWKYKYKEIGSSDLELNQVPKHI Coincidencia N°5, identidad 47.4 % >Clon Ceres:1075429 Organismo:3847 Solapado:1 FL5: 60 ENDPKIDYRGWKAMPFIIGNETFEKLGAI GTLANLLVYLTTFVNLKNITATNIINIFNGSTNFATFIGAFLSDTYFGRYK TIGFCTFTSFLGLLVIQLTAVFKNLHPPHCGKEMKTKGPTAGQMAFLVSGFGLLLIGAAGVRPCNLAFGADQFNP NTDSGKKGINSFFNWYFFFTFAQMVSLTLIVYVQSNVSWAIGLIPALMLISCVVYFMGSKIYVKVEPSGSPAGI VQVFVAVKKRSIKLPAEHPMLSLFNYPVPMVSVNSKLPYTFQFRLLDKAAIVTPKDKIKPDGSAADPWNLCSIQV 65 EEAKCVVRVLPWFVAAIVYHLVIVQMHTLLVFQALQSDRRLGSSNFKIPGASFNVFLMLSMTLWLPYIDRIVVPFSL SNTPEKSGGITLLQSDGIGIFISALCMIVAGVVEEHRRSLALTNPIGVQPRKGAISSMSGLWLIPQLSLAGLSESFTA

ES 2 364 152 T3

VGQVEFYKQFPENMRSIAGSLFYCGMAGSSYLSTLLISIVHNTSEKSATGNWLPEDLNKGRLDFFYYMIAALEIM
NLGYFLLCSKWYKYKEIGSSDLELNQVPKHI*

Coincidencia N°6, identidad 42.1 %

>gi|15391731|emb|CAA93316.2| transportador de nitritos [Cucumis sativus]
MEIESLRVSVDEKVLKDEEKEEEMKMKMKMKRKLGGVKTMPFILGNEVCDFASSGFHNSNIITYLTQDLNMPL
VPASNILTNFAATSSFTSLIGALIADSFAGRFWTITIASIYELGMVTITISAILPSLHPPPCPTQINCTQASGTQLMILYL
ALLTSLGAGGIRPCVVAFAADQFDMTKVGIAGRTWNFFNWWYFCMGMATLTALTVVVYIQDNVWGWWGFGFLP
TIAMALSVVAFVVGSPLYNKLKPSGSPLVRLAQVVAAAFKNRKAVLPDDSKLLYRNHELDAIAIQQRLVHTDQFK
WLDKAAVITSPDSTANPPNLWRLATVHRVEELKSIIRMLPIWAAGILLVTASSHQHSFTIQQARTMNRHLTPTFQIP
PATLSIFGILSMLTGLVLYDRLLVPFAKKLTHNPSSGITCLQRMGVGFAINILATLVSSIVEIKRKKVAANHGLLDNPTA
TIPFSVFWLVPQFWLHGIAEVFMSVGHLEFMYDQSPESLRSTATALYWLAI SVGN YIGTLMVYLVHKYTGEENHW
LPDRNLNRGRLEYYYWLVSIGQVMNLVYYVICAWFYTYKPLEEEKINENKDGQDEWERCEDTIKIA

Coincidencia N°7, identidad 41.7 %

>gi|32488322|emb|CAE02899.1| OSJNBa0015K02.16 [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)]
>gi|50929369|ref|XP_474212.1| OSJNBa0015K02.16 [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)]
MALNAFAQPVNTYLIKRYNMKPNAATNVANVFSGTYSFSPVVGAFVADAFCGRFWTLLFGAVAAAFVAMVVITLSA
TIRQLKPPSCSDVARQAGTCAGPSGLHRAVL YIGMALLVATGGANPTSLPFGADQFDHDDASSGSSSNEADER
RRRAEAPGLKRFYNYVVTMMASQDFTIAYIQDKVSWGFGIPTALVAATFAVLAGTPLYVRVPAEGSF
SSVARVVVAGLRFRRLTLPHPRDARQQEAVLNPPVVVAAGTGTSRVFKLPLTLQLSFLNKAIVTADADEIRPD
GSPARPWSLCSVQQVEEVKCLVKIVPVWISGVMMFISVAELTNYTFLQAL TMDLHMGRSFTIPPVSIAAIFNLAIVL
FVPVYDLLVARAAQRVTGVEGGITVLQRQGVGVAISGLALVVAAVVERRRRRASALDNGGTSPMSVFLAPQLAV
MGVSAAFNMIGQMEFYNTTEFPDQMRTLANAIFYCAQGASSYLATAVVNVVNARTRRRGGGQGWVAEDINAGK
LDHFFYAMAVFAAINFVYFLVCSYFYRYKGEPEVAEDSPATPEAVLLKH

Coincidencia N°8, identidad 39.9 %

>Clon Ceres:328378 Organismo:311987 Solapado:1 FL5:1 FL3:1
MGEVEDMYTQDGTVDKGNPAVKKG TGNWRACPYILANECERL AYYGMSTNLVNYMKTRLGQVNSVASNNV
TNWQGTCTYITPLIGAFFADAYMGRFWTIAIFMIIYIFGLALLTMASSVKGLVPTSCGDKDVCHPTDAQAAVVFVALY
LIALGTGGIKPCVSSFGADQFDENDEREKSKSSFFNWFYFSINIGALVASTVLVYVQTHVWGWWGFGIPAVVMAI
AVGSFFVGTPLYRHHQKPGGSPLTRIAQVLVACARKWNVAVPADKSR LHETVDGESGIEGSRKLEHSEQLACDR
AAVVTAEADGAESPWRCLCSVTQVEELKSVIRLLPIWASGIVFAAVYSQMSTMFLVQGNLTDQSMGPRFKIPSATL
SMVDTISIVWVPVYDRAIVPLVRSYTGPRGFTQLQRMGIGLVVSIFSMVAAGVLDIVRLRAIARHGLYGEDDIPVI
SIFWQIPQYFIIGCAEVFTFVGQLEFFYDQAPDAMRSMCSALSLTTVALGNYLSTVLVTIVTHITTRHGRIGWIPENL
NRGHLDYFFWLLAVLSLLNFLAYLVIASWYKYKKTADDYPGAKGEHGEH*

Coincidencia N°9, identidad 39.9 %

>Clon Ceres:1568008 Organismo:311987 Solapado:0 FL5:1
MGEVEDMYTQDGTVDKGNPAVKKG TGNWRACPYILANECERL AYYGMSTNLVNYMKTRLGQVNSVASNNV
TNWQGTCTYITPLIGAFFADAYMGRFWTIAIFMIIYIFGLALLTMASSVKGLVPTSCGDKDVCHPTDAQAAVVFVALY
LIALGTGGIKPCVSSFGADQFDENDEREKSKSSFFNWFYFSINIGALVASTVLVYVQTHVWGWWGFGIPAVVMAI
AVGSFFVGTPLYRHHQKPGGSPLTRIAQVLVACARKWNVAVPADKSR LHETVDGESVIEGSRKLEHSEQLACDR
AAVVTAEADGAESPWRCLCSVTQVEELKSVIRLLPIWASGIVFAAVYSQMSTMFLVQGNLTDQSMGPRFKIPSATL
SMVDTISIVWVPVYDRAIVPLVRSYTGPRGFTQLQRMGIGLVVSIFSMVAAGVLDIVRLRAIARHGLYGEDDIPVI
SIFWQIPQYFIIGCAEVFTFVGQLEFFYDQAPDAMRSMCSALSLTTVALGNYLSTVLVTIVTHITTRHGRIGWIPENL
NRGHLDYFFWLLAVLSLLNFLAYLVIASWYKYKKTADDYPGAKGEHGEH*

Coincidencia N°10, identidad 39.8 %

>gi|4102839|gb|AAD01600.1| LeOPT1 [Lycopersicon esculentum]
MKYLFSKNGGLLEDENSGLYTRDGSVDIKGNPVLKSETGNWRACPFILGNECCERL AYYGIAANLVTYLTKKLHE
GNVSAARNVTTWQGTCTYITPLIGAVLADAYWGRYWTIATFSTIYFIGMCTLTLSASVPAFKPPQCVGSVCPSASPA
QYAIFFFGLYLIALGTGGIKPCVSSFGADQFDDTPKERVKKGSFFNWFYFSINIGALISSSLIWWIQENAGWGLGF
GIPAVFMGIAIASFFFGTPLYRFQKPGGSPLTRMCQVLVAVFHKWNLSVPDDSTLLYETPDKSSAIEGSRKLLHTD
ELRCLDKAAVSDNELTTGDYSNAWRLCTVTQVEELKILIRMFPIWATGIVFSAVYAQMSTMFEVQGMVMDTAVG
SFKIPAAALSTFDTISIVWVPVYDKILVPIARRFTGIERGFSELQRMGIGLFLSMLCMSAAAIIEIRRLQLARDLGLV
DEAVSVPLSIFWQIPQYFILGAAEIFTFIGQLEFFYDQSPDAMRSLCSALSLTTALGNYLSSFILTVVTSITTRGGKP
GWIPNNLNGHLDYFFWLLAALSFFNLVIYVFLCQMYKSKKAS

Coincidencia N°11, identidad 39.7 %

>gi|7489404|pir|T04378 proteína de transporte de péptidos - cebada >gi|2655098|gb|AAC32034.1| transportador
de péptidos [Hordeum vulgare]
MGEVAAEMYTQDGTVDIKGNPALKKDTGNWRACPYILANECERL AYYGMSTNLVNFMKDRMGMANAAAAANN
VTNWGGTCTYITPLIGAFADAYLGRFWTIAFMIIYIFGLGLLTMATSVHGLVPACASKGVCDPTPGQSAAVFIALYL
IALGTGGIKPCVSSFGADQFDEHDDVERKSKSSFFNWFYFSINIGALVASSVLVYVQTHVWGWSWGFIPAVVMAI
AVGSFFVGTSLYRHHQKPGGSPLTRIAQVLVAATRKLGVAVDGSALYETADKESGIEGSRKLEHTRQFRFLDKAAV
ETHADRTAAAPSPWRCLCTVTQVEELKSVVRLPIWASGIVFATVYQGMSTMFLVQGNLTDASMGPKFKIPASLSI
FDLTSVIAWVPVYDRILVPAVRSVTGRPRGFTQLQRMGIGLVVSMFAMLAAGVLELVRLRTIAQHGLYGEKDVPI

ES 2 364 152 T3

SIFWQVPQYFIIGCAEVFTFVGQLEFFYDQAPDAMRSMCSALSLLTTVALGNYLSTLLVTVVAKVTTRGGKQGWIP
DNLNVGHLDYFFWLLAALSLVNFVAYLLIASWYTYKKTAGDSPDAKGGAHQ

Coincidencia N°12, identidad 39.1 %

>gij31088360|gb|AAP44102.1| transportador de péptidos 1 [Vicia faba]
MGSVEDDSSRLLEEALIQDEESKLYTGDGSDVDFKGRPVLLKNTGNWKACPFILGNECCERLAYYGIAITNLVKPILLA
KLHEGNVSAARNVTTWQGTCTYLAPLIGAVLADSYWGRYWTIAIFSMIYFIGMGTLTSLASIPALKPAECLGAVCPP
ATPAQYAVFFIGLYLIALGTGGIKPCVSSFGADQFDDTDSRERVKKGSFFNWFYFSINIGALISSSFIWQENAGW
GLGFGIPALFMGLAIGSFLLGTPLYRFQKPGGSPLTRMCQVVAASFRKRNLTVPEDSSLLYETPDKSSAIEGSRKL
QHSDRLCLDRAAVISDDERKRGDYSNLWRLCTVTQVEELKILIRMFVPWATGIVFSAVYAQMSTMFVEQGTMM
DTSVGSFKIPAAASLSTFDVISVIFWVPVYDRFIVPIARKFTGKERGFSELQRMGIGLFISVLCMSAAAIVEIKRLQLAK
ELDLVDKAVPPLTIFLQIPQYFLLGAAEVFTFVGQLEFFYDQSPDAMRSLCSALSLLTTSLGNYLSSFILTVVLYFT
TRGGNPGWIPDNLNKGHLDFYFSLAGLSFLNMFLYIVAAKRYKSKKAS

Coincidencia N°13, identidad 37.7 %

>gij48675345|dbj|BAD22820.1| transportador de nitratos [Prunus persica]
MSNCTLPETQEKLTPDAWDFKGRPAERSKTGGWTAAMILGGEACERLTTLGIAVNLVITYLTGTMHLGNATSA
NTVTNFLTGSFMLCLLGGFVADTFGLGRYL TIAIFATFQAMGVITLTISTTIPSLRPPKCTSDTSTPCIPASGKQLMVLV
IALYLTALGTGGLKSSVSGFGSDQFDESQKERRQMTNFFNWFYFSINIGALISSSFIWQENAGW
CAIVLGLIVFLSGTRRYRFKKL VGSPLTQISGVCVAAWRKRNMELPSDMSFLYNVDDIDDGLKKKKKQKLPHSKQF
RFLDKAAIKEPKTTSGMTAMIINKWSLSTLDVEEVKLIIRMLPIWATTIMFWTVYAQMSTTFVSQATSMRHHIGKSF
QIPPASTAFFVGSILLTPVYDRLIVPMARKALENPQGLTPLQRMGVGLVFSIFAMVAAALTEVKRLNIARSHGLT
DNPTAEIPLSVFWLVPQFFVSGEAFYIGQLDFFLRECPKGMKTMSTGLFLSTLSLGGFFSSLLVTIVHKTTGHN
KPWLADNLNQGKLYDFYWLLALLSALNLVIYLFANWYVYKDKRLAEEGIELEEPEICA

Coincidencia N°14, identidad 37.7 %

>gij33411520|dbj|BAC81420.1| transportador de nitratos [Prunus persica]
MSNCTLPETQEKLTPDAWDFKGRPAERSKTGGWTAAMILGGEACERLTTLGIAVNLVITYLTGTMHLGNATSA
NTVTNFLTGSFMLCLLGGFVADTFGLGRYL TIAIFATFQAMGVITLTISTTIPSLRPPKCTSDTSTPCIPASGKQLMVLV
IALYLTALGTGGLKSSVSGFGSDQFDESQKERRQMTNFFNWFYFSINIGALISSSFIWQENAGW
CAIVLGLIVFLSGTRRYRFKKL VGSPLTQISGVCVAAWRKRNMELPSDMSFLYNVDDIDDGLKKKKKQKLPHSKQF
RFLDKAAIKEPKTTSGMTAMIINKWSLSTLDVEEVKLIIRMLPIWATTIMFWTVYAQMSTTFVSQATSMRHHIGKSF
QIPPASTAFFVGSILLTPVYDRLIVPMARKALENPQGLTPLQRMGVGLVFSIFAMVAAALTEVKRLNIARSHGLT
DNPTAEIPLSVFWLVPQFFVSGEAFYIGQLDFFLRECPKGMKTMSTGLFLSTLSLGGFFSSLLVTIVHKTTGHN
KPWLADNLNQGKLYDFYWLLALLSALNLVIYLFANWYVYKDKRLAEEGIELEEPEICAH

Coincidencia N°15, identidad 37.9 %

>gij28273100|dbj|BAC56916.1| transportador de nitratos [Nicotiana tabacum]
MALPETQQDSKALPDAWDYKGRPALRSSSGGWASGAMILGVEAVERLTTLGIAVNLVITYLTGTMHLGNASSANN
VTNFLTGSFMLTLLGGFVADTFGLGRYL TIGIFATVQAMGVITLTISTTIPSLRPPKCEQVGSSSCIPANSKQLMVLVIA
LYMTALGTGGLKSSVSGFGTDQFDDSDKKEKGQMIKFFDWFFFFINVGSLGAVTVLVYIQDNLGREWGYGICAC
AIVIALVVFLLGTRKYRFKKLGGSPLTQIASVIVA AWKRHLELPSSDSSLLFEIDDFEGENKSKQKLPHSKEYRFL
DKAAIKEDDDLESNGTNVINKWKLATLDVEEVKLIIRMLPTWATTIMFWTVYAQMSTTFVSQATSMRHHIGTFEI
PPATLTVFFVGSILLTVIFYDRIIVPICRRFMNKPGLTPLQRIFTGLVLSILAMIAAALTEVKRLKVAHLHGLTNDANA
TIPLTVFWLVPQFLLVGFAGEAFYIGQLDFFLRECPKGMKTMSTGLFLSTLSLGGFFSSLLVTIVHVVTGTTNPWLA
DNLNQGRLYDFYWLLAILSVFNLMMFLYSSRKYVYKEKRLAEMGIELEDDGPVCH

Coincidencia N°16, identidad 36.6 %

>gij47900739|gb|AAT39311.1| putative transportador de nitritos [Solanum demissum]
MESSVRGVDEAAIMKSSSTRKNGGWITFPFIIVSATMAGLSLASGGWTSNLIVYLIDEFNMKSIKTAKVYNVINGCT
TLFPIVGGILADSYLGSFVWIFSSILSALGILLLLFTSAIDVLRPPPCDDGSSLCTSPSTHQYAVLYVALALASLGVA
GTRFIIAPMGANQFDKPKHQAIFFNWIYIFAFYMSFAISTTVIVYVEDNVSWSWGYGISMAFNILGLAMFLIGKRFYC
DVKEQGGSPFVNLRVIVVAIQKWRVPLSEQTQHYHDPSTTTTLTITQIPTKSFKFLNCAAFITEGDTKPDGSIS
NPWRLCTVQQVEDLKSILKLFPLWASGFLISTQLVIQASLLILQALKMDRHMGPHEIPAGSMLVFILLFTCIAIFIIDR
FLYPFLAKYTTFSLTPLQRIGIGHVITIISMAVSALVESRRLRIVRTHKLQGNNDIVPMSVFWLVPQLALNGIGEGF
HFGHIAFYQEFPTSLKSTSTAMVALFIGIAHYLGNTLIDLVRQLSGWLPDNINKGRDNTVFWLCCILGSANFMY
VVCASLYKYKNVDNKSNIAPSK

Coincidencia N°17, identidad 38.8 %

>gij6635838|gb|AAF20002.1| transportador de péptidos/aminoácidos [Prunus dulcis]
MGSLEEERSLLEDGLIQUDETNGLYTGDGSDVITGKPVLLKQSTGNWXACPFILGTECCERLAFYGIISTNLVITYLTHK
LHEGNVSAARNVTTWSGTCYLTPLIGAVLADAYWGRYWTIAIFSTIYFIGMCTLTISASVPALKPPQCVDVCPAS
PAQYGVFFFGLYLIALRTGGIKPCVSSFGADQFDDTDSRERVKKGSFFNWFYFSINIGALVSSTLVWVQDNAGW
GLGFGIPALFMGIAIVSFFSGTPLYRFQKPGGSPLTRMCQVLVASFRKWNLDVPRDSSLLYETQDKGSAIKGSRKL
EHSDRLNCLDKAAVISETETKTGDFSNPWRICTVTQVEELKILIRMFPIWATGIVFSAVYAQMSTMFVEQGMMDT
SVGSFTIPPASLSSFDVISVIFWVPIYDRFIVPIARKFTGKERGFSELQRMGIGLFISVLCMSAAAVVEMKRLQLATE
LGLVDKEAVPLSIFWQIPQYFLLGAAEIFTFIGQLEFFYDQSSDAMRSLCSALSASDDFIGKLSLFDSDIVTYFTT
QGGKAGWIPDNLNDGHLDFYFSGS

ES 2 364 152 T3

Coincidencia N°18, identidad 65.9 %

>gi|11933410|dbj|BAB19759.1| transportador putativo de nitratos NRT1-4 [Glicina max]
RALNKAALIMEGELNPDGTRVNQWRLVSIQQVEEVKCLARIPIWAAGILSLISMTQQGTFTVSQAMKMNRLHLAGK
FQIPAGSVSVISLITIALWLPFYDRILVPKLRKMTKHEGGITLLLRIGIGMVFSILSMVVAGYVEKVRDRDSANSNPTPL
GIAPMSVLWLAPHLILMGLCEAFNIIGQIEFFNRQFPEHMRSIGNSFSCSFGVSSYVSSIIGQHSSSFYKNT

Coincidencia N°19, identidad 36.9 %

>gi|9581819|emb|CAC00545.1| transportador de nitratos putativo de baja afinidad [Nicotiana plumbaginifolia]
MALPETQQDSKALPDAWDYKGRPALRSSGGWASGAMILGVEAVERLTTLGIAVNLVTYLTGTMHLGNATAANN
VTNFLTGSFMTLLGGFVADTFLGRYLTIGIFATVQAMGVILTISTIPSLRPPKCEQVGSSSCIPANSKQLMVLVIA
LYMTALGTGGLKSSVSGFGTDQFDDGDKKEKGQMIKFFDWFFFFINVGSLGAVTVLVYIQDNLGREWGYGICAC
AIVIGLVVFLSGTRKYRFFKLVSPLTQIASVIVAAWKKTHLELPSNSSLLFEIDNIFGEGNKKSKQKLPHSKEYRFL
DKAAIKEDNDLESNGTKVINKWKLATLTDVEEVKLLIRMLPTWATTIMFWTVYAQMFTTSVSKATTMDRHIGTFEI
PPASLTVFFVGSILLTVIFYDRIIVPICRRFMNKPHTLPLHRIFTGLVL SILAMIAAALTEVKRLKVAHLHGLTNDANA
TIPLTVFWLVPQFLLVGAGEAFTYIGQLDFFLRECPKMGKMTSTGLFLSTLALGFFVSSILVTIVHVVTGTKNPWLA
DNLNQGRLYDFYWLLAILSVFNLMMFLYSSRKVYVYKEKRLAEMGIELEDDGPVCH

Coincidencia N°20, identidad 37.3 %

>gi|31429843|gb|AAP51838.1| transportador de oligopéptidos - LeOPT1 putativo [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)] >gi|37530498|ref|NP_919551.1| LeOPT1 putativo - transportador de oligopéptidos [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)]
MEAGAADEETPLIQQLPPEEQCSQYTCGDTVNSDKKPAKQSTGHWACFFILGAQFAETLCFFMVSKNLVMYL
TSALHESNIDAAQSVSIWIGTSFFFTPLIGAFADTYWGRYWTTVISLFIIGMLIVTVSSSPLFLNSSYNNWNICRATV
YTGLYLTAVGSGCMKPCIPAFGADQFDSADPVERLAKGSFFNWYFMSMNVGSLSTLLVWVAVANIGWSVGFAI
PMLLSGFGALFFAGRKVYRYKKQGGSPTRVSVQVVAAVRNHRKLKLPDDSSLLHEVSKVTEDDYRTQLTTQFR
FFDKAAILSDAISPAQWSPWRLCTVSQVEELKILLRMFPVWVSMVFFVTAQITSTLIEQGMAMDGRVGPFTLPA
ASIAITFDVSVLVVVPVYDTVLVPLARRVTGKDRGISHLRIGVGLALAAVAMAYSAVVEARRLGTAPAPVSIIMWQ
APSYLVLGVAEAFSVIGMMEFFYEQSPESMSKSLCTALGQLAIAVANYLNSGVLVVVAAATTRGGGAGWIPDNLDE
GHLDYFFWMMMAVSVLNLHFLHCSIRYRANNTLSS

Coincidencia N°21, identidad 36.8 %

>Clon Ceres:752104 Organismo:4565 Solapado:1 FL5:1 FL3:1
MSXGAGGIRPCSMAGADQFXRHPKERRSRILQAYFNAYYASIGVAFTVAVTIVIVYQDNVGVKAGFAVPMGLM
MLSASVFLLSRLYVKEKGSKQMFAGIGAALVAIRNYRVQLPAKTEDGVYHHLKDCKLTVPTDRLRFLNKACIIS
NNGGVDPGTAASERDGNVGGRRRLCTVDQVEQLKSAVRILPIWSSTVFLAQAMSQNYAVLQANEMDRRIGV
GQFRVPGCSLTMFNMVMTSLWSGSYDRWIAPALRRVTGDPRLTMKQRVGVGLLLATAAMAVSGAVEGARRR
LELAGGGGAGMSAFWLVPQFALMGLAEAFGVIXELEFFYTELPKSMXSFSMALLYMAMGVGNLVNSLIVVDD
ASRRGGRTSWLSSDLNAGHYDYYYWLLAXLXAVNFVYFLWCAWKYGEEGKNVEWEEGEGEREXPM*

Coincidencia N°22, identidad 37.1 %

>gi|31075168|emb|CAD32549.1| transportador de dicarboxilato [Alnus glutinosa]
MEESKKSCFISDRVDYKGDPAADRNTTGGWVPAALIVGIEVSERLSTMGIIVNLVTYLTGTMHQSSSTSSNSTSNVA
GTSFLLCLLGGILADSLFGRYWTIAIFSVIHALGTCMLAISALPELRPSECNLHHDPLKCEEPSSFQMGILYALY
SMALGVGGIKSSVSGFGTEQFDQNDKEKEMSEMAHFFNRFYLIISFGTLLAVTVLVVYQDQVGRSWGYGICASM
FLSIVAFVLGTRKYRYRECTGSPHIIQILQVIVAAIRKRKAELPTDLSFLYDKASDKESTISHTDKYSCLDKGAITGMD
RGADGLTISNPWGLCTVTEVEEVKMLIRLIPMASTIIFWTIRAQLLSFSVQQAATMERTIENFPIPPASFNGFFVGS
TIITLIMYDRLLPFLRQSSNGVQGFTNLQKIGIAIFLSILGMAAASFAEMKRLVVVRANRGSTSTSSLTPIAFYLLPQ
FVLVGIGDGFMYTGQLDFFITESPKGMKAISTGLFTTNALGFFGSSILVTITKVTGEEVGHGWLLSRINDSRLDFF
YALLAVLGFINLVFYLVLASWYKPSPEDAHQKINGKEEKV

Coincidencia N°23, identidad 52.2 %

>gi|48525519|gb|AAT45007.1| transportador de nitratos [Xerophyta humilis]
SLQQVEEVKCLLRIPIWSTGIIYYIAIVQQQTYVVYEALQSDRHLGNTSFLIPAASYSVFAMLAMTIWPIYDRIIVPRF
RKLTGQEGGITLLQRMGVGLVLAIGMVVSAIIEIQRRSYAIHRPTIGTAPSGGAISSMSSLWLIPQLVILGLSEAFNAI
GQIEFYKQFENMRSVAGSLFLLGAATANYLSGALIGVVHRTGRGAGKNWLAGDLNKGRLDYFFFIAGLGLV
NLVYFMMCAWKYKYKEADSSSNAGEISLVDEISKEPLV

Coincidencia N°24, identidad 38.0 %

>gi|4322327|gb|AAD16016.1| transportador de péptidos [Nepenthes alata]
DQFDDTDPREKIKKGSFFNWYFVSNIGALISSLVVWQENLGWALGFGIPAIMSGIAIASFFSGTALYRLQKPGG
SPLTRMCQVLVASFRKSKLALPEDSNLLYETSDENSVIEGGRKLEHTNDLKCLDKAAVVSDEIKCEDFSNPWRL
CTVTQIEELKILIRMFPIWATGIVFSAIYAQMSTMFVEQGEVMDRTIGSFITPAASLSMFDTSIVFVWPVYDKILVPL
ARKSTGKQRGFSELQRMGIGLFISSMAAAALVEMKRLQLAKELGLVDEDAVPLSIFWQIPPYF

Coincidencia N°25, identidad 91.5 %

>Clon Ceres:1266369 Organismo:3708 Solapado:0 FL5:0
RVLVPFLRRITGHKSGITLLQRIGTGIVFAISMIVAGLVERKRRIRSINAGDATGMTPMVSFVWLSPLQILMGLCEAF
NIIGTD*

ES 2 364 152 T3

Coincidencia N°26, identidad 38.0 %

>gi|21615415|emb|CAD33927.1| transportador de nitratos [Cicer arietinum]

AILITLAVNDRIIMPLWKKMKGKPGFTNLQRIAGLLSTFGMAAASLCEVKRLSVAKSVKGNQATIPISVFLIPQFFL
VGSGEAFIYTGQLDFFITQSPKGMKTMSTGLFLTTLSTLGGFFISSFLVSVVKKVTGTRDGGQWLADNINKGRDLFF
ALLTILSFINFVAFLVCAFVYKPKKAKPSMQMGAINNGSSVEEK

Coincidencia N°27, identidad 42.0 %

>gi|52851190|emb|CAH58643.1| transportador de péptido putativo [Plantago major]

MLQRIGIGLVLSLVSIVYAAIIERKRLATAMEYGLVDMPKAVVPMSALWLAPQYVLSGVADVFTMIGLQEFFYDQIP
CDLKSIGLAMYSILGIGSLLSSFLVSFIQNMTKGHGQDGFADNLNKAHLDFYFWLLAGLSTVGLSAYIYFARSY
VYRRKV

Coincidencia N°28, identidad 56.4 %

>Clon Ceres:523548 Organismo:3847 Solapado:0 FL5:0

LDQVYASNILNIWSGITNFFPLIGAFISDAYVGRFWTIAFASFSSLLGMVVVTLTAWLPELHPPCTPQQQALNQC
KASTPHLGALLTGLXLLSVGSAGIRPCSIPFGVDQFDPSTDEGKKGINSFFNXYTFTV*

Coincidencia N°29, identidad 48.7 %

>gi|16304006|gb|AAL16907.1| transportador de nitratos putativo de baja afinidad [Narcissus pseudonarcissus]

QPMVSFVWLVPQFFLVGAGEAFICYIGQLDFFLRECPKGMKTMSTGMFLSTLSLGGFFLSSALVTIVHKVTGESGQGA
WLPDDLNRGKLYDFYWLLAVLSAVNLVAFVLSARWYVYKENRMATDDG

Coincidencia N°30, identidad 43.1 %

>gi|54306587|gb|AAV33448.1| transportador putativo de nitratos [Fragaria x ananassa]

EITGHPAGITQLQRVGIGLVLSAVSMAVAGIVEVKRRNYALAHSPAPGGISLFWLSFQYAFIADIADMTLVGLLEFF
YREAPAGMKSLSTSFTWLSLSFGYFLSSTLLRTH

Secuencia de consenso:

<5>(N,S)a(Q,L)Ga<2>a(T,Q)att<2>(P,K)<1>L(H,V)P<2>C<1-4>(Q,K)<4-
13>(P,A)<3>(Q,H)<1>t<1>a<2>t(L,F)<1>(F,L)a<1>aGttGa+PC<3>FG(V,A)DQF(D,N)<7-23>(K,S)<3-
4>trFN(W,A)rr<1>t(F,I)<5>at<1>TaaVYaQ<2>VtW<2>G(F,L)taP<2>aM<1>at<1>(V,G)<1>r(F,L)<1>G<3>Y(V,R)
<2>(K,E)(P,G)<1>(G,K)<0-1>(S,Q)<2>t(G,R)|<1>(Q,A)(V,A)<1>V(A,V)(A,C)<1>+(K,N)<2>a<1>aP<0-4>A<15-
28>(V,G)<1-14>t<1>(Q,R)(F,L)(R,A)<1>L(D,N)+A(A,C)aa<3-6>D<0-5>G<2-3>A<0-2>(D,S)<1>(W,R)<0-
7>(R,N)LCta<1>(E,Q)VE(E,Q)<1>K(C,S)<1>aRaaPIW<1>tta<4>(A,V)<2>(T,Q)<3-
5>V<1>Qt(L,N)<2>D(R,Q)<1>aG<2-
4>F<1>aPt<1>t(L,F)<1>a<3>ata<1>ar<1>(P,G)<1>YDR<2>(V,A)P<2>(R,L)(R,S)<1>T(G,P)<1>(K,P)(S,R)<0-
1>G<1>T<1>(L,K)Q(R,S)<1>G<1>Ga<2>t<3>M<1>(V,A)tG<1-3>an<2-4>R<9-26>(G,D)<0-2>a<0-
11>S<1>(F,L)W(L,Q)<1>PQ<2>a<1>G(L,C)<1>E<1>F<2>aG(Q,E)aEfr(N,Y)<1>(Q,E)<1>P<2>MRS<3>tL<3>t<
1>t<1>t(S,N)(Y,L)a(S,N)t<1>aa<1>aV<3-7>t<4>(R,T)<2>Wa<2-
3>(N,D)LN<1>G+(L,Y)DrrrraaA(V,A)L<2>aN(L,F)<1>(Y,A)r(W,L)<1>(C,I)t<2>Y+YK

ES 2 364 152 T3

TABLA II-B

Secuencia de consulta:

5 >Clone_ID:121073 taxon:3702 especie:Arabidopsis thaliana
MEAEKTPPTTTTTEKKTEQVKDNDLPTDSPYMATGTLEDYKLYKAYGAEVTKSLLLVLVAPPMLLLLLATHPPPL
PPMRKLREKKKDYNNEQVLWIVGKQTHNCSMFNN

Secuencias Ortólogas/Homólogas:

10 Coincidencia N°1, identidad 95.5 %
>Clon Ceres:28423 Organismo:3769 Solapado:1 FL5:1 FL3:1
MEAGKTPPTTTTTEKKTEQVKDNDLPTDSPYMATGTLEDYKLYKAYGAEVTKSLLLVLVAPPMLLLLLATHPPPL
PPMRKSVKKKKDYNNEQVLWIVGKQTHNCSMFNN*

15 Coincidencia N°2, identidad 65.8 %
>Clon Ceres:27437 Organismo:3769 Solapado:1 FL5:1 FL3:1
MEAGKTPPTTTTTEKKTEQVKDNDLPTDSPYMATGTLEDYKLYKAYGAEGHQEPTPGLGGGXHRCSSYFWRRR
RRHYHRCSSVKKKKDYNNEQVLWIVGKQTHNCSMFNN*

20 Coincidencia N°3, identidad 98.0 %
>gi|23297118|gb|AAN13097.1| proteína desconocida [Arabidopsis thaliana] >gi|21617986|gb|AAM67036.1| late
embryogenesis abundant-like protein [Arabidopsis thaliana]
MEAGKTPPTTTTTEKKTEQVKDNDLPTDSPYMATGTLEDYKLYKAYGAEGHQEPTPGLGGGSTDAPTPSGDAPA
25 ATTTDAKAP

Coincidencia N°4, identidad 98.0 %
>Clon Ceres:22390|11891|23006|9284 Organismo:3769 Solapado:1 FL5:1 FL3:1; Organismo:3769 Solapado:1
FL5:1 FL3:1; Organismo:3769 Solapado:1 FL5:1 FL3:1; Organismo:3769 Solapado:1 FL5:1 FL3:1
30 MEAGKTPPTTTTTEKKTEQVKDNDLPTDSPYMATGTLEDYKLYKAYGAEGHQEPTPGLGGGSTDAPTPSGDAPA
ATTTDAKAP*

Coincidencia N°5, identidad 98.0 %
>Clon Ceres:206407 Organismo:3769 Solapado:1 FL5:1 FL3:1
35 MEAGKTPPTTTTTEKKTEQVKDNDLPTDSPYMATGTLEDYKLYKAYGAEGHQEPTPGLGGGSTDAPTPSGDAPA
ATTTDAKAP*

Coincidencia N°6, identidad 98.0 %
>Clon Ceres:9937 Organismo:3769 Solapado:1 FL5:1 FL3:1
40 MEAGKTPPTTTTTEKKTEQVKDNDLPTDSPYMATGTLEDYKLYKAYGAEGHQEPTPGLGGGSTNAPTPSGDAPA
ATTTDAKAP*

Coincidencia N°7, identidad 98.0 %
>Clon Ceres:26935 Organismo:3769 Solapado:1 FL5:1 FL3:1
45 MEAGKTPPTTTTTEKKTEQVKDNDLPTDSPYMATGTLEDYKLYKAYGAEGHQEPTPGLGGGSTDAPTPSGDAPA
ATTTDAKAP*

Coincidencia N°8, identidad 95.9 %
>gi|13877897|gb|AAK44026.1| proteína desconocida [Arabidopsis thaliana]
50 MEAGKTPPTTTTTEKKTEQVKDNDLPTDSPYMATGTLEDHKLKAYGAEGHQEPTPGLGGGSTDAPTPSGDAP
AATTTDAKAP

Coincidencia N°9, identidad 95.9 %
>Clon Ceres:39986 Organismo:3769 Solapado:1 FL5:1 FL3:1
55 MEAGKTPPTTTTTEKKTEQVKDNDLPTDSPYMATGTLEDYKLYKAYGAEGHQEPTPGLGGGSTDAPTPSGDAP
AATTTDAKAP*

Coincidencia N°10, identidad 64.0 %
>Clon Ceres:953104 Organismo:3708 Solapado:1 FL5:1 FL3:1
60 MEAEKIPPTTTTTEKKPEQEVKNDDLPTNSPYVDESGSLEDYKMKAYGAQGHQEVKAGLGGGSTDAPTPSGGV
TTATAEKAP*

Secuencia de consenso:

65 <0-1>EA(E,G)K(T,I)PPtTTTT(T,E)(E,K)(K,N)(K,P)(T,E)(E,Q)(Q,E)VK(D,N)(N,D)DLPT(D,N)SPYa<0-
1>(A,E)tGtLEDYKaKAYGA(E,Q)(V,G)(T,H)(K,Q)(S,E)<0-
9>P(M,T)(L,P)(L,G)(L,G)(L,G)tTH(P,R)(P,C)(P,S)(L,Y)(P,S)(P,F)(M,W)R+<1>(R,V)<0-
10>(E,K)KKKDYNNE(Q,R)VWIVGKQTHNCSMFNN

ES 2 364 152 T3

TABLA II-C

Secuencia de consulta:

>Clone_ID:6288 taxon:3702 especie:Arabidopsis thaliana
MPKSKRDRPVTLSKTKKKGREHKECIVNGIREAVEKYSSVYVFSFENMRNIKFKEFRQQFRHNGKFFLGSNKVM
QVALGRSAEDELRSYKVKSKLLRGDTGLLVTDMPKEEVESLFNAYEDSDFSRTGSIIVETVELKEGPLEQFTH
MEPLLRKLEMPVRLNKGTVLADFFVCEEKQLSPKSAHILRLRMKMATFKLNLLCRWSPSDFELYREDLSEL
YREDLSDVETS

Secuencias Ortólogas/Homólogas:

Coincidencia N°1, identidad 98.3 %

>gi|25403008|pir||C86382 probable proteína ribosómica ácida 60S PO [importado] - Arabidopsis thaliana

>gi|11067271|gb|AAG28799.1| proteína desconocida [Arabidopsis thaliana]

MPKSKRDRPVTLSKTKKKGREHKECIVNGIREAVEKYSSVYVFSFENMRNIKFKEFRQQFRHNGKFFLGSNKVM
QVALGRSAEDELRSYKVKSKLLRGDTGLLVTDMPKEEVESLFNAYEDSDFSRTGSIIVETEGPLEQFTHMEPL
LRKLEMPVRLNKGTVLADFFVCEEKQLSPKSAHILRLRMKMATFKLNLLCRWSPSDFELYREDLSELYRED
LSDVETS

Coincidencia N°2, identidad 69.8 %

>Clon Ceres:708745 Organismo:3847 Solapado:1 FL5:1 FL3:1

MPKSKRNRQVTLSKTKKKGRDHKETIVNGIKDAAEKYGHVYVFSFENMRNQKFKEFRDQLKSSSRFFLGSNKVM
QVALGRSASDEIRPGLHKVSKLLRGDSGMVFTNLSKEEVERLFKEFEEYDFARTGSNATEKVLDKEGPLEQFTH
MEPFLRKQGMPLVRLNKGTVLADFFVCEEKQLSPEASRILRLMGKMATFRLSLICRWSPDEFELYIDGPDES
DIECS*

Coincidencia N°3, identidad 60.3 %

>Clon Ceres:630284 Organismo:4565 Solapado:1 FL5:1 FL3:1

MPKSKRNRVTLSKTKKKPGLERKGVVTEIKDAIERHSSAYVFTYNNMRNQKLKDLRDQLKSSSRIFLAGKKVM
QIALGRSPADEAKTGLHKLKSKFLQGASGLLFTNLPDDVERLFREFEVNDFARTGSIATQTVLKEGPLEQFSHE
MEPFLRKQGLPVRLNKGTVLADFFVCEEKQLSPEAAHTLRVLGTMATFRLYLVCRWSSDDFEVYKEGLAH
LGEEADESS*

Coincidencia N°4, identidad 60.6 %

>Clon Ceres:223083 Organismo:311987 Solapado:1 FL5:1 FL3:1

MPKSKCNRPVTLSKTKKKPGLERKGVVVAEIKDAVDKYSSAYVFTYDNMRNQKLKDLREQLKSSSRIFLAGKKVM
QIALGRSPADEAKTGLHKLKSKFLQGNLGLLFTNLPDDVERMFREFEEHDFARTGSTAADTVLKEGPLEQFTH
MEPFLRKQGLPVRLNKGTVLADFFVCEEKQLSPEAAQTLRLGLIQMATFRLYLVCRWSSDEFEAYKEGLMH
LGADDSS*

Coincidencia N°5, identidad 92.8 %

>Clon Ceres:1095586 Organismo:3708 Solapado:0 FL5:1

MPKSKRDRPVTLSKTKKKGREHKECIVNGIREAVEKYSSVYVFSFENMRNIKFKEFRQQFRHNGRFFLGSNKVM
QVALGRSASDEICPGIFKASKLLHGDAGLLVTDMPKEEVESLFNAYEDSDFSRTGSTAVETVELK

Coincidencia N°6, identidad 59.9 %

>Clon Ceres:1588423 Organismo:311987 Solapado:0 FL5:1

MPKSKRNRPVTLSKTKKKPGLERKGVVVAEIKDAVDKYSSAYVFTYDNMRNQKLKDLREQLKSSSRIFLAGKKVM
QIALGRSPADEAKTGLHKLKSKFLQGNLGLLFTNLPDDVERMFREFEEHDFARTGSTAIDTVLKEGPLEQFTH
MEPFLRKQGLPVRLKQXCRVGCRCPSL*

Coincidencia N°7, identidad 72.1 %

>Clon Ceres:522426 Organismo:3847 Solapado:1 FL5:1 FL3:1

MPKSKRNRQVTLSKTKKKGRDHKETIVNGIKDAAEKYGCYVYVFSFENMRNQKLKEFREQLKSNSRFFLGSNKVM
QVALGRSASDEIRPGLHKVSKLLRGDSGMFFTNLSKEEVERLFKEFEEYDFARTGSIATEKVIGVSSYDYDFFIQH
GMVLGPLGGSCKTAIETSNL*

Coincidencia N°8, identidad 87.5 %

>Clon Ceres:1034486 Organismo:3708 Solapado:0 FL5:1

MPKSKRDRPVTLSKTKKKGREXKETXVNGIREAXEKYSSVYVFSFENMRNIKFKEFRQQFRHNGXXFLGSNKVM
QVALGRSASDEMHPGXFKVSKMLRGDAGLLVTDMPKEE

Coincidencia N°9, identidad 63.8 %

>Clon Ceres:807367|559547 Organismo:3847 Solapado:0 FL5:0; Organismo:3847 Solapado:1 FL5:1 FL3:1

MPXXKRNRQVTXSKTKKKGRDHKETIVNGIKDAAEKYGVYVFXFEXMRNQKXKEFRXQLKSXSRRFFXXSNKVM
QVALXRAXDEIRXGLXKVKSKLLRGDSGMXFTNLXKEEVERLFKEFEXYDFARTGSXATEKVLDKEGXXXAIHX*

Coincidencia N°10, identidad 81.0 %

>Clon Ceres:1037605 Organismo:3708 Solapado:0 FL5:1

ES 2 364 152 T3

MPKSKRDRTVTLSEXKKKXREHKEIIVNGIXEAVEKHTSVYVFSFENMRNIKFKEFRNQFRHTGRFFLGSNKVMQ
VXLGRSASDEIRPGIFXVSKLLHXDA

5 Secuencia de consenso:

10 <0-1>PKSK(R,C)(D,N)R<1>VTLSKTKKK<0-
1>G(R,L)n+K(E,G)<1>aV<1>(G,E)l+nA<1>n+(Y,H)t<1>(V,A)YVFtr<1>NMRN(I,Q)K(F,L)Kn(F,L)R<1>Q(F,L)<1-
3>t+(F,l)FLtt(N,K)KVMQaALGRS(A,P)<1>DE<3>Ga<1>K<1>SK<1>L<1>G<1>tGa<1>(V,F)T(D,N)a(P,S)+nnVE(
S,R)aF<1>(A,E)r<0-
3>DFtRTGS<1>A<2>(T,K)VnLKEGPLEQFtHEMEP(L,F)LRK(L,Q)(E,G)aPVRL(N,K)(K,Q)G(T,V)VELVtD(F,H)VV
CEEgK(Q,P)LSP(K,E)tt<1>(I,T)LRaa(R,G)<1>(K,Q)MATF+L<1>LaCRWS(P,S)(S,D)nFE<1>Y<1>n(D,G)<1-
7>n<1>(S,D)naE(T,C)S

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

ES 2 364 152 T3

TABLA II-D

Secuencia de consulta:

>Clone ID:38286 taxon:3702 especie:Arabidopsis thaliana

MIGQLMNLKATELCLGLPGGAEEVSPAKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQSNKEGSVDLKNVSAVPKEKTTLKDP
SKPPAKAQVVGWCPVLRNYRKNMNTQQKTSSGAEEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKMY
KSYQDLSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKDGDWMLVGDVPWEMFVESCK
RLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCKNRS

Secuencias Ortólogas/Homólogas:

Coincidencia N°1. identidad 82.8 %

>gi|12248009|gb|AAG50096.1| IAA14 [Arabidopsis thaliana] >gi|22328628|ref|NP_193191.2| proteína de la familia AUX/IAA que muestra respuesta a la auxina [Arabidopsis thaliana]

MNLKETELCLGLPGGTETVESPAKSGVGNKRGFSETVDLKLNLQSNKQGHVDLNTNGAPKEKTFCLKDPSKPPAK
AQVVGWPPVRNYRKNVMANQKSGEAEAMSSGGGTVAFAVKVSMGAPYLRKVDLKMYSYKDLSDALAKMFS
SFTMGSYGAQGMIDFMNESKVMDLLNSSEYVPSYEDKGDGDMVLVGDPWPMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPR
AMEKFKNRS

Coincidencia N°2. identidad 82.7 %

>gi|7442224|pir|H71407 proteína inducida por auxina - Arabidopsis thaliana

29|77442224|p|||171407| proteina inducida por auxina - Arabidopsis thaliana
 MNLKETELCLGLPGGTETVESPAKSGVGNKRGFSETVDLKLNLQSNKQGHVDLNTNGAPKEKTFCLKDPSKPPAK
 AQTGVVGVPVGRNYRKNVMANQKSGEAEEMSSGGGTVAFLVKVMSMDGAPYLKVDLKMYSYKDLSDALAKMFS
 SFTMGSYGAGQMIDFMNESKVMDLLNSSEYVPSYEDKDGDWMLVGDPVWPMFVESCKRLRIMKGSEAIGLGKF
 SFLFVS

Coincidencia N°3, identidad 82.7 %

>gi|7268161|emb|CAB78497.1| proteína similar a IAA7 [Arabidopsis thaliana] >gi|5302771|emb|CAB46059.1| proteína similar a IAA7 [Arabidopsis thaliana]

MNLKETELCLGLPGGTETVESPAKSGVGNKRGFSETVDLKLNLQSNKQGHVDLNTNGAPKEKTFLLKDPSPKPPAK
AQVVGWPPVRNYRKNVMANQKSGEAEAMSSGGGTVAFAVKVSMGAPYLRKVDLKMYSYKDLSDALAKMFS
SFTMGSYGAQGMIDFMNESKVMDDLNSSEYVPSYEDKGDGDMVLVGDPWPMFVESCKRLRIMKGSEAIGLGKF
SFLFVSISGSFLFFQ

Coincidencia N°4, identidad 74.1 %

>Clon Ceres:566396 Organismo:3847 Solapado:1 FL5:1 FL3:1

Colicin Seres:566555 Organism:5647 Colicapsid:11LE3:11LE3:1
MATMLTKEHGLPAKTELCLQLPGGGGGGGGGGGGGKGVETPRATGKRGFSETVDLKLNLHSKEDLNENLK
NVSKEKTLTKLDNAPKPPAKAQQVVGWPPVSYRKNMMMAVGQVSTEDVAEKTTSSTANPGAFVKVSMGAPYLRKV
DLTMYKSYKELSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESKLMDLLNSSEYVPSYEDKGDGDWMLVGDVPWEMF
VESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKCKSRs*

Coincidencia N°5. identidad 65.7 %

>qj|20269059|emb|CAC84710.1| proteína aux/IAA [Populus tremula x Populus tremuloides]

[illegible]

Coincidencia N°6. identidad 68.1 %

>qj|4887020|qb|AAD32146.1| proteína deducida por Nt-iaa28 [Nicotiana tabacum]

MTSVMGAECDKIQLDYEAE TELRLGLRSAINGEGEMTSKNNGKRVFSETVDLKLNLSSKDSTVDNQVDNIKEKK
 NIAPTPDAKPPAKAQVVGWPPVRSFRKNVLTVQKNSTGNGESSGGGAAFVKVSVDGAPYLRKVDLKMYSYQQ
 LSDALGKMFSSFTIGNCGTHGFKDFMNESKLIDLLNGSDYVPTYEDKDGDWMLVGDPVWEMFVDSCKRLRIMK
 GSEAIGLAPRAVEKCKNRS

Coincidencia N°7. identidad 66.9 %

>gi|53748471|emb|CAH59413.1| proteína resistente a la auxina [Plantago major]

AY1567467.1|emb|CA155466.1|proteína resistente a la toxina [lantiga mayor]
MVESCTKVMFETELRLGLPGGAAAAGEKTTNNNNYGKRGVEQTVDLKLNLSKDLPNQTDLAENKKNQPVK
PPAKAQVNVPPVRNFRKLPVMAVQKTEKAESGGSAAFGVKVSMGAPYLRKVDLKMKYKTYEELSDALGKMFSS
FTMSKCDAGQMDFMNESKLMDLNGSDYVPTYEDKGDWMLVGDVPWEMFVGSKRLRIMKGTEAIGLAPR
AMEKCKSRS

Coincidencia N°8, identidad 65.2 %

>Clon Ceres:556734 Organismo:3847 Solapado:1 FL5:1 FL3:1

MVFEETELRLGLGLCLPGNGTTATTEAAAAELGVRKRGFSETETDETATVDLMLNLSPEKAAAAADGADPREKPKPT
 SPKEKTLRLPDPAPKPAQVVGWPPVRSFRKNMFAAQSSGGESEKSSPNASFKVSMGAPYLRKVDLKM
 YKSYPELSDALGKMFSSFTIGNCESQGFKDFMNESKLMDLLNSSDYVPTYEDRDGDWMLVGDVPWEMFVESCK
 RLRLMKGKEAIGLAPRAVEKCKNRS*

ES 2 364 152 T3

Coincidencia N°9, identidad 65.6 %

>Clon Ceres:520455 Organismo:3847 Solapado:1 FL5:1 FL3:1

MVFEETELRLGLRLGLPGNGAAPTTEAAELGVRKRGFSETETDETTSDVLMNLSPKEASAAATTDGADPREN
PKTSPKDKNLPLLDPAKPPAKAQVVGWPPVRSFRKNMFAAQKSSGGESEKNSPNASFVKVSMGAPYLKVKD
LKMYKSYPELSDALGKMFSSFTIGNCESQGFKDFMNESKLMDDLNSDYVPTYEDRDGDWMLVGDVPWEMFVE
SCKRLRIMKGKEAIGLAPRAVEKCKNRS*

Coincidencia N°10, identidad 84.4 %

>gi|972931|gb|AAC49055.1| IAA14

LKDPSKPPAKAQVVGWPPVRYRKNVMANQKSGEAEAMSSGGGTVAFFVKVSMGAPYLKVKDLKMYTSYKD
LSDALAKMFSSFTMGSYGAQGMIDFMNESKVMDDLNSSEYVPSYEDKDGWMLVGDVPWPMFVESCRLRIM
KGSEAIGLAPRAMEKFKNRS

Coincidencia N°11, identidad 83.8 %

>gi|2119765|pir|S58501 proteína inducida por auxina IAA14 - Arabidopsis thaliana (fragmento)

LKDPSKPPAKAQVVGWPPVRYRKNVMANQKSGEAEAMSSGGGTVAFFVKVSMGAPYLKVKDLKMYTSYKD
LSDALAKMFSSFTMGSYGAQGMIDFMNESKVMDDLNSFEYVPSYEDKDGWMLVGDVPWPMFVESCRLRIMK
GSEAIGLAPRAMEKFKNRS

Coincidencia N°12, identidad 61.2 %

>Clon Ceres:565422 Organismo:3847 Solapado:1 FL5:1 FL3:1

MINFEETELRLGLPGGSASDHNESTTVKSGGKRGFSETASVDLKLNLSSSDSASDSPSSASTKTTTAAPLPP
SRANDPAKPPAKAQVVGWPPVRSFRKNIVQRNKNEEEAFVKVSMGAPYLKVKDIKLYKSYQELSDALAKMFS
SFTIEKCGSQGMKDFMNETKLIDLLNGSDYVPTYQDKDGWMLVGDVPWEMFVESCRLRIMKGSEAIGLAPRA
VEKCKNRS*

Coincidencia N°13, identidad 72.1 %

>gi|22725714|gb|AAM96891.1| proteína IAA1 con respuesta a la auxina ; MjAux/IAA1 [Mirabilis jalapa]

MMKNDMNKSGGGVIAKDNDNTKVNANNNADLAKPPAKAQVVGWPPVRSYRKNMLAVQKSTGAPESSEK
AANGGLVKVSMGAPYLKVKDLKLYKSYQDLSDALGKMFSSFTLGNYSQGMIDFMNESKLMDDLINGSDYVPTY
EDKDGWMLVGDVPWEMFVESCRLRIMKGKEAAGLAPRAMEKCKNRI

Coincidencia N°14, identidad 63.9 %

>gi|20269061|emb|CAC84711.1| proteína aux/IAA [Populus tremula x Populus tremuloides]

MEVEKGTMKRFEETELRLGLPGNGGGGTEGGEFARKRGFSETVDLKLNLSSKEGGIDPNHEKTRREKNLLATDP
AKPPAKAQVVGWPPVRSFRKNMLAVQKSSTDQESTNKVPGGNATFVKVSMGAPYLKVKDLNMYKTYHELSDA
LGKMFSSFTIGNCGSHGMKDFLNEKSLIDLLNGTDYVPSYEDKDGWMLVGDVPWDMFVESCRLRIMKGTEAT
GLGNEYTA

Coincidencia N°15, identidad 63.0 %

>gi|81759|pir|A28993 proteína inducida por auxina aux28 - soja >gi|114734|sp|P13089|AUX28_SOYBN

Proteína inducida por auxina AUX28

MGFEETELRLGLPGNGGTEEVLIIRKRGFSETETGHEDESATTVDLMLNLSSKEAATTAADPTDKHKTLPKEK
TLLPADPAKPPAKTQVVGWPPVRSFRKNMLAVQKSVGEESEKNSSPNASFVKVSMGAPYLKVKDLKMYKSYR
ELSDSLGKMFSSFTFGNCESQGMKDFMNESKLNDDLNSDYVPTYEDKDGWMLVGDVPWEMFVESCRLRI
MKGKEAIGLGLAPRAMAKCKNRS

Coincidencia N°16, identidad 63.0 %

>Clon Ceres:574451 Organismo:3847 Solapado:1 FL5:1 FL3:1

MEVGLKKENMGFEETELRLGLPGNGGTEEVLIIRKRGFSETETGHEDESATTVDLMLNLSSKEAATTAADPTD
KHKTLPKEKTLLPADPAKPPAKTQVVGWPPVRSFRKNMLAVQKSVGEESEKNSSPNASFVKVSMGAPYLKVK
DLKMYKSYRELSDSLGKMFSSFTFGNCESQGMKDFMNESKLNDDLNSDYVPTYEDKDGWMLVGDVPWEMF
VESCRLRIMKGKEAIGLGLAPRAMAKCKNRS*

Coincidencia N°17, identidad 61.6 %

>Clon Ceres:514595 Organismo:3847 Solapado:1 FL5:1 FL3:1

MEVGLNKKENMGFEETELRLGLPGNVGGTGTTEEVLIRKRGFSETETETEEDESATTVDLMLNLSSKEAAAAADPT
DKHKTLPKEKTLLPADPAKPPAKAQVVGWPPVRSFRKNMLAVQKSVGEENEKNSSSPNASFVKVSMGAPYL
KVDLKMYKSYRELXDSLGMFSSFTIGNCESQGMKDFMNESKLNDDLNSDYVPTYEDKDGWMLVGDVPWE
MFVESCRLRIMKGKEAIGLGLAPRAMAKSKNRS*

Coincidencia N°18, identidad 56.6 %

>Clon Ceres:305337 Organismo:311987 Solapado:1 FL5:1 FL3:1

MATTTDLGFEATELRLGLPGGGGGGEPALGGEGRSSSSASGKRGAETIDLKLEPAAVVEAEEDHGVAV
ALEKEEAGKMKRSPSQSSVAAAAAVALADPAEKPRAAKAQVVGWPPVRSFRKNIMSVQSDKGAGKDAANG
DKSSAAAGGGAFAFVKVSLDGAPYLKVKDLKMYRSYQQLSKALENMFSSFTIGSCSGMNGMNESKLVDDLNG
SEYVPTYEDKDGWMLVGDVPWEMFVESCRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKCKNRS*

Coincidencia N°19, identidad 59.9 %

ES 2 364 152 T3

>gi|5139697|dbj|BAA81687.1| expresado en los hipocótilos del pepino [*Cucumis sativus*]
MEKKKMGFEETELRLGLPGNNIGSSELGEVAARKRGFAETVSSETISKVDLKLNLSSKETVGVGDDDLVADSNP
SNKDKAVLTADPAKPPAKAQVVGWPPVRSFRKNMMLAFVKVSMGAPYLRKVDLKMYSYKQLSDALAAMFGS
FTTIGNCGSQEMKDFMNESKLMDLLSGSDYVPTYEDKGDWMLVGDVPWEMFVESCRLRIMKGKEAIGLAPR
AMEKCKNRS

Coincidencia N°20, identidad 58.7 %

>Clon Ceres:576268 Organismo:4565 Solapado:1 FL5:1 FL3:1
MAADLGFEATELRLGLPGGGEGEARSSSGKRGFAETIDLKLKLEPAGEEAPAEEDRADVAVVAAAAAENQEETA
TDAGGGKMKRSPSQSSVTTAALPDPAEKPRAPKAQVVGWPPVRSFRKNILAEKSSPAAAAAFVKVSMGAPY
LRKVDLNMKYTYQDLKALEKMFSSFTIGNCGTPGMNGMNESKLMDLLNGSEYVPTYEDKGDWMLVGDVPW
EMFVESCRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKCKNRS*

Coincidencia N°21, identidad 56.6 %

>gi|32400272|emb|CAE00638.1| Proteína IAA1 [*Triticum aestivum*]
MAGADVVDVGTTELRLGLPGGGAAEAAKAGKRGYEDTIDLKLTLPTGGMQEDSAGKPEPAADKAKRPAEAAAADPE
KPPAPKAQAVGWPPVRSYRRNAMTVQSVKIKKEEETEKQQPAAAAAAGANGSNFVKVSMGAPYLRKVDLKM
NTYKDLKIALQKMFSTFTATGNEGKMVEAVNGSDVVTYEDKGDWMLVGDVPWEMFVASCRLRIMKGSEAI
GLAPRAKDKYKNKS

Coincidencia N°22, identidad 56.6 %

>Clon Ceres:742023 Organismo:4565 Solapado:1 FL5:1 FL3:1
MAGADVVDVGTTELRLGLPGGGAAEAAKAGKRGYEDTIDLKLTLPTGGMQEDSAGKPEPAADKAKRPAEAAAADPE
KPPAPKAQAVGWPPVRSYRRNAMTVQSVKIKKEEETEKQQPAAAAAAGANGSNFVKVSMGAPYLRKVDLKM
NTYKDLKIALQKMFSTFTATGNEGKMVEAVNGSDVVTYEDKGDWMLVGDVPWEMFVASCRLRIMKGSEAI
GLAPRAKDKYKNKS*

Coincidencia N°23, identidad 58.5 %

>gi|17976835|emb|CAC85936.1| factor de transcripción putativo inducido por la auxina Aux/IAA [*Pinus pinaster*]
MERFANDVDEHSLKETELRLGLPGVCESDTGPGQTRNGKRGFSEVMDSTKASSFNDNKWIFPSVKCQPATSAIT
ETAEACKGSQPGFLSATPSQKIMMQGGCGAPQSWAGDNGLSRSTAPKDELHPKTPRDGPTEKTNGASQSQAA
TDPAMAPAPKAQVVGWPPVRSFRKNLAANSKPNDGSSSNALYVKVSMGAPYLRKVDLKMYSYHELSSALE
KMFSCFNMQCGAPGLSESKLIDLLNGSEYVPTYEDKGDWMLVGDVPWEMFVDSCKRLRITKASEAIGLAPRA
MEKSRSKN

Coincidencia N°24, identidad 70.4 %

>gi|55416169|gb|AAV50046.1| proteína inducida por auxina [*Saccharum hybrid cultivar*]
SSVVTAAAAIQADPAEKPRAPKAQVVGWPPVRSFRKNIMSVQSDKGAGGSKDADKSSPPAAAAAVGGAAAFVK
VSLDGAPYLRKVDLKMYSYQELSKALEKMFSSSTIGSCGSQGMNGMNESKLVDLLNGSEYVPTYEDKEGD
WMLVGDVPWEMFVESCRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKCKNRS

Coincidencia N°25, identidad 54.3 %

>Clon Ceres:1069818 Organismo:3847 Solapado:1 FL5:1 FL3:1
MAGLGFEETKLRLGLPGGSNEAEEAAAAVRSSGKRGYAETIDLVLKLEPASVAAPPFEDDEEVADGVAEAAQSP
AADGQLKRSPSQCSVTTAAQPDADPEKPRAPKAQAVGWPPVRSFRRNMLAATAERGGAALVKVSMGAPYLR
RKVDLMTGYKXQELSKALEKMFSSFTIGNDCSQAQGMTGMNESKLVDLLNGSDYVPTYEDKGDWMLVGDVP
WEMFVASCRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKCKSRS*

Coincidencia N°26, identidad 56.7 %

>gi|50918575|ref|XP_469684.1| proteína putativa con respuesta a la auxina (con empalme alternativo) [*Oryza sativa* (cultivar del grupo japonica)] >gi|30962267|emb|CAD91549.1| Proteína Aux /IAA [*Oryza sativa* (grupo de cultivar indica)]
MAGADVVDVGTTELRLGLPGGGGAAEAAKAAKRGFEETIDLKLTLPTAGMEAAAGKAEAPAAEKAKRPAEAAA
ADAEKPPAPKAQAVGWPPVRSFRRNIMTVQSVKSKKEEADKQQQQAANASGSNSAFVKVSMGAPYLRK
VDLKMYSYKDLKSLALQKMFSTFTATGNNMNEVNGSDAVTTYEDKGDWMLVGDVPWQMFVESCRLRIMKG
SEAIGLAPRAKDKYKNKS

Coincidencia N°27, identidad 58.5 %

>gi|32396295|gb|AAP44405.1| proteína inducida por auxina 2 [*Pinus taeda*]
MERFANDGDEHSLKETELRLGLPGVCESDTGLGQTRNGKRAFSEVMDSTKASSFNDNKWIFPSVKCQPPTSIT
ETAEACKGSQPGFLSATPGQKIMMQGGCGAPQSWAGDNGLSKSTAPKDELHPKTPRGGPTEKTNAASQSQAA
TDPAMAPAPKAQVVGWPPVRSFRKNLAANSKPNDGSSSNALYVKVSMGAPYLRKVDLKMYSYHELSSALE
KMFSCFTMGQCGSPGLSESKLIDLLNGSEYVPTYEDKGDWMLVGDVPWEMFVDSCKRLRITKASEAIGLAPRA
MEKSRSKN

Coincidencia N°28, identidad 51.7 %

>gi|20257219|gb|AAM12952.1| proteína regulada por la auxina [*Zinnia elegans*]
MPPPLLGVGDGLGNVSLMTSASTMESIFQKNAELTERNYLGLSDCSSFDSTAVSGISEVKRNNLNLKATELRLG
LPGSQSPERDVDVLDVNSESLDEKPLFPLPSKDGICSNSQKVFVSGNKRGSFSDAIDEGKWMFGSSGTDSETSN

ES 2 364 152 T3

MNGKISSGAQPVMIKDATSKVVTQEQTATFGTNLNIVNTSNPPAAKAQVVGWPPVRSFRKNILATNSKTNDDEV
GKPGPGALFVKVSMGAPYLKVDLRSYSTYQQLSSAIEKMFSCFTIGQCGSQGAPGRESLSSESKLRDLLHGSE
YVLTIEDKDGDWMLVGDVPWDMFIGSCKRLKIMKGSDAIGLAPRAMEKSKNRN

Coincidencia N°29, identidad 62.6 %

>gi|29465672|gb|AAL92850.1| Proteína aux/IAA [Vitis vinifera]

MSPPLLGVGEEEGQSNVTILASSASMESVCQISSGLKERNYMGLESCSSVDSSAISTDSDGNKSSNLKATELRL
GLPGFLSPGREPELCLLSSTKLDEKPLFPLHPSKDLTYTSSQKTVVSGNKRGFADAMNGFSEGKFLANSEVNVML
SPRPSPNKENLGSQPAKMKEMASPKIVQERPRATNETPPNHTGTGNNNSSAPATKAQVVGWPPIRSFRKNTLAT
TSKNTTEVDGKAGPGALFVKVSMGAPYLKVDLRLNYSAYQELSSALEKMFSCFTIGQYGSHGAPGREMLSESKL
KDLLHGSEYVLTIEDKDGDWMLVGDVPWQMFIETCKRLRIMKSCDAIGLAPRAVEKCKNRN

Coincidencia N°30, identidad 48.5 %

>gi|25989504|gb|AAM29182.1| Proteína aux/IAA [Solanum tuberosum]

MSPPLLGVGEEEGQSNVTLLASSTSLGSICKKGSALKERNYMGLESDCSDSCNISTSSSEDNNGCGLNLKATELR
LGLPGSQSPERGEETCPVSSTKVDEKLLFPLHPAKDTAFSVSQKTVVGTGNKRGFSDTMDGFSEGKFLSNSGVKS
GDAKETSrvQPSKMKDANTQSTVPERPSAVNDASNRAGSGAPATKAQVVGWPPIRSFRKNTLASASKNNEEVD
GKAGSPALFIKVSMDGAPYLKVDLRTYSAYQELSSALETMFSCFTIGQYGSHGAPGKDMLESKLDLLHGSEY
VLTIEDKDGDWMLVGDVPWEMFIDTCKRLRIMKGSDAIGLAPRAMEKCRSRN

Coincidencia N°31, identidad 82.4 %

>Clon Ceres:959589 Organismo:3708 Solapado:0 FL5:1

MIGQLMNLNATELCLGLPGGKAVESPAKSSVRNKRGFSETMDLMLNLQCNKEETVDLNNATASKEKTLKDP
KPPAKAQVVGWPPVRNRYRKNMMTQKTSGEESSEKAGNGGGAALVXVSMGAPY

Coincidencia N°32, identidad 50.0 %

>gi|62242123|emb|CAI77628.1| Proteína aux/IAA [Lycopersicon esculentum]

MGLSDCSDSDSCNISTSSSEDNNGCGLNLKATELRLGLPGSQSPERGEETCPVISTKVDEKLLFPLHPSKDTAFSV
SQKTVVSGNKRGFSDAMDGFSEGKFLSNSGVKAGDTKETSrvQPPKMKDANTQSTVPERPSAVNDASNRAGS
GAPATKAQVVGWPPIRSFRKNTLASASKNNEEVDGKAGSPALFIKVSMDGAPYLKVDLRTCSAYQELSSALEK
MFSCFTIGQYGSHGAPGKDMLESKLDLLHGSEYVLTIEDKDGDWMLVGDVPWEMFIDTCKRLRIMKGSDAIG
LAPRAMEKCRSRN

Coincidencia N°33, identidad 80.9 %

>Clon Ceres:953245 Organismo:3708 Solapado:0 FL5:1

MIGQLMNLKATELCLSLPGGAETLDTPAKSAVGNKRGFSETXDMLNLQSNKERAILNNATASKQKTLLKDPVK
PPAKAQVVGWPPVRNRYRKNIMTNQKTSGADEASSEKAGNGGGGATGATLVKVS

Coincidencia N°34, identidad 52.7 %

>gi|50917147|ref|XP_468970.1| proteína putativa con respuesta a la auxina [Oryza sativa (cultivar del grupo japonica)] >gi|53370658|gb|AAU89153.1| Proteína con respuesta a la auxina, putativa [Oryza sativa (cultivar del grupo japonica)]

MAGLGFDETELRLGLPGAGELARSSGKRGFAETIDLKLQPAAPAAVSGEEGAQEDKEDADAAAAAADEKMS
MKRSASQSSVVTAEPPDKPRAPKAQVVGWPPVRSFRKNVLAEKCKAAALVKVSMGAPYLKIDVAMYKSY
ELSMAFQNMFTSFTIGKCGSHQQLKESNKLRDDLEYVPTYEDKDGDWMLVGDVPWEMFVESCRLRIMKGSEA
IGLAPRAVEKCKS

Coincidencia N°35, identidad 53.5 %

>Clon Ceres:284442 Organismo:311987 Solapado:1 FL5:1 FL3:1

MAGADVDTGTELRLGLPGGGAAAAKDITDLKLPTAGMEEAAAAARPEPAADKAKRPAAEAPADAEEKPPAPK
AQAVGWPPVRSYRRNAMTTVVQAVRSKKEEPEKQQQPAANAFVKVSMGAPYLKVDLKYSSYKDLAAL
KKMFGTFTASGNSMNEGRLVDPAGDADDVVTYEDKDGDWMLVGDVPWEMFVESCRLRIMKSSEAIGLAPRT
KDKCKNKS*

Coincidencia N°36, identidad 48.2 %

>gi|32396297|gb|AAP44406.1| proteína inducida por auxina 3 [Pinus taeda]

MSCSVGNMAMVLEKSGGNAQHEKRDSDLFAETELKGLPGVAAGARQRICGKRSEAMESRNYTIPDEDITNT
STHEDLDKFKGPIVKEKQMALSSANDPPRMGPPPPSKAQVVGWPPVRDFRKYRTVAASNSLYVKVSMGAPYL
KVDLKLSTYHELTSALEKMFSCLIIMGKCGSLALNESNLMDLPNGSEYVPTYEDKDGDWMLIGDVPWQMFVDS
CQRMIRIMTASEAIGLAPRTMENCKNRNRVHP

Coincidencia N°37, identidad 49.6 %

>gi|32396299|gb|AAP44407.1| proteína inducida por auxina 4 [Pinus taeda]

MSCSVGGMEKSSTGAQQENKCSLDIFAETELRLGLPGVAAGERQRICGKRSEAMESRNFSIPQEEAHKFHEP
NLGTEKQMVPRANDPPKMGPTPPKAIQVWPPVKDFRKYRTIAASSLYVKVSMGAPYLKVDLKMYSYHD
SSALENMFGLITMGKCGSSGIKESNLMDVVGSEYVATYEDKDGDWMLVGDVPWQMFVDSQQRVIRIMKASE
AIGLAPRAMEK

Coincidencia N°38, identidad 81.4 %

ES 2 364 152 T3

>Clon Ceres:1113630|609730 Organismo:3847 Solapado:1 FL5:1 FL3:1; Organismo:3847 Solapado:0 FL5:1
MDGAPYLKRVKIDIKLYKSYQELSDALAKMFSSFTIEKCGSQGMKDFMNETNGSDYVPTYEDKDGDWMLVGDVPW
EMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAVEKCKNRS*

Coincidencia N°39, identidad 88.7 %

>gi|23343934|gb|AAN16886.1| Aux/IAA1 [Mirabilis jalapa]
KSYQDLSDALGKMFSSFTLGNYSQGMIDFMNESKLMIDLINGSYVPTYEDKDGDWMLVGDVPWEMFVESCK
RLRIMKGKEAAGLAPRAVEKCKNRI

Coincidencia N°40, identidad 48.3 %

>gi|22531416|emb|CAD30274.1| Proteína IAA16 [Gossypium hirsutum]
MSENGKRLLLETDAAGLNFATELTLGLPGEPRTSDGGAKLGSKRGFSETVDLKLGDNNQEVKLGHSLQEEAAK
SPVSKTQVVGWPPVRGFAKRGKSKSKYKVAVDGAPYLKRVKIDLIYNSYQQLLTSLEDMFSCFTIRNYLNEKKID
QVNGIEYMPITYEDKDGDWMLVGDVPWQMFVESCKRLRLMKSSSEAVGLGLKTAPKYSSTN

Coincidencia N°41, identidad 51.6 %

>gi|11131103|sp|O24542|AX22D_PHAU Proteína inducida por auxina 22D (proteína inducida por ácido indol-
3-acético (Aux/IAA) ARG13) >gi|7442239|pir|T10884 proteína inducida por auxina Aux22d – brotes de soja
MENSLGSYEKELNLKATELRLGLPGSDEPEKRATARSNKRSSPEASDEESISNGSDVTKEEDNVVPPAKAQVVGW
PPIRSYRKNNVQKKEEESSEGNMYVKVSMAGAPYLKIDLVKYSYPELLKALENMFKICIFGEYSEREGYNGS
EYAPTYEDKDGDWMLVGDVPWNMFVSSCKRLRIMKGSEAKGLGCF

Coincidencia N°42, identidad 57.5 %

>gi|3642875|gb|AAC36584.1| proteína putativa relacionada con IAA [Pisum sativum]
VVVSKRGFSETESESESESEITVDLKLNLSPKEGAADPQLKPKESLLVSDSGTKPPAKAQVVGWPPVRSFRKN
MFAGQKSIGGSEETTKSSSDGSNAISFVKVSMAGAPYLKIDLVKYSYPELLKALENMFNSITNGNCESQGIKD
FMKESKNMMDLLNTSDY

Coincidencia N°43, identidad 47.1 %

>gi|34550779|gb|AAQ74955.1| Gbiaa-Re [Gossypium barbadense]
MEGSVGYDNDLNLRLATELRLGLPGTEPVSVIRSNKRSLQQVADDDCGVNGCRSDDQNETAPPPPKAQIVGWPP
RSYRKNNIQTKKNESEGGIYVKVSMAGAPYLKIDLVKYSYPELLQAIENMFKFTIGEYSEREGYKGSYDAPTY
EDKDGDWMLVGDVPWEMFITSCRLRIMKGSEARGLGCGV

Coincidencia N°44, identidad 52.4 %

>gi|5738162|gb|AAD50278.1| proteína inducida por auxina al50 [Glicina max]
TNPPAKAQVVGWPPVRSYRKNMIAVQKVSNEEVADNTTISTLANSGAFVQVSMAGAPYLKVDLPMYKSYIRLIS
CLGQNVQLLHHGYLWGRNDIFMNDKSLMDLPPSSEYVPPHQNTDGDWMLVGDVPWEMFVVMQPPGEIMN
GSETIGPCVQNIQMKQKQKGLAQYNVLRIPYATGPMEQIISPTSATLWSGMLLVECVWCLAFCSYKDCVV

Coincidencia N°45, identidad 45.8 %

>gi|18071490|gb|AAL55414.1| AUX/IAA1 inducido por auxina [Antirrhinum majus]
KATELRLGLPGTDESEPQTSSSIKNNNNKRSSSEMQQSCQKSTQEEESAPAKAQVVGWPPVRSFRKNVMKA
SESDGSGMFVKVSMAGAPYLKIDLVKYNFYDLLKALENMFKCTIGVYSEREGYNGSEFAPTYEDKDGDWMLV
GDVPWDMFITSCRLRIMQSKLCCL

Coincidencia N°46, identidad 95.8 %

>Clon Ceres:631007 Organismo:3847 Solapado:1 FL5:1 FL3:1
MIDFMNESKLMDLLNSSEYVPSYEDKDGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAVEKCKSRS*

Coincidencia N°47, identidad 67.3 %

>gi|3043909|gb|AAC13260.1| IAA9 [Lycopersicon esculentum] >gi|7442228|pir|T05708 proteína inducida por
auxina IAA9 - tomate (fragmento)
VRSFRKNVMTVQKNTTGAGEISGTGTGAAFVKVSVGDGAPYLKVDLKMYSYQQLSDALGKMFSSFTIGNCGTQ
GXXDFMNEKSLIDLLNGSDYVPTYE

Coincidencia N°48, identidad 41.9 %

>gi|16610207|dbj|BAB71765.1| Proteína IAA/AUX [Physcomitrella patens]
MNVSEGCSTLTGAQLKYSTDKSNMSYETVYRDAAVESPPQREVSNESGTLKEHDYFGLSEVLSSNSSSGKQPE
KCCREELNLNESATTLQLGPPAAVKPSGQADGDDAHDEGAGPENPAKRSAYHMQQESLADGRKAAAEMGSFKI
QRKNILEEFRAKMAHAHMTKSPKTVQTMQHNMHVSYSGAQMAFGGAKNNGVKRVFSEAVVANHNAAASGVGVG
VREGNDDVSRCEEMNGTEQLDLKVHLPKGMGMARMAPASGSPFDNMQGPLNPFRRKSLVSKMPVPDGGDS
SANASNDCANRKGMAVSPSVQPPPAQNQTVGWPPVKNFNMNTAPPASTPARACPSVQRKGASTSSSGLNV
KIYMDGVFPFGRKVDLKTNDSDYKLYSMLDMFQQYISGQYCGGRSSSSGESHVWASSRKLNFLEGSEYVLIYED
HEGDSMLVGDVPWELFVNAVRLRIMKGSEQVNLAPKNADPTKVQVAVG

Coincidencia N°49, identidad 41.9 %

>gi|16610209|dbj|BAB71766.1| Proteína IAA/AUX [Physcomitrella patens]

ES 2 364 152 T3

MKFSNEVVHKS MNITDCSALTGALLKYSTDKSNMNFETLYRDAAVES PQHEVS NESGSTLKEHDYFGLSEVSS
SNSSSGKQPEKCCREELNLNESATTLQLGPPAAVKPSGHADGADAHDEGAGPENPAKRPAHHMQESLADGR
KAAAEMGSFKIQRKNILEEFAMKAQAHTKSPKPVHTMQHNMHASFSGAQMAFGGAKNNGVKRVFSEAVGG
NHIAASGVGVGVREGNDDVSRCEEMNGTEQLDLKVHLPKGMGMARMAPVSGGQNGSAWRNLSFDNMQGPNL
PFFRKSLVSKMPVPDGGDSSANASND CANRKGMVASPSVQPPPAQNQTVGWPPVKNFNKMNTAPPASTPAR
ACPSVQRKGASTSSSGNLVKIYMDGVPFGRKVDLKTNDSDYDKLYSMLEDMFQQYISGQYCGGRSSSSSGESHWV
ASSRKLNFLEGSEYVLIYEDHEGDSMLVGDPWELFVNAV KRLRIMKGSEQVNLAPKNADPTKVQVAVG

Coincidencia N°50, identidad 63.9 %

>gi|3043905|gb|AAC13258.1| IAA7 [Lycopersicon esculentum] >gi|7442227|pir||T05499 proteína inducida por
auxina IAA7 - tomato (fragmento)
VRSFRKNMLSQKGNNNNNNNNEEISEKDEKTI AFVKVSMDGAPYLRKVLDL KMYKSYQQLSHSLTNMFSSFTMGNY
GSQGMIDFMNERKLMVDL NSSDYVPTYE

Coincidencia N°51, identidad 52.8 %

>gi|57639525|gb|AAW55630.1| Aux/IAA1 [Avena sativa]
YRVISGLPGNGGWC SGWGRGDDGGAANARASVQGRGETWVRRRSGRQGC GGGGGRREEEGAGPAKAQV
VGWPPIRS YRKNTMATSLAPRSKDEVEAKQAPVAGCLYVKVSMDGAPYLRKVLDL KMYKSYQQLSHSLTNMFSSFTMGNY
FTVGHGESNGKSGRDGLSDCRLMDPKSGAELVLTIEDKDG

Coincidencia N°52, identidad 48.0 %

>Clon Ceres:305454 Organismo:311987 Solapado:1 FL5:1 FL3:1
MAGADVDVGT ERLGLPGGGADAAKAAKRGFEDTIDLKLLPTAGMEEAAAAAAAAAKPEPAAEKAKRP AEAPA
ADA EKPPAPKAQAVGWPPVRSYRRNVMTVQSVKSKKEEPEKQQAANAGGNGSAFVKVSMDGAPYLRKVLDL
KMYNSXHGALRCSEEDVQHLHHIREQHE*

Coincidencia N°53, identidad 89.8 %

>gi|12657617|dbj|BAB21575.1| miembro putativo de la familia de genes Aux/IAA [Cucumis sativus]
LTCEDKDG DWMLVGDPWEMFTESCRLRIMKGSEAIGLAPRATEKCKNRN

Coincidencia N°54, identidad 89.8 %

>gi|23343938|gb|AAN16888.1| Aux/IAA3 [Mirabilis jalapa]
EDRDGDWMLVGDPWEMFVNSCKRLRIMKGSEAIGLAPRAVEKCKSRS

Coincidencia N°55, identidad 83.0 %

>gi|23343940|gb|AAN16889.1| Aux/IAA4 [Mirabilis jalapa]
NVLTYEDKDG DWMLVGDPWEMFIDSCKRLKIMKSSDAIGLAPRTMEKSKSQ

Coincidencia N°56, identidad 61.0 %

>Clon Ceres:720160 Organismo:3847 Solapado:0 FL5:1
MATMLTKEHGLNLKETELCLGLPGGGGGGGGGGEVETPRATGKRGFSETVDLKLNLH SKEDLNENLKNVSKEK
TLLKDPAPPPAXA

Coincidencia N°57, identidad 63.9 %

>Clon Ceres:643750 Organismo:3847 Solapado:0 FL5:1
MTTMLTNEHGLSLNLKETELCLGLPGGGSEVETPRATGKRGFSETVDLKLNLQTKEDLNENLKNVSKEKTLLKDP

Coincidencia N°58, identidad 44.3 %

>gi|51471876|gb|AAU04408.1| proteína inducida por auxina 22D [Citrus limon]
METSVPYENDLNLKATELRLGLPGSDENEQQTRNNKRS LPTDPTDLDTKDKSDEAASVAKAQQVVGWPPIRS YRK
NSLQQKKNEGECAGIYVKVSMDGAPYLRKIDLKLYNG

Coincidencia N°59, identidad 42.9 %

>Clon Ceres:701483 Organismo:311987 Solapado:0 FL5:1
MAGADVDVGT ERLGLPGGGADAAKAAKRGFEDTIDLKLLPTAGMEEAAAAAAAAAKPEPAAEKAKRP AEAPAAD
AEKPPAPKAQAVGWPPVRSYRRNVMTVQSVKSKKEEPEKQQAANAG

Coincidencia N°60, identidad 83.7 %

>Clon Ceres:1114464 Organismo:3708 Solapado:0 FL5:1
MIGELINL KATELCLGLPGGAENENLEKSAVGNKRGFSETVD

Coincidencia N°61, identidad 85.7 %

>Clon Ceres:1054967 Organismo:4565 Solapado:0 FL5:1
MDGAPYLRKVLDL NMYKTYQDL SKALEKMFSSFTIGXLWNSRDERHERKQADGSAQWIRVCSDVRGQGRRRLDA
RRRRPXGRCSSSH

Coincidencia N°62, identidad 90.9 %

>Clon Ceres:1612071 Organismo:3847 Solapado:0 FL5:0

ES 2 364 152 T3

FFIMSMCIRISTSFYCANQLVMLFWLIIGTPRVIKIYNMSFEMSFFFQDDNEHTNYSIDKPWKIFETASHIFRVSPHY
YVISYINMKFFFFMSTRMFVESCKRLRIMKGKEAIGLAPRAVEKCKNRS*

5 Coincidencia N°63, identidad 38.8 %

>Clon Ceres:1603678 Organismo:311989 Solapado:0 FL5:1

MDTTFRLSSGGEDYGGEELELGLGLLSSGAYASSSNGAHSQVVGWPPVKTYRMNSLLNQAKFSKNEEEKGV
GGNDTSKKNIDHENKADEVVAKESHSFGVKVNMDGLPIGRKVNLAHDCYETLAVALETMFLKACTSVTSIR
RAKQQRSLLDGSSEF

10

Secuencia de consenso:

15 MIG<2>a<1>(L,F)<1>(A,E)T(E,K)L(C,R)LtL<0-4>PG<0-4>(G,N)<2-110>nT<0-12>a<0-8>D<0-5>L<1-
2>L<1>L<21-165>(D,A)P<1-30>(K,E)<0-3>(P,K)(P,R)<0-1>(A,R)<0-1>+tQ(V,A)VGWPPV+<1>rR<1>N<3-
57>(L,F)VKV(S,N)<0-1>DG(A,L)P(Y,I)(L,G)RKV(D,N)a<2>(Y,H)<2-5>Y<2>Lt<1>tL<2>MFttF<0-1>T<0-
24>NEt<0-1>+<3-6>(N,D)t(S,D)n(Y,V)V(P,T)tY(E,Q)D+DGDWMLVGDVPWEMFV(E,A)SC(K,Q)RL<0-
1>RIMKt(S,K)EAI<0-2>GLAPRt<2>K<0-2>K

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

ES 2 364 152 T3

TABLA III-A

Alineación de secuencias por pares entre cada coincidencia y la secuencia consulta

5	•	gi 25404847 pir A96721 probable transportador de péptido T17F3.10 [importado] - Arabidopsis thaliana >gi 12325237 gb AAG52567.1 transportador de péptido putativo; 37139-33250 [Arabidopsis thaliana]
10		Identidad: 98,8%
15		Clone_ID_15650 ----- gi 25404847 pir A96721 MVLEDRKDGSSLPGRSGSFSKSSPELDDVDPYKRISPPGSILDAEKVEK
20		Clone_ID_15650 ----- gi 25404847 pir A96721 KPGGWRAVSFILGNETLERLGSIGLLANFMVYLTKVFHLEQVDAANVINI
25		Clone_ID_15650 -----MT gi 25404847 pir A96721 WSGFTNLTPLVGAYISDTYVGRFKTIAFASFATLLLLNYFCIVRKRMNLL :
30		Clone_ID_15650 DYNIDNMQGLITITLTASFQQLHPASCNSQDPLSCGGPNKLQIGVLLLG gi 25404847 pir A96721 RDHAIEDDKGLITITLTASFQQLHPASCNSQDPLSCGGPNKLQIGVLLLG : *.. ***** : *.. *****
35		Clone_ID_15650 LCFLSVGSGGIRPCSIPIFQVDQFDQRTEEGVKGVASFFNWYYMTFTVLI gi 25404847 pir A96721 LCFLSVGSGGIRPCSIPIFQVDQFDQRTEEGVKGVASFFNWYYMTFTVLI *****
40		Clone_ID_15650 ITQTVVVIQDQVSWIIGFSIPTGLMALAVVMFFAGMKRYVYVKPEGSIF gi 25404847 pir A96721 ITQTVVVIQDQVSWIIGFSIPTGLMALAVVMFFAGMKRYVYVKPEGSIF *****
45		Clone_ID_15650 SGIAQVIVAARKKRKLKLP AEDDGTVTYYDPAIKSSVLSKLHRSNQFRCL gi 25404847 pir A96721 SGIAQVIVAARKKRKLKLP AEDDGTVTYYDPAIKSSVLSKLHRSNQFRCL *****
50		Clone_ID_15650 DKAADVIEGDLTPEGPPADKWRLCSVQEVVEEVKCLIRIVPIWSAGIISLA gi 25404847 pir A96721 DKAADVIEGDLTPEGPPADKWRLCSVQEVVEEVKCLIRIVPIWSAGIISLA *****
55		Clone_ID_15650 AMTTQGTFTVSQALKMDRNLGPKFEIPAGSLSVISLLTIGIFLPPFYDRVF gi 25404847 pir A96721 AMTTQGTFTVSQALKMDRNLGPKFEIPAGSLSVISLLTIGIFLPPFYDRVF *****
60		Clone_ID_15650 VPFMRRITGHKSGITLLQRIGTGIVFTIFSMIVAGIVERMRRIRSINAGD gi 25404847 pir A96721 VPFMRRITGHKSGITLLQRIGTGIVFAIFSMIVAGIVERMRRIRSINAGD *****
65		Clone_ID_15650 PTGMTPMMSVFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQIEFFNSQFPEHMRSIANSFLF gi 25404847 pir A96721 PTGMTPMMSVFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQIEFFNSQFPEHMRSIANSFLF *****
		Clone_ID_15650 SLSFAGSSYLSSFLVTVVHKFSGGHDPRDWLNKNLNAGKLDYFYLLIAVL gi 25404847 pir A96721 SLSFAGSSYLSSFLVTVVHKFSGGHDPRDWLNKNLNAGKLDYFYLLIAVL *****
		Clone_ID_15650 GVVNLVYFWYCARGYRYKVGLPIEDFEEDKSSDDVEMTSKKSME gi 25404847 pir A96721 GVVNLVYFWYCARGYRYKVGLPIEDFEEDKSSDDVEMTSKKSME *****

ES 2 364 152 T3

- gi|56784406|dbj|BAD82445.1| transportador putativo de nitratos NRT1-5 [Oryza sativa (cultivar del grupo japonica)]

5

Identidad: 49,3%

10

Clone_ID_15650 -----
gi|56784406|dbj|BAD82445.1|
MEIGAVENGGVVGGEVAGKRGKTPQGWKCMPIIATETFEKVATIGVVA

15

Clone_ID_15650 -----MTD
gi|56784406|dbj|BAD82445.1| NLTVYLVKRFNIGQIEAANITNIFGTLNFAPLLGAFISDVYLGRFKTLA

20

Clone_ID_15650 YNYIDNMQGLITITLTASFPQLHPASCNSQDPLS--CGGPNKLQIGVLLL
gi|56784406|dbj|BAD82445.1|
YGCFAALLGMLGMTLYASLPALKPPICHEKTRLGGGCNSPSTLQLSVLYL
* * * * * * * . * . . . * * * * * *

25

Clone_ID_15650
GLCFLSVGSGGIRPCSIPFGVDQFDQRTEEGVKGVASFFNWYYMTFTVVL
gi|56784406|dbj|BAD82445.1|
SLGFLIIGGGAIRPCSLPFGVDQFDKTDEEGRKGLNSYYNWYYGTSTAAL
* *

30

Clone_ID_15650 IITQTVVVYIQDQVSWIIGFSIPTGLMALAVVMFFAGMKRYVYVKPEGSI
gi|56784406|dbj|BAD82445.1| VLSMIVIIYIQNNVSWPIGFIPTLLMFLAIIMLFLGTNLVYHVQPEGSI
* * * * * * * * * * * * * * * * *

35

Clone_ID_15650 FSGIAQVIVAARKKRKLKPAEDDGT---VTYYDPAIKSSVLSKLHRSNQ
gi|56784406|dbj|BAD82445.1|
FAGIAQVLVASFKKRNKLPCPHDINQQGLMLYNPPSKGNRVFRLPLTSQ
* * * * * * * * * * * * * * * *

40

Clone_ID_15650 FRCLDKAAVVIEGDLTPEGPPADKWRLCSVQEEVEVKCLIRIVPIWSAGI
gi|56784406|dbj|BAD82445.1|
FRFLNKGAIVMGDDINVDGSARNWELCNVQQIEEVKCLIRIVPVCISGV
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

45

Clone_ID_15650 ISLAAMTTQGTFTVSQALKMDRNLGPKFEIPAGSLSVISLLTIGIFLPFY
gi|56784406|dbj|BAD82445.1| LCFVALAQQFTYIILQFTTMDCHFGTHFEIPAGSVVVISLIALTLFIPIY
* * * * * * * * * * * * * * * *

50

Clone_ID_15650 DRVFPFMRRTGHKSGITLLQRIGTGIVFTIFSMIVAGIVERMRRIRSI
gi|56784406|dbj|BAD82445.1|
DRILVPIARGFTGVESGITLLQRQGIGLAISPISMVVAGLVERKRRNSAL
* * * * * * * * * * * * * * * *

55

Clone_ID_15650 NAGDPTGMTPMMSVFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQIEFFNSQFPEHMRSA
gi|56784406|dbj|BAD82445.1| SNG---
GISPMSVLWLAPQLVLMGIAEAFNAVQIEFYKQFPENMQTLA
* * * * * * * * * * * * * * * *

60

Clone_ID_15650
NSLFSLSFAGSSYLSSFLVTVVHKFSGGHDPRDWLNKNLNAGKLDYFYFL
gi|56784406|dbj|BAD82445.1|
GSLFFCTIAGANYLSTALANIMRKVTTTRDGHSSWLTDNINLGKLDYFYFY
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

65

Clone_ID_15650 IAVLGVVNLVYFWYCARGYRYKVG----LPIEDFEEDKSSDDVEMTSKK
gi|56784406|dbj|BAD82445.1| IALMGVLNLIYFLICSHFYQYKVMSLHSEESIKIPTKEEEATEIDIDTDA
* * * * * * * * * * * * * * * *

ES 2 364 152 T3

Clone_ID_15650	SME
gi 56784406 dbj BAD82445.1	PSK

5

- [gi|34906908|ref|NP_914801.1|](#) transportador de péptido putativo [*Oryza sativa* (cultivar del grupo japonica)]

10

Identidad: 49,3%

15

Clone_ID_15650 -----
 gi|34906908|ref|NP_914801.1|
 MEIGAVENGGVVGGEVVAGKRGKTPQATETFEKVATIGVVANLTVYLVKR

20

Clone_ID_15650 -----MTDYNIDNMQG
gij[34906908|ref|NP_914801.1|
FNIGQIEAANITNIFFGTLNFAPLLGAFISDVYLGRFKTLAYGCFASLLG
* . . *

25

Clone_ID_15650 LITITLTASFPQLHPASCNSQDPLS--CGGPNKLQIGVLLGLCFLSVGS
gi|34906908|ref|NP_914801.1|
MLGMTLYASLPALKPPICHEKTRLGGGCNSPSTLQLSVLYLSLGFLIIGG
..**.*.*.*.* *..* * * * *.*** **

30

Clone_ID_15650 GGIRPCSIPIFGVDQFDQRTEEGVKGVASFFNWYYMTFTVVLIITQTVVVY
gij|34906908|ref|NP_914801.1|
GAIRPCSLPFGVDQFDKTDEEGRKGLNSYYNWYYGTSTAALVLSMIVIIY
*****.*****. *** *.*,***** * * ... *.*.

35

Clone_ID_15650 IQDQVSWIIGFSIPTGLMALAVVMFFAGMKRYVYVKPEGSIFSGIAQVIV
gij|34906908|ref|NP_914801.1|
IQNNVSWPIGFIPTLLMFLAIIMLFLGTNLVYHVQPEGSIFAGIAQVLV
. **

40

Clone_ID_15650 AARKKRKLKLPEDDGT---VTYYDPAIKSSVLSKLHRSNQFRCLDKAAV
gij|34906908|ref|NP_914801.1|
ASFKKRNLKLPCPHDINQQGLMLYNPPSKGNRVFRLPLTSQFRFLNKGAI
..*.*.*.*.* * . *.* * . * . *.*.*.*.*.*

45

Clone_ID_15650 VIEGDLTPEGPPADKWRLCSVQEVEEVKCLIRIVPIWSAGIISLAAMTTQ
gij|34906908|ref|NP_914801.1|
VMGDDINVDGSRNSWELCNVQQIEEVKCLIRIVPVCISGVLGFVALAQQ
*. *. *. * * * *.*****. *. *. *. *

50

Clone_ID_15650 GTFTVSQALKMDRNLGPKFEIPAGSLSVISLLTIGIFLPFYDRVFPVPMR
gi|34906908|ref|NP_914801.1| FTYIILQTFTMDCHFGTHFEIPAGSVVSISLIALTLPFIYDRILVPIAR
*. *. *. ** .. *****. ****... *****.. *

55

Clone_ID_15650 RITGHKSGITLLQRIGTGIVTFISMVAGIVERMRRIRSINAGDPTGMT
gi|34906908|ref|NP_914801.1| GFTGVESGITLLQRQGIGLAISPISMVVAGLVERKRRNSALSNG---
GIS

60

Clone_ID_15650 PMSVFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQIEFFNSQFPEHMRSIANSLSLSFA
gij|34906908|ref|NP_914801.1|
PMSVLWLAPQLVLMGIAEAFNAVGVQIEFYNNKQFPENMQTLAGSLFFCTIA
*****.*

65

Clone_ID_15650
GSSYLSSFLVTVVHKFSGGHDRPDWLNKNLNAGKLDYFYyliAVLGvVNL

ES 2 364 152 T3

gi|34906908|ref|NP_914801.1|
GANYLSTALANIMRKVTRDGHSSWLTDNINLGKLDYYFYFIALMGVLNL
*.***.*...*. **.******.*****

Clone_ID_15650 VYFWYCARGYRYKVG-----LPIDFEEDKSSDDVEMTSKKSME
gi|34906908|ref|NP_914801.1| IYFLICSHFYQYKVMSLHSEESIKIPTKEEEATEIDIDTDAPSK
 .** *..***** *.

- gi|11933414|db|BAB19760.1| transportador de nitratos NRT1-5 [Glicina max]

Identidad: 47.4%

Clone_ID_15650 -----MTD
gij11933414|dbj|BAB19760.1|
ENDPKIDYRGWKAMPFIIGNETFELGAIGTLANLLVYLTTVFNLKNITA
.*

Clone_ID_15650 YNYIDNMQG-----LITITLTA
gij11933414|dbj|BAB19760.1| TNIIINIFNGSTNFATFIGAFLSDTYFGRYKTIGFCTFTSFLGLLVIQLTA
* * * * *

Clone_ID_15650 SFPQLHPASCNSQDPLSCGGPNKLQIGVLLLGLCFLSVGSGGIRPCSIPF
gjj11933414|dbj|BAB19760.1| VFKNLHPPHCG-
KEMKTKGPTAGQMAFLVSGFGLLLIGAAGVRPCNLAF
* .*** * .. .*** * .*.*.*.*.*****.*

Clone_ID_15650 GVDQFDQRTEEGVKGVASFFNWYYMTFTVLIITQTVVVYIQDQVSWIIG
gij11933414|dbj|BAB19760.1|
GADQFNPNTDSGKGINSFFNWYFFTFAQMVSLTLIVYVQSNVSWAIG
* * * * . * * *.*****.*** ...*.,***.*** **

Clone_ID_15650 FSIPTGLMALAVVMFFAGMKRYVYVKPEGSIFSGIAQVIVAARKKRKLKL
gij11933414|dbj|BAB19760.1|
LGIPAALMLISCVVYFMGSKIYVKVEPSGSPiAGIVQVFVAVKKRSIKL
* ** . ** .. * . . * * * * * * * * . . ** * * * * * * * . **

Clone_ID_15650 PAEDDGTVTYYDPAIKSSVLSKLHRSNQFRCLDKAAVVIEGD-LTPEGPP
gij11933414|dbj|BAB19760.1| PAEHP-
MLSLFNYPVPPMSVNSKLPYTFQFRLLDKAAIVTPKDKIKPDGSA
*** .. ** * . **** * . *

Clone_ID_15650 ADKWRLCSVQEVEEVKCLIRIVPIWSAGIISLAAMTTQGTFTVSQALKMD
gij11933414|dbj|BAB19760.1|
ADPWNLCISQQVEEAKCVVRVLPWFAAIVYHLVIVQMHTLLVFQALQSD
* * * * *

Clone_ID_15650 RNLG-PKFEIPAGSLSVISLLTIGIFLPFYDRVFPFMRITGHKSG-IT
gij11933414|dbj|BAB19760.1|
RRLGSSNFKIPGASFNVFLMSMTLWLPYDRIVVPFSLSNTPEKSGGIT
* * * * . * * * * * . * . . . * * . * * . * * * * * * * * * * * * * *

Clone_ID_15650 LLQRIGTGIVTFIFSMIVAGIVERMRRIRSIAGDPTGMT-----MS
gij11933414|dbj|BAB19760.1 LLQSDGIGIFISALCMIVAGVVEEHR--RSLALTNPIGVQPRKGAISSMS
 *** * * * . . . ***** * * . * . . * . * * **

Clone_ID_15650 VFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQIEFFNSQFPEHMRSIANSLSFSLSFAGSS
gij11933414|dbj|BAB19760.1|
GLWLIPQLSLAGLSESFTAVGQVEFYKQFPENMRSIAGSLFYCGMAGSS
 .** ** ** ** ** .**.**. ****.***** ** .****

Clone ID 15650 YLSSFLVTVVHKFSGGHDRLPDWLNKNLNAGKLDYFYLI AVLGVVNLVYF

ES 2 364 152 T3

gi|11933414|dbj|BAB19760.1|
YLSTLLISIVHNTSEKSATGNWLPEDLNKGRLDFFYYMIAALEIMNLGYF
****..**.* * ..**.* **.*.**.* * .*** **

Clone_ID_15650 WYCARGYRYKVGLPIEDFEEDKSSDDVEMTSKKSME
gi|11933414|dbj|BAB19760.1 LLCWKYKYKE-IGSSDLELNQVPKHI-----
 *..*** . *.*.. . . .

- Clon Ceres:1075429 Organismo:3847 Solapado:1 FL5:

Identidad: 47,4%

Clone_ID_15650 -----MTDYNYIDNMQG-
 Clon Ceres_1075429
 ENDPKIDYRGWKAMPFIIGNETFEKLGAIGTLANLLVYLTTFVNLKNITATNIINIFNGS
 .. **.*

Clone_ID_15650 -----LITITLTASFPQLHPASCNSQDPLSCGG
 Clon Ceres_1075429 TNFATFIGAFLSDTYFGRYKTIGFCTFTSFLGLLVIQLTAVFKNLHPPHCG-
 KEMKTKCG
 *. * **** *.*** * .. .* *

Clone_ID_15650
PNKLQIGVLLGLCFLSVGSGGIRPCSIPIFGVDQFDQRTEEGVKGVASFFNWYYMTFTVV
Clon Ceres_1075429
PTAGQMAFLVSGFGLLLIGAAGVRPCNLAFGADQFNPNNTDSGKKGINSSFFNWYFFTFTA

* * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . *

Clone_ID_15650
LIITQTVVVYIQDQVSWIIGFSIPTGLMALAVVMFFAGMKRYVYVKPEGSIFSGIAQVIV
Clon Ceres_1075429
QMVSLTLIVYQSNVSWAIGLGI PAALMLISCVVYFMGSKIYVKVEPSGSPAGIVQVFV
... **.*.***.*** **.*.*** **.*.*** **.*.*** **.*.*** **.*.*** **.*.***

Clone_ID_15650 AARKKRKLKLP AEDDGTVTYYDPAIKSSVLSKLRHSNQFRCLDKAAVVIEGD-
LTPEGPP
Clon Ceres_1075429 VAVKKRSIKLPAEHP-
MLSLFNYYPPMSVNSKLPYTFQFRLLDKAAIVTPKDKIKPDGSA
* * * * * . * * * * . . . * * * * . * * * * * . * . * *

Clone_ID_15650 ADKWRLCSVQEVEEVKCLIRIVPIWSAGIISLAAMTTQGTFTVSQALKMDRNLG-
PKFEI
Clon Ceres_1075429
ADPWNLCSIQQVEEAKCVVRVLPWFAAIVYHLVIVQMHTLLVFQALQSDRRLGSSNFKI
* * * * *

Clone_ID_15650 PAGSLSVISLLTIGIFLPFYDRVFPFMRRTGHKSG-
ITLLQRIGTGIVFTIFSMIVAG
Clon Ceres_1075429
PGASFNVFLMLSMTLWLPYDRIVVPFSLSNTPEKSGGITLLQSDGIGIFISALCMIVAG
* * * . * . . . * * * . * * * * * * * * * * * * * . . * * * * *

Clone_ID_15650 IVERMRRIRISINAGDPTGMTP-----
MSVFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQIEFFNSQF
Clon Ceres_1075429 VVEEHR--
RSLALTNPIGVQPRKGAISSMSGLWLIPQLSLAGLSSESFTAVGQVFEFYKQF

.* * .*** .**.* **.* **** * * *.**** *

Clone_ID_15650
PEHMRSIANSIFSLSFAGSSYLSSFLVTVVHKFSGGHDRPDWLNKNLNAGKLDYFYLLIA

ES 2 364 152 T3

Clon Ceres_1075429
PENMRSIAGSLFYCGMAGSSYLSTLLISIVHNTSEKSATGNWLPEDLNKGRLDFFYYMIA

```
**.*.*.*.*.* *.*.* .*****..*...*. *      .** ..** *.*.*.*.*.*.**
```

Clone_ID_15650 VLGVVNLVYFWYCARGYRYKVGLPIEDFEEDKSSDDVEMTSKKSME
Clon Ceres 1075429 ALEIMNLGYFLLCSKWYKYKE-IGSSDLELNQVPKHI-----

* ..** ** *.. *.** . *.*

- gi|15391731|emb|CAA93316.2| transportador de nitritos [Cucumis sativus]

Identidad: 42.1%

Clone_ID_15650 -----
 gi|15391731|emb|CAA93316.2|
 MEIESLRVSVDEKVLKDEEKNEKEEMKMKMKMKRKLGGVKTMPFILGNEV

Clone_ID_15650 -----MTDYNYIDNMQ-----
 gi|15391731|emb|CAA93316.2|
 CDRFASSGFHSNIITYLTQDLNMP LVPASNILTNFAATSSFTSLIGALIA

..*..

Clone_ID_15650 -----GLITITLTASFPQLHPASCNSQDPLSCGGPN
gil15391731|emb|CAA93316.2| DSFAGRFWTITIASIYELGMVTITISAILPSLHPPPCPTQ--INCTQAS

*..***..* .* *** * .* . *

Clone_ID_15650 KLQIGVLLGLCFLSVGSGGIRPCSIPFGVDQFDQRTEEGVKG-VASFFN
gi|15391731|emb|CAA93316.2| GTQLMILYLALLTSLGAGGIRPCVVAFAADQFDM-
TKVGIAGRTWNFFN

* . * * * . * . * . * * * * * . * * * * * * . * . * * * *

Clone_ID_15650 WYYMTFTVVLITQTVVVYIQDQVSWIIGFSIPTGLMALAVVMFFAGMKR
gi|15391731|emb|CAA93316.2|
WYYFCMGMATLTALTVVVYIQDNVGWGWGFLPTIAMALSVAFAVVGSP

```
***. . . . *****.* * ** .** ***.** * *
```

Clone_ID_15650 YVYVKPEGSIFSGIAQVIVAARKKRKLKLP AEDDGTVTYYDPAIKSSVLS
gi|15391731|emb|CAA93316.2|
YNKLPKPSGSPLVRLAQVVVAAFKNRKAVLPDDSKLLYRNHELDAAIQGG

* .** ** . .***.*** *.** **

Clone_ID_15650 KLHRSNQFRCLDKAAVVEGDLTPEGPPADKWRLCSVQEVEEVKCLIRIV
gil|15391731|emb|CAA93316.2| RLVHTDQFKWLDKAAVITSPDSTAN--
PPNLWRLATVHRVEELKSIIRML

* * * * *

Clone_ID_15650 PIWSAGIISLAAMTTQGTFVTSQALKMDRNLGPKFEIPAGSLSVISLLTI
gil|15391731|emb|CAA93316.2|
PIWAAGILLVTASSHQHSFTIQQARTMNRHLTPTEQIPPATLSIFGILSM

.. .*. * .**. ** *.*. * *.** .**..*..

Clone_ID_15650 GILPFYDRVFPFMRRITGHKSGITLLQRIGTGIVFTIFSMIVAGIVER
gil|15391731|emb|CAA93316.2|
LTGLVLYDRLLVPFAKKLTHNPSGITCLQRMGVGFAINILATLVSSIVEI

* .***..*** ...* . ***** ***. * *. . *.. *. ***

Clone_ID_15650 MRRIRSIAG---DPTGMTPMVSFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQIEFFNS
gi|15391731|emb|CAA93316.2|
KRKKVAANHGLLDNPTATIPFSVFWLVPQFWLHGIAEVFMVSGHLEFMYD

*. . * * . * * * , * * * * * * * , * * , * * , * , * * ,

ES 2 364 152 T3

Clone_ID_15650 QFPEHMRSIANSLSFAGSSYLSSFLVTVVHKFSGGHDRPDWLN-KNL
gi|15391731|emb|CAA93316.2| QSPESLRSTATALYWLAI SVGNYIGTLMVYLVHKYTG--
EEHNWLPDRNL

* ** : ** * : * : * : * : * : * : * : * : * : *

Clone_ID_15650 NAGKLDYFYLYIAVLGVVNLVYFWYCARGYRYKVG----LPIEDFEEDKS
gi|15391731|emb|CAA93316.2|
NRGRLEYYYWLVSGIQVMNLVYYVICAWFYTYKPLEEEKINIKDGDQE

* * : * : * : * : * : * : * : * : * : *

Clone_ID_15650 SDDVENTSKKSME
gi|15391731|emb|CAA93316.2| WERCEDTIKIA--
: * * * :

- gi|32488322|emb|CAE02899.1| OSJNBa0015K02.16 [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)]
>gi|50929369|ref|XP_474212.1| OSJNBa0015K02.16 [Oryza sativa (cultivar del grupo japónica)]

Identidad: 41,7%

Clone_ID_15650 -----MTDYNIDNMQG-----
gi|32488322|emb|CAE02899.1|
MALNAFAQPVNTYLIKRYNMKPNAATNVANVFSGTYSFSPVVGAFVADAF
: * * *

Clone_ID_15650 -----LITITLTASFPQLHPASCN--SQDPLSCGGPNK
gi|32488322|emb|CAE02899.1|
CGRFWTLLFGAVAAFVAMVVITLSATIRQLKPPSCSDVARQAGTCAGPSG
: * * : * : * : * : * : *

Clone_ID_15650 LQIGVLLLGLCFLSVGSGGIRPCSIPFGVDQFD-----Q
gi|32488322|emb|CAE02899.1|
LHRAVLYIGMALLVATGGANPTSLPFGADQFDHDDASSGSSSNEADERR
: * : * : * : * : * : * : * : * : *

Clone_ID_15650 RTEEGVKGVASFFNWYYMTFTVVLITQTVVVYIQDQVSWIIGFSIPTGL
gi|32488322|emb|CAE02899.1|
RRAEPPAGLKRFFYNWYYVVTMMASFMALTFIAYIQDKVSWGLGFGIPTAL
* * * : * : * : * : * : * : * : *

Clone_ID_15650 MALAVVMFFAGMKRYVYVKPEGSIFSGIAQVIVAARKKRKLKPAEDDG-
gi|32488322|emb|CAE02899.1|
VAATFAVFLAGTPLYVRVPAEGSIFSSVARVVVASCRKRRLTLPHPRDAR
: * : * : * : * : * : * : * : *

Clone_ID_15650 ---TVTYDPAIKSS----VLSKLHRSNQFRCLDKAAVVIEG--DLTPE
gi|32488322|emb|CAE02899.1|
QQEAVLYNPPVVVAAGTGTSRVFKLPLTLQLSFLNKAIVTADADEIRPD
: * * : * : * : * : * : * : *

Clone_ID_15650 GPPADKWRLCSVQEEVVKCLIRIVPIWSAGIISLAAMTTQGTFTVSQAL
gi|32488322|emb|CAE02899.1|
GSPARPWSLCSVQEEVVKCLVIVPVWISGVMWFISVAELTNYTFLQAL
* * * * * : * : * : * : * : *

Clone_ID_15650 KMDRNLGPKFEIPAGSLSVISLLTIGIFLPFYDRVFPFMRIRITGHKSGI
gi|32488322|emb|CAE02899.1|
TMDLHMGRSFTIPPVSIAAIFNLAIVLFPVYDLLVARAAQRVTGVEGGI
* * : * : * : * : * : * : *

Clone_ID_15650 TLLQRIGTGIVTFISMIIVAGIVERMRRIRSINAGDPTGMTPM SVFWLSP

ES 2 364 152 T3

gi|32488322|emb|CAE02899.1| TVLQRQGVGVAISGLALVVAAVVERRRRRASALDNG---
GTSPMSVFLAP

*.*** * *.** .*** ** ... * * .***** *.*

Clone_ID_15650 QLILMGLCEAFNIIGQIEFFNSQFPEHMRSIANSLSLSFAGSSYLSSFL

gi|32488322|emb|CAE02899.1|

QLAVMGVSAAFNMIGQMEFYNTEFPDQMRTLAAAFYCAQGASSYLATAV

```
** .**. ***.****.**.*..***.....**.*   ****..
```

Clone ID 15650 VTVVHKFSGGHDR-

PDWLNKNLNAGKLDYFYLLIAVLGVVNLVYFWYCAR

gi|32488322|emb|CAE02899.1|

VNVVNARTRRRGGGQGWVAEDINAGKLDHFYYAMAVFAAINFVYFLVCSY

* ** , . , * , . . . * * * * * , * * * , * * , . * , * * * *

Clone ID 15650 GYRYKVGLPIEDFEEDKSSDDVEMTSKKSME

gi|32488322|emb|CAE02899.1| FYRYKG--EPEVAAEDSPPATPEAVLLKH--

***** . * ** * * .

- Clon Ceres:328378 Organismo:311987 Solapado:1 FL5:1 FL3:1

Identidad: 39,9%

Clone ID 15650 -----

Clon Ceres 328378

MG E V E D M Y T Q D G T V D M K G N P A V K K G T G N W R A C P Y I L A N E C C E R L A Y Y G M S T N L V N Y M K T R

Clone ID 15650 -----MTDYNIDNMQG--LITITLTASFPQLHP-----ASC

Clon Ceres 328378

LGQVNSV~~AS~~NNVTNWQGTCTPLIGAFFADAYMGRFWTIAIFMIIYIFGLALLTMASSV

* . * ** ** . * * . . . *

Clone ID 15650 NSQDPLSCGG-----

PNKLQIGVLLGLCFLSVGSGGIRPCSIPFGVDQFDQRTEEGVKG

Clon Ceres 328378

KGLVPTSCGDKDVCHPTDAQAAVVFVALYLIALGTGGIKPCVSSFGADQFDENDEREKKS

. * *** * * *... **.***.** * * *****. * *

Clone ID 15650

VASFFNWYYMTFTVVLITQTVVVYIQDQVSWIIGFSIPTGLMALAVVMFFAGMKRYVYV

Clon Ceres 328378

KSSFFNWFYFSINIGALVASTVLVYVQTHVGWGWGFGIPAVVMAIAVGSFFVGTPLYRHO

*****.*... . **.*.*.* * * ** ***. **.* ** * *

Clone ID 15650

KPEGSIFSGIAQVIVAARKKRKLKLP AEDDGTVTYYDPAIKSSVLSKLHRSNQFRCLDKA

Clon Ceres 328378

KPGGSPLTRIAQVLVACARKWNVAVPADKSRLHETVDGESGIEGSRKLEHSEQLACLDRA

HAQVEVACAKIRVINVAVI ADRORRETEVBC
** ** . . ****. ** . * . . **. * ** *. *. *. ****. *

Clone ID 15650

AVVIEGDLTPEGPPADKWRLCSVQEEVKCLIRIVPIWSAGIISLAAMTTQGTFTVSQA

Clon Ceres 328378 AVVTA----

EDGAEASPWRLCSVTQVEELKSVIRLLPIWASGIVFAAVYSQMSTMFVLQG

*** . . * * ***** .***.* .**..***..** . * . * . * *

Clone ID 15650

01010_ID_15050
LKMDRNLGPKFEIPAGSLSVISLLTIGIFLPFYDRVFPFMRRTGHKSGITLLQRIGTG

Clon Ceres 328378

NTLDQSMGPRFKIPSATLSMVDTISVIVWVPVYDRAIVPLVRSYTGRPRGFTQLQRMGIG

ES 2 364 152 T3

. *. . **.*. **. . * .. . * *** .**..* **. *.* ****.* *

5 Clone_ID_15650 IVFTIFSMIVAGIVERMRRIRINAGDPTG---
MTPMSVFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQ
Clon Ceres_328378 LVVSISFMAAGVLDIR-
LRAIARHGLYGEDDIVPISIFWQIPQYFIIGCAEVFTFVGQ
. . * * . . * *

10 Clone_ID_15650
IEFFNSQFPEHMRSIANSLSFSLSFAGSSYLSSFLVTVVHKFSGGHDRPDWLNKNLNAGKL
Clon Ceres_328378
LEFFYDQAPDAMRSMCSALSLTTVALGNYLSTVLVTIIVTHITTRHGRIGWIPENLNRGHL
*****.*.*.*****.*.*.*****.*.*.*****.*.*.*****.*.*.

15 Clone_ID_15650 DYFYLLIAVLGVVNLVYFWYCARGYRYKVGLPIEDFEEDKSSDDVEMTSKKSME
Clon Ceres_328378 DYFFWLLAVLSLLNFLAYLVIASWYKYKK--TADDYPGAKGEHGTEH-----
*****.....* * * * * . * * * *

- Clon Ceres:1568008 Organismo:311987 Solapado:0 FL5:1

25

Identidad: 39.9%

30 Clone_ID_15650 -----
 Clon Ceres_1568008
 MGEVEDMYTQDGTVDMDKGNPAVKKGTGNWRACPYILANECCGERLAYYGMSNLYNYMKTR

35 Clone_ID_15650 -----MTDYNIDNMQG--LITITLTASFPQLHP-----ASC
 Clon Ceres_1568008
 LGQVNSVASNNVTNWQGTCTYITPLIGAFFADAYMGRFWTIAIFMIIYIFGLALLTMASV
 * . * * * * * . * . * . *

40 Clone_ID_15650 NSQDPLSCGG-----
 PNKLQIGVLLGLCFLSVGSGGIRPCSIPFGVDQFDQRTEEGVKG
 Clon Ceres_1568008
 KGLVPTSCGDKDVCHPTDAQAAVVFVALYLIALGTGGIKPCVSSFGADQFDENDEREKKS
 . * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

Clone_ID_15650
VASFFNWYYMTFTVVLITQTVVVYIQDQVSWIIGFSIPTGLMALAVVMFFAGMKRYVYV
Clon Ceres_1568008
KSSFFNWFFYSINIGALVASTVLVYVQTHVGWGWGFGIPAVVMAIavgSFFVGTPLYRHQ
*****... .. ** ** ** ** ** ** ** ** ** ** ** ** ** ** ** **

55 Clone_ID_15650
KPEGSIFSGIAQVIVAARKKRKLKLP AEDDGTVTYYDPAIKSSVLSKLRNQNFRCLDKA
Clon Ceres_1568008
KPGGSPLTRIAQVLVACARKWNVAVPADKSRLHETVDGESVIEGSRKLEHSEQLACLDRA
*** .. ***** ** .. **.. * ** .. **.. **..*

60 Clone_ID_15650
AVVIEGDLTPEGPPADKWRLCSVQVEVEEVKCLRIVPIWSAGIISLAAMTTGGTFTVSQA
Clon Ceres_1568008 AVVTA----
EDGAEASPWLCSVTQVEELKSVIRLLPIWASGIVFAAVYSQMSTMFVLQG
*** . * * * * * . * * . * * . * * . * * . * * . * * . * * . * *

65 Clone_ID_15650
LKMDRNLGPKFEIPAGSLSVISLLTIGIFLPFYDRVFPFMRITGHKSGITLLQRIGTG
Clon Ceres_1568008
NTLDQSMGPRFKIPSATLSMVDTSIVVWPVPYDRAIVPLVRSYTGPRGFTQLQRMGIG
*.***.***.***. ... **.* **.*.* **.* **.* **.*.*.*

ES 2 364 152 T3

Clone_ID_15650 IVFTIFSMIVAGIVERMRRIRSINAGDPTG---
MTPMSVFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQ
Clon Ceres_1568008 LVVSIFSMVAAGVLDIVR-
LRAIARHGLYGEDDIVPSIFWQIPQYFIIGCAEVFTFVGQ
.* ..****.*..*.* * ..****.* * ..**.

Clone_ID_15650
IEFFNSQFPEHMRSIANSLFSLSFAGSSYLSSFLVTVVHKFSGGHDRPDWLNKNLNA^KL
Clon Ceres_1568008
LEFFYDQAPDAMRSMCSALSLTTVALGNYLSTVLVTIVTHITTRHGRIGWI^{PENLRGH}L

***** *.* ** . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . *

Clone_ID_15650
DYFYLLIAVLGVVNLVFWYCARGYRYKVGLPIDFEEKSSDDVEMTSKKSME
Clon Ceres_1568008 DYFFWLLAVLSLLNFLAYLVASWYKYKK--TADDYPGAKEGHEGTEH-----
*****.*.*.*. . * * * * . *. * * *

- [gi|4102839|gb|AAD01600.1| LeOPT1 \[Lycopersicon esculentum\]](#)

Identidad: 39,8%

Clone_ID_15650 -----
gi|4102839|gb|AAD01600.1|
MKYLFSKNGGLEDENSGLYTRDGSVDIKGNPVLKSETGNWRACPFILGN

Clone_ID_15650 -----MTDYN---YIDNMQ---
 gj|4102839|gb|AAD01600.1|
 ECCERLAYYGIAANLVTYLTKKLHEGNVSAARNVTTWQGTCYITPLIGAV
 . * . . * * .

Clone_ID_15650 -----GLITITLTASFPQLHPASCNSQDPLSCGG
gij4102839|gbjAAD01600.1| LADAYWGRYWTIATFSTIYFIGMCTLTLSASVPAFKPPQCVGS---VCPS
* . * . * . * . * . * . * . * . *

Clone_ID_15650 PNKLQIGVLLGLCFLSVGSGGIRPCSIPFGVDQFDQRTEEGVKGVASFF
gij4102839|gb|AAD01600.1|
ASPAQYAIFFFLYLIALGTGGIKPCVSSFGADQFDDTPKERVKKSFF
 * ..** ..**.*.*.*.*.* ** ..**.* . ***

Clone_ID_15650 NWYYMTFTVVLITQTVVYIQDQVSWIIGFSIPTGLMALAVVMFFAGMK
gij4102839|gb|AAD01600.1| NWFYFSINIGALISSSLVWIQENAGWGLGFGIPAVFMGIAIASFFFGTP
.*... .*. ...*.*.*. *. *.**.*.*. ** *

Clone_ID_15650 RYVYVKPEGSIFSGIAQVIVAARKRKLKLP AEDDGTVTYYDPAIKSSVL
gij4102839|gb|AAD01600.1| LYRFQKPGGSPLTRMCQVLVAVFHKNLSVP--
DDSTLLYETPDKSSAIE
* . * * * . . . * * , * * * . * . * . * * * . * * . *

Clone_ID_15650 S--KLHRSNQFRCLDKAAVVIEGDLTPEGPPADKWRLCSVQEVEEVKCLI
gij4102839|gb|AAD01600.1| GSRKLLHTDELRLDKAAVSDNELTT-
GDYSNAWRLCTVTQEELKILI
** ** * .. ***,* ***,* **

Clone_ID_15650 RIVPIWSAGIISLAAMTTQGTFTVSQALKMDRNLGPKFEIPAGSLSVISL
 gj|4102839|gb|AAD01600.1| RMFPIWATGIVFSAVYAQMSTMFEVQGMVMDTAVG-
 SFKIPAASLSTFDT
 *.***.***. * . *.*.**.*.***.***.*.

Clone ID 15650 LTIGIFLPFYDRVFVPMRRITGHKSGITLLQRIGTGIVFTIFSMIVAGI

ES 2 364 152 T3

gi|4102839|gb|AAD01600.1| ISVIVWVPVYDKILVPIARRFTGIERGFSELQRMGIGLFLSMLCMSAAAI
... ..*...*...*...*...*...*...*...*...*...*

5 Clone_ID_15650 VER--MRRIRSINAGDPTGMTPMSEVFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQIEFF
gi|4102839|gb|AAD01600.1| VEIRRLQLARDLGLVDEAVSVPLSIFWQIPQYFILGAAEIFTFIGQLEFF
** ..*...*...*...*...*...*...*...*...*

10 Clone_ID_15650 NSQFPEHMRSIANSLSFSLFAGSSYLSSFLVTVVKHFGSGGHDRLPDWLNKN
gi|4102839|gb|AAD01600.1| YDQSPDAMRSLCSALLTALGNYLSSFILTVVTSITTRGGKPGWIPNN
......*...*...*...*...*...*...*...*

15 Clone_ID_15650 LNAGKLDYFYLLI AVLGVVNLVYFWYCARGYRYKVGPIEDFEEDKSSDD
gi|4102839|gb|AAD01600.1| LNGGHLDYFFWLLAALSFFNLVIYVFLCQMYK-----
**...*...*...*...*...*...*...*...*

20 Clone_ID_15650 VEMTSKKSME
gi|4102839|gb|AAD01600.1| ----SKKAS-
: :***:

25 • gi|7489404|pir||T04378 proteína de transporte de péptidos - cebada >gi|2655098|gb|AAC32034.1|
transportador de péptidos [Hordeum vulgare]

30 Identidad: 39,7%

35 Clone_ID_15650 -----
gi|7489404|pir||T04378 MGEVAAEMYTQDGTVDIKGNPALKKDTGNWRACPYILANECCERLAYYGM

40 Clone_ID_15650 -----MTDYNIDNMQGLITITLTASFP-----
gi|7489404|pir||T04378 STNLVNFMDKDRMGMANAAAANNVTNWGGTCYITPLIGAFLADAYLGRFWT
: :... : ** * : :

45 Clone_ID_15650 -----QLHPASCNSQDPLSCGG----PNKLQIGVLLLGLCF
gi|7489404|pir||T04378 IASFMIYIFGLGLTMTATSVHGLVPACASKGVCDPTPGQSAVFIALYL
: * : * ... * * ...* :

Clone_ID_15650 LSVGSGGIRPCSIPIFGVDQFDQRTTEGVKGVASFFNWYYMTFTVVLITQ
gi|7489404|pir||T04378 IALGTGGIKPCVSSFGADQFDEHDDVERKSKSSFFNWYFYSINIGALVAS
...*...*...*...*...*...*...*...*...*

50 Clone_ID_15650 TVVYIQDQVSWIIGFSIPTGLMALAVVMFFAGMKRYVYVKPEGSIFSIGI
gi|7489404|pir||T04378 SVLVYVQTHVGWSWGFIPAVVMAIAGVSFFVGTSLYRHRPQGSPLTRI
:***: * * ** *...*...*...*...*...*...*

55 Clone_ID_15650 AQVIVAARKKRKLKPAEDDGTVTYYDPAIKSSVLS--KLHRSNQFRCLD
gi|7489404|pir||T04378 AQVLVAATR----KLGVAVDGSALYETADKESGIEGSRKLEHTRQFRFLD
***: : ** *...*...*...*...*...*

60 Clone_ID_15650 KAAVVEIGDLTPEGPPADKWRLCSVQVEVEVKCLIRIVPIWSAGIISLAA
gi|7489404|pir||T04378 KAAVETHADRTAAAP--SPWRLCTVTQVEELKSVVRLPIWASGIVFATV
**** : * * *...*...*...*...*...*...*

Clone_ID_15650 MTTQGTFTVSQALKMDRNLGPKFEIPAGSLSVISLLTIGIFLPFYDRVFN
gi|7489404|pir||T04378 YGQMSTMFVLQGNLTLDASMGPKFKIPSASLSIFDTLSVIAWVPVYDRILV
: * * : *...*...*...*...*...*...*

65 Clone_ID_15650 PFMRRTIGHKSGITLLQRIGTGIVFTIFSMIVAGIVERMRRIRSINAGDP
gi|7489404|pir||T04378 PAVRSVTGRPRGFTQLQRMGIGLVSMFAMLAAGVLELVR-LRTIAQHGL
......*...*...*...*...*...*...*

ES 2 364 152 T3

Clone_ID_15650 TG---MTPMSVFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQIEFFNSQFPEHMRSIANS
g|7489404|pir||T04378 YGEKDVPISIFWQVPQYFIIGCAEVFTFVGQLEFFYDQAPDAMRSMCSA
* .***** **... * *.....* *.****.

Clone_ID_15650 LFSLSFAGSSYLSSFVTVVHKFGSGGHDHPDWLNKLNAGKLDFYYLIA
gij7489404|pir||T04378 LSLTTVALGNLSTLLVTVAKVTRGGKQGWIPDNLNVGHLDYFFWLLA

* . * *.*,*****. . *. *** ***,**.*,*

Clone_ID_15650 VLGVVNLVFWYCYRGYRYKVGLPIEDFEEDKSSDDVEMTSKKSME
gij7489404|pir||T04378 ALSLVNFAVYLLIASWYTYKKTAGDSPDAKGGAHQ-----
 * . * . . . * * * * . . *

- gi|31088360|gb|AAP44102.1| transportador de péptidos 1 [Vicia faba]

Identidad: 39,1%

Clone_ID_15650 -----
 gi|31088360|gb|AAP44102.1|
 MGSVEDDSSRI EFALIQDEFSKLYTGDGSDVDFKGRPV I KKNTGNWKACPF

Clone_ID_15650 -----
gi|31088360|gb|AAP44102.1|
ILGNCCERLAYYGIAITNLVKPILLAKLHEGNVSAARNVTTWQGTCYLAP

Clone_ID_15650 -----MTDYNIDNMQGLITITLTASFPQLHPASCNSQDP
gij[31088360]gb|AAP44102.1| LIGAVLADSYWGRYWTIAIFSMIYFIGMGTLLSASIPALKPAECLG---
. . . * . * . * . * . * . *

Clone_ID_15650 LSCGGPNKLQIGVLLGLCFLSVGSGGIRPCSIPIFGVDQFDQRTEEGVKG
gj|31088360|gb|AAP44102.1|
AVCPPATPAQYAVFFIGLYLIALGTGGIKPCVSSFADQFDDTDSRERVK
* * *... *... *... *... *

Clone_ID_15650 VASFFNWWYYMTFTVVLITQTVVVYIQDQVSWIIGFSIPTGLMALAVVMF
gij31088360|gb|AAP44102.1|
KGSFFNWFYFSINIGALISSSFIVWIQENAGWGLGFGIPALFMGLAIGSF
*****... .*. .*.*. * .** *. *.*. *

Clone_ID_15650 FAGMKRYVYVKPEGSIFSGIAQVIVAARKKRKLKLP AEDDGTVTYYDPAI
gij31088360|gb|AAP44102.1|
FLGTPLYRFQKPGGSPLTRMCQVVAASFRKRNLTPEDSSLLYETPDKSS
* * * * * . . * * . * . * . * . * . * .

Clone_ID_15650 KSSVLSKLHRSNQFRCLDKAAVVIEGDLTPEGPPADKWRLCSVQEVEEVK
gj|31088360|gb|AAP44102.1| AIEGSRKLQHSDLRCLDRAAVISD-
DERKRGDYSNLWRLCTVTQVEELK

Clone_ID_15650 CLIRVPIWSAGIISLAAMTTQGTFTVSQALKMDRNLGPKFEIPAGSLSV
gjj31088360|gb|AAP44102.1| ILIRMFVWATGIVFSAVYMQMSTMFVEQGTMMMDTSVG-
SFKIPAAASLST
..***. * . *. * * ** . *.*** **

Clone_ID_15650 ISLLTIGIFLPFYDRVFPFMRRITGHKSGITLLQRIGTGIVFTIFSMIV
gj|31088360|gb|AAP44102.1|
FDVISVIFWVPVYDRFIVPIARKFTGKERGFSELQRMGIGLFSIVLCMSA
* ..* ..* *** **.*.*.*..*..*.*.*.* ..* ..* ..* ..*

Clone ID 15650 AGIVER--MRRIRSINAGDPTGMTPMVSFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQI

ES 2 364 152 T3

```

5  gi|31088360|gb|AAP44102.1| AAIVEIKRLQLAKELDLVDKAVPVPLTIFLQIPQYFLLGAAEVFTFVGQL
   *** :: : : * : *...* ** : * : * : * : * :
   Clone_ID_15650 EFFNSQFPEHMRSIANSLSFSLSFAGSSYLSSFLVTVVHKFSGGHDPDWL
   gi|31088360|gb|AAP44102.1|
   EFFYDQSPDAMRSLCSALLTSLGNYLSSFILTVVLYFTTRGGNPGWI
   *** * : * : * : * : * : * : * : * : * : * :

10  Clone_ID_15650 NKNLNAGKLDYFYLLIYAVLGVVNLVYFWYCARGYRYKVLPIEDFEEDKS
   gi|31088360|gb|AAP44102.1| PDNLNKGHLDYFSGLAGLS-FLNMFLYIVAARKYKSKKAS-----
   , *** * : * : * : * : * : * : * : * : * :

15  Clone_ID_15650 SDDVEMTSKKSME
   gi|31088360|gb|AAP44102.1| -----
   : : :

20  • gi|48675345|dbj|BAD22820.1| transportador de nitratos [Prunus persica]

25  Identidad: 37,7%

30  Clone_ID_15650 -----
   gi|48675345|dbj|BAD22820.1|
   MSNCTLPETQEKLTPDAWDFKGRPAERSKTGGWTAAAMILGGEACERLT

35  Clone_ID_15650 -----MTDYNYIDNMQG-----
   gi|48675345|dbj|BAD22820.1|
   TLGIAVNLVTYLTGTMHLGNATSANTVTNFLTGSFMLCLLGGFVADTFGLG
   * * * : *

40  Clone_ID_15650 -----LITITLTASFQQLHPASCNSQDPLSCGGPNKLQIG
   gi|48675345|dbj|BAD22820.1| RYLTIAIFATFQAMGVTLTISTIPSLRPPKCTSDTSTPCIPASGKQLM
   : * : * : * : * : * : * : * : * :

45  Clone_ID_15650
   VLLLGLCFLSVSGGIRPCSIPFGVDQFDQRTEEGVKGVASFFNWYYMTF
   gi|48675345|dbj|BAD22820.1|
   VLYIALYLTALGTGGLKSSVSGFGSDQFDESDKQERRQMTNFFNWFFFFI
   ** * : * : * : * : * : * : * : * : * :

50  Clone_ID_15650 TVVLIITQTVVYIQDQVSWIIGFSIPTGLMALAVVMFFAGMKRYVYVKP
   gi|48675345|dbj|BAD22820.1|
   SIGSLAAVTVLVYIQDNLGRQWGYGICVAIVLGLIVFLSGTRRYRFFKL
   : : * : * : * : * : * : * : * : * :

55  Clone_ID_15650 EGSIFSGIAQVIVAARKKRKLKPAED--DGTVTYYDPAIKSSVLSKLHR
   gi|48675345|dbj|BAD22820.1|
   VGSPLTQISGVCAAWRKRNMELPSDMSFLYNVDDIDDGLKKKKKQKLPH
   ** * : * : * : * : * : * : * : * : * :

60  Clone_ID_15650 SNQFRCLDKAAVIEGDLTPEGPPADKWRLCSVQEEVEVKCLIRIVPIWS
   gi|48675345|dbj|BAD22820.1|
   SKQFRFLDKAAIKEPKTTSGTAMIINKWSLSTLTDVEEVKLIIRMLPIWA
   * : * : * : * : * : * : * : * : * :

65  Clone_ID_15650 AGIISLAAMTTQGTFTVSQALKMDRNLGPKFEIPAGSLSVISLLTIGFL
   gi|48675345|dbj|BAD22820.1|
   TTIMFWTVYAQMFTFSVSQATSMDRHIGKSFQIPASLTAFVFGSILLTV
   * : * : * : * : * : * : * : * : * :

Clone_ID_15650 PFYDRVFPFMRRIITGHKSGITLLQRIGTGIVFTIFSMIVAGIVERMRRRI

```

ES 2 364 152 T3

gi|48675345|dbj|BAD22820.1|
PVYDRLIVPMARKALENPQGLTPLQRMGVGLVFSIFAMVAAALTEVKRLN
* ****.***. *. . *. * * * * * * * * * * * * *

5 Clone_ID_15650 RSINAG---DPTGMTPMSPVFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQIEFFNSQFPE
gi|48675345|dbj|BAD22820.1|
IARSHGLTDNPTAEIPLSVFWLVPQFFFVGSGEAFTYIGQLDFFLRECPK
: . * . ** . * . * * * * * * * * * * * * * . *

10 Clone_ID_15650
HMRSIANSLFSLSFAGSSYLSSFLVTVVHKFSGGHDPRPDWLNKNLNAGKL
gi|48675345|dbj|BAD22820.1| GMKTMSTGLFLSTLSLGGFFSSLLVTIVHKTG-HNKP-
WLADNLNQGKL
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

15 Clone_ID_15650 DYFYLLIAVLGVVNLVYFWYCARGYRYKVGLPIEDFEEDKSSDDVEMTSK
gi|48675345|dbj|BAD22820.1| YDFYWLLALLSALNLVIYLCANWYVYKD-----KRLAEEGIELEEP
* * * * * * * * * * * * * * * * * * * * . *

20 Clone_ID_15650 KSME
gi|48675345|dbj|BAD22820.1| EICA
:

- 25 gi|33411520|dbj|BAC81420.1| transportador de nitratos [Prunus persica]

30 Identidad: 37,7%

35 Clone_ID_15650 -----
gi|33411520|dbj|BAC81420.1|
MSNCTLPETQEKLTPDAWDFKGRPAERSKTGGWTAAMILGGEACERLT

40 Clone_ID_15650 -----MTDYNIDNMQG-----
gi|33411520|dbj|BAC81420.1|
TLGIAVNLVTTYLTGMTMLGNATSANTVTNFLTGSFMLCLLGGFVADTFGL
* . * . * . *

45 Clone_ID_15650 -----LITITLTASFQPLHPASCNSQDPLSCGGPNKLQIG
gi|33411520|dbj|BAC81420.1| RYLTIAIFATFQAMGVTLTISTTIPSLRPPKCTSDTSTPCIPASGKQLM
: . * * . * . * . * . * . *

50 Clone_ID_15650
VLLGLCFLSVSGGIRPCSIPFGVDQFDQRTEEGVKGVASFFNWYYMTF
gi|33411520|dbj|BAC81420.1|
VLYIALYLTALGTGGLKSSVSGFGSDQFDESDKQERRQMTNFFNWFFFFI
* * . * . * . * . * * * * * * * * * * * * * * * *

55 Clone_ID_15650 TVVLIITQTVVVYIQDQVSWIIGFSIPTGLMALAVVMFFAGMKRYVYVKP
gi|33411520|dbj|BAC81420.1|
SIGSLAAVTVLVYIQDNLGRQWGYGICVCAIVLGLIVFLSGTRRYRFKKL
: . : . * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

60 Clone_ID_15650 EGSIFSGIAQVIVAARKKRKLKPAED--DGTVTYYDPAIKSSVLSKLHR
gi|33411520|dbj|BAC81420.1|
VGSPLTQISGVCAAWRKRNMEPSDMSFLYNVDDIDDGLKKKKKQKLPH
* * . . * . * * * * * * * * * * * * * * * * *

65 Clone_ID_15650 SNQFRCLDKAAVVIEGDLTPEGPPADKWRLCSVQEVVEVKCLIRIVPIWS
gi|33411520|dbj|BAC81420.1|
SKQFRFLDKAAIKEPKTTSGTAMIINKWSLSTLTDVEEVKLIIRMLPIWA
* *

ES 2 364 152 T3

5

10

15

20

25

30

- 35

40

45

50

55

60

65

Clone ID 15650 SIFSGIAQVIVAARKKRKLKLP AEDDGT VTYYP A I KSSVLS--KLHRSN

ES 2 364 152 T3

```

gi|28273100|dbj|BAC56916.1|
SPLTQIASVIVAAWKKRHLELPDSSLLFEIDDFGEGNKKSKQKLPHSK
      * .. * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

```

5 Clone_ID_15650 QFRCLDKAAVVIEGDLTPEGP--PADKWRLCSVQEVEEVKCLIRIVPIWS
gi|28273100|dbj|BAC56916.1|
EYRFLDKAAIKEDDDLESNGTNNVINKWKLATLTDVEEVKILIRMLPTWA
..* * * * * . * * * * . * * * * . * * * * . * * * * . * * * * .

10 Clone_ID_15650 AGIISLAAMTTQGTFTVSQALKMDRNLGPKFEIPAGSLSVISLLTIGIFL
gj|28273|100|dbj|BAC56916.1| TTIMFWTVYAQM TTFVSQATTMDRHIG-
TFEIPPATLVFVFGSILLTV
. *. . . **.* **.* **.* ..*. *.

15 Clone_ID_15650 PFYDRVFPFMRRIITHGKSGITLLQRIGTGIVFTIFSMIVAGIVERMR-R
gj|28273100|dbj|BAC56916.1| IFYDRIIVPICRRFMNKP HGLTPLQRIFTGLVL SILAMIAAALTEVKRLK
*****.***. . *. * *****.*****. * *

20 Clone_ID_15650 IRSIN--AGDPTGMTPMVSFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQIEFFNSQFPE
gi|28273100|dbj|BAC56916.1|
VAHLHGLTNDANATILPTVFWLVPQFLLVGAGEAFTYIGQLDFFLRECPK
 . . . * *..***** ..*.* *** ***** .*.

25 Clone_ID_15650
HMRSIANSLSFSLSFAGSSYLSSFLVTVVHKFSGGHDPRDWLNKNLNAGKL
gi|28273100|dbj|BAC56916.1| GMKTMSTGLFLSTLALGFFSSILVTIVHVVTGTTN--
PWLADNLNQGRLL
*... ** ..* ..***** ..* . ** **** *

30 Clone_ID_15650 DYFYLLI AVLGVN LVFWYCARGYRYKVGLPIEDFEEDKSSDDVEMTSK
gj|28273100|dbj|BAC56916.1 YDFYWLLAILSVFNL MFFLYSSRKYYVKE-
KRLAEMGIELEDDGPVCH--
***.*.* *...*. * . * . * . . . *

```
35      Clone_ID_15650      KSME
      gi|28273100|dbj|BAC56916.1|      ----
      .
```

- qi|47900739|qb|AAT39311.1| transportador de nitritos putativo [Solanum demissum]

45 Identidad: 36,6%

50 Clone_ID_15650 -----
gi|47900739|gb|AAT39311.1|
MESSVRGVDEAAIMKSSTRRKNGGWITFPFIIVSATMAGLSLASGGWTSN

55 Clone_ID_15650 -----MTDY
gi|47900739|gb|AAT39311.1| LIVYLIDFNMKSIKTAKVYNVINGCTTLFPIVGGILADSYLGSFSVIWF

60 Clone_ID_15650 NYIDNMQGLITITLTASFQQLHPASCNSQDPLSCGGPNKLQIGVLLLLGLC
gi|47900739|gb|AAT39311.1| SSLISALGILLLLFTSAIDVLRPPPCD-DGSSLCTSPSTHQYAVLYVALA
* * * * *

Clone_ID_15650 FLSVSGSGGIRPCSIPFGVDQFDQRTEEGVKGVASFFNWYYMTFTVVLIT
gi|47900739|gb|AAT39311.1| LASLGVAGTRFIAPMGANQFDK-----PKHQAIFFNWYIFAFYMSFAIS
. ** * * * * . * * * * . * * * * *

Clone ID 15650 QTVVVIQDQVSWIIGFSIPTGLMALAVVMFFAGMKRYVYVKPEG-SIFS

ES 2 364 152 T3

5
 gi|47900739|gb|AAT39311.1|
 TTVIVYVEDNWSWGYGISMALFLIGKRFYCDVKEQGGSPFV
 ***** ** .. * .. * .. * .. * .. *

10
 Clone_ID_15650 GIAQVIVAARKKRKLKPAEDDGTVTYYDPAIKSSVLSKLHR-SNQFRCL
 gi|47900739|gb|AAT39311.1| NLARVIVVAIQK--WRVPLSEQTQHYYHDPSTTTTLTITQIPTKSFKFL
 ..***** * .. * .. ***** .. * .. *

15
 Clone_ID_15650 DKAAVVIEGDLTPEGPPADKWRLCSVQEEVEVKCLIRIVPIWSAGIISLA
 gi|47900739|gb|AAT39311.1| NCAAFITEGDTKPDGSISNPWRLCTVQQVEDLKSILKLFPLWASGFLIST
 . * .. * .. * .. ***** .. * .. * .. *

20
 Clone_ID_15650 AMTTQGTFTVSQALKMDRNLGPKFEIPAGSLSVISLLTIGIFLPFYDRVF
 gi|47900739|gb|AAT39311.1| QLVIQASLLILQALKMDRHMGPHEIPAGSMLVFILLFTCIAIFIIDRFL
 . * .. : ***** .. ***** .. * .. * .. *

25
 Clone_ID_15650 VPFMRRTGHKSGITLLQRIGTGIVFTIFSMIVAGIVERMRRIRSINAGD
 gi|47900739|gb|AAT39311.1| YPFLAKYTTFS--LTPLQRIGIGHVITIISMAVSALVE-SRRLRIVRTHK
 ** . * .. : ***** * .. * .. * .. * .. *

30
 Clone_ID_15650 PTG---MTPMSVFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQIEFFNSQFPEHMRSIA
 gi|47900739|gb|AAT39311.1| LQGQNNDIVPMSVFWLVPQLALNGIGEGFHPGHIAFYQEFPTSLKSTS
 * .. ***** * .. * .. * .. * .. * .. *

35
 Clone_ID_15650 NSLFSLSFAGSSYLSSFLVTVVHKFSGGHDRLPDWLNKNLNAGKLDYFYFL
 gi|47900739|gb|AAT39311.1| TAMVALFIGIAHYLGNTLIDLQRLSG-----WLPDNINKGRTDNVFWL
* .. : .. * .. ***** .. * .. * .. *

40
 Clone_ID_15650 IAVLGVVNLVYFWYCARGYRYKVGLPIEDFEEDKSSDDVEMTSKKSME
 gi|47900739|gb|AAT39311.1| CCILGSANFMYVVCASLYKYKNVDNKSNIAPSK-----
 ..** ..* .. : .. * .. * .. * .. *

45
 • gi|6635838|gb|AAF20002.1| transportador de péptidos/aminoácidos [Prunus dulcis]

50
 Identidad: 38,8%

55
 Clone_ID_15650 -----
 gi|6635838|gb|AAF20002.1|
 MGSLEEEERSLLEDGLIQDETNGLYTGDGSVDITGKPVLKQSTGNWXACPF

60
 Clone_ID_15650 -----
 gi|6635838|gb|AAF20002.1|
 ILGTECCERLAFYGISTNLVTYLTHKLHEGNVSAARNVTTWSGTCYLTPL

65
 Clone_ID_15650 -----MTDYNIDNMQGLITITLTASFPQLHPASCNSQDPL
 gi|6635838|gb|AAF20002.1| IGAVLADAYWGRYWTIAIFSTIYFIGMCTLTISASVPALKPPQCVDSD
 . * .. ***** .. * .. * .. *

70
 Clone_ID_15650 SCGGPNKLQIGVLLLGLCFLSVGSGGIRPCSIPIFGVDQFDQRTEEGVKGV
 gi|6635838|gb|AAF20002.1|
 VCPSASPAQYGVFFFGLYLIALRTGGIKPCVSSFGADQFDDTDSRERVKK
 * ... * .. ***** .. ***** .. *

75
 Clone_ID_15650 ASFFNWWYMTFTVVLITQTVVVYIQDQVSWIIGFSIPTGLMALAVVMFF
 gi|6635838|gb|AAF20002.1|
 GSFFNWFYFSINIGALVSSTLIVVQDNAGWGLGFGIPALFMGIAIVSFF
 ***** .. : .. ***** .. * .. * .. * .. *

ES 2 364 152 T3

Clone_ID_15650 AGMKRYVYVKPEGSIFSGIAQVIVAARKKRKLKLP AEDDGTVTYYDPAIK
gi|6635838|gb|AAF20002.1|
SGTPLYRFQKPGGSPLTRMCQVLVASFRRKWNLDVPRDSSLLYETQDKGSA

Clone_ID_15650 SSVLSKLHRSNQFRCLDKAAVVIEGDLTPEGPPADKWRLQSVQVEVEEVKC
gi|6635838|gb|AAF20002.1| IKGSRKLEHSDENCLDKAAVISETETKT-GDFSNPWRICTVTQVEELKI
.*...***.*.*..**.*.*.*.*.*

Clone_ID_15650 LIRIVPIWSAGIISLAAMTTQGTFTVSQALKMDRNLGPKFEIPAGSLSVI
gi|6635838|gb|AAF20002.1| LIRMFPWIWATGIVFSAVYAQMATMFVEQGMMDTSVG-
SFTIPPASLSSF

Clone_ID_15650 SLLTIGIFLPFYDRVFPFMRRTIGHKSGITLLQRIGTGIVFTIFSMTVA
gi|6635838|gb|AAF20002.1| DVISVIFWVPIDRFVIPIARKFTGKERGFSELQRMGIGLFLSVLCMSAA
.....**.*.....*.*****.*....*

Clone_ID_15650 GIVERMRRIRSNAG--DPTGMTPSVFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQIE
gi|6635838|gb|AAF20002.1| AVVEMKRLQLATELGLVDKEVAVPLSIFWQIPQYFLLGAAEIFTFIGQLE
.*** * . . * * *.*** ** .** * * .****

Clone_ID_15650 FFNSQFPEHMRSIANSLFSLSFAGSSYLSSFLVTVVHKFSGGHDPRPDWLN
gi|6635838|gb|AAF20002.1|
FFYDQSSDAMRSLCSALSASDDFIGKLSELFSDIVTYFTTQGGKAGWIP
* * * * * * * * * *

Clone_ID_15650 KNLNAGKLDYFYLLIAGLVVNLVYFWYCARGYRYKVGLPIEDFEEDKSS
gi|6635838|gb|AAF20002.1| DNLNDGHLDYFSGS-----
 *** *****

Clone_ID_15650 DDVEMTSKKSME
gi|6635838|gb|AAF20002.1| -----
.. .

- [gi|11933410|dbj|BAB19759.1| transportador putativo de nitratos NRT1-4 \[Glicina max\]](#)

Identidad: 65,9%

Clone_ID_15650 MTDYNYIDNMQGLITITLTASFPQLHPASCNSQDPLSCGGPNKLQIGVLL
gi|11933410|dbj|BAB19759.1| -----
 : : : :
 : : : :

Clone_ID_15650
LGLCFLSVGGIRPCSIPFGVDQFQDQRTTEGVKGVASFFNWYYMTFTV
qil11933410|dbj|BAB19759.1| -----

Clone_ID_15650 LIITQTVVVYIQDQVSWIIGFSIPTGLMALAVVMFFAGMKRYVYVKPEGS
gi|11933410|dbj|BAB19759.1 |-----
... ..

Clone_ID_15650 IFSGIAQVIVAARKKRKLKLP AEDDGTVTYYDPAIKSSVLSKLHRSNQFR
gi|11933410|dbj|BAB19759.1| -----R
..*
..

Clone_ID_15650 CLDKAAVVIEGDLTPEGPPADKWRLCSVQEVEEVKCLIRIVPIWSAGIIS
gi|11933410|dbj|BAB19759.1|
ALNKAALIMEGELNPDGTRVNQWRLVSIQQVEEVKCLARIPIWAAGILS
*,***,*,*,*,* * *.,***,*,*,***** ***,***,***,*

ES 2 364 152 T3

Clone_ID_15650 LAAMTTQGTFTVSQALKMDRNLGPKFEIPAGSLSVISLLTIGIFLPFYDR
gi|11933410|dbj|BAB19759.1|
LISMTQQGTFTVSQAMKMNRHLGAKFQIPAGSVSVISLITIALWLPFYDR

* ** ***** ** ** ** **

Clone_ID_15650 VFVPMRRITGHKSGITLLQRIGTGIVFTIFSMIVAGIVERMRRIRSINA
gi|11933410|dbj|BAB19759.1|
ILVPLKLRKMTKHEGGITLLLRIIGIMVFSILSMVVAGYVEKVRDRSANSN

..** .** * .. ***** ** ** ** **

Clone_ID_15650 GDPTGMTPMVSFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQIEFFNSQFPEHMRSIANS
gi|11933410|dbj|BAB19759.1|
PTPLGIAPMSVLWLAPHLILMGLCEAFNIIGQIEFFNRQFPEHMRSIGNS

* ** ***** ** ** **

Clone_ID_15650 LFSLSFAGSSYLSSFLVTVVHKFSGGHDRLPDWLNKNLNAGKLDYFYLLIA
gi|11933410|dbj|BAB19759.1| FFSCSFGVSSYVSSIIGQHSSSFY-----KNT-----

..** ** ** ** * : ** : : :

Clone_ID_15650 VLGVVNLVYFWYCARGYRYKVGLPIEDFEEDKSSDDVEMTSKKSME
gi|11933410|dbj|BAB19759.1| -----

:: :: : : : : :

- gi|9581819|emb|CAC00545.1| transportador de nitratos putativo de baja afinidad [Nicotiana plumbaginifolia]

Identidad: 36,9%

Clone_ID_15650 -----
gi|9581819|emb|CAC00545.1|
MALPETQQDSKALPDWDYKGRPALRSSSGGWASGAMILGVEAVERLTTL

Clone_ID_15650 -----MTDYNIDNMQG-----
gi|9581819|emb|CAC00545.1|
GIAVNLVLYLTGTMHNLGNATAANNVTNFLGTSFMLTLLGGFVADTFLGRY

* * : *

Clone_ID_15650 -----LITITLTASFQQLHPASCNSQDPLSCGGPNKLQIGVL
gi|9581819|emb|CAC00545.1| LTIGIFATVQAMGVILTISTIIPLRPPKCEQVGSSSCIPANSKQLMVL
: : * : * : * : * : *

Clone_ID_15650 LLGLCFLSVGSGGIRPCSIPFGVDQFDQRTEEGVKGVASFFNWWYMTFTV
gi|9581819|emb|CAC00545.1|
YIALYMTALGTGGLKSSVSGFGTDQFDDGDKKEKGQMIKFFDWFFFFFINV

: * : * : * : * : * : *

Clone_ID_15650 VLIITQTVVVIQDQVSWIIGFSIPTGLMALAVVMFFAGMKRYVYVKPEG
gi|9581819|emb|CAC00545.1|
GSLGAVTVLVYIQDNLGREWGYGICACAIIGLVVFLSGTRKYRFKKLVG

: : * : * : * : * : * : *

Clone_ID_15650 SIFSGIAQVIVAARKKRKLKPAEDDGTVTYYDPAIKSSVLS--KLHRSN
gi|9581819|emb|CAC00545.1|
SPLTQIASVIVAARKKTHLELPSNSSLLFEIDNIFGEGNKKSKQKLPHSK

* : * : * : * : * : *

Clone_ID_15650 QFRCLDKAAVIEGDLTPEGP--PADKWRLCSVQEEVEVKCLIRIVPIWS
gi|9581819|emb|CAC00545.1|
EYRFLDKAAIKEDNDLESNGTKVVINKWKLATLTDVEEVKLLIRMLPTWA

ES 2 364 152 T3

..* *****, . ** .* ,**.* .. ,***** *****,..* *.

Clone_ID_15650 AGIISLAAMTTQGTFTVSQALKMDRNLGPKFEIPAGSLSVISLLTIGIFL
gil9581819|emb|CAC00545.1| TTIMFWTVYAQMTTFSVSKATTMDRHIG-
TFEIPPASLTVFFVGSILLTV

* * * ** ** * * * * * * * * * *

Clone_ID_15650 PFYDRVFPFMRRITGHKSGITLLQRIGTGIVTFISMI VAGIVERMR-R
gi|9531819|emb|CAC00545.1 IFYDRIIVPICRRFMNKP HGLTPLHRIFTGLVLSILAMIAAALTEVKRLK

****..**..**..*. *.* **.* **.*..**.* * . * *

Clone_ID_15650 IRSIN--AGDPTGMTPMSVFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQIEFFNSQFPE
gi|9581819|emb|CAC00545.1|
VAHLHGLTNDANATIPLTVFWLVPPQFLLVGAGEAFTYIQLDFFLRECPK

. .. * *..***** **..*.* *** ***..** . *

Clone_ID_15650 HMRSIANSLSFSLSFAGSSYLSSFLVTVVHKFSGGHDRPDWLNKNLNAGKL
gi|9581819|emb|CAC00545.1| GMKTMSTGLFLSTLALGFFVSSILVTIVHVVVG--
TKNPW|ADNI NQGRI

*.... ** ..* ...*,***,** .* . ** *** *,*

Clone_ID_15650 DYFYLLIAVLGVVNLVYFWYCARGYRYKVGLPIEDFEEDKSSDDVEMTSK
gi|9581819|emb|CAC00545.1|
YDFYWLIALSVENLMFFLYSSRKYYVKEKRLAEMGIELEDDGPVCH---

. ** ** ** ** ** * * *

Clone_ID_15650	KSME
qi 9581819 emb CAC00545.1	----

.

- [gi|31429843|gb|AAP51838.1| LeOPT1 putativo - transportador de oligopéptidos \[Oryza sativa \(cultivar del grupo japonica\)\]](#) > [gi|37530498|ref|NP_919551.1| LeOPT1 putativo - transportador de oligopéptidos \[Oryza sativa \(cultivar del grupo japonica\)\]](#) > [gi|14029034|gb|AAK52575.1| LeOPT1 putativo - transportador de oligopéptidos \[Oryza sativa\]](#)

Identidad: 37.3%

Clone_ID_15650 -----
gi|31429843|gb|AAP51838.1|
MEAGAADEETPLIQQLPPEEQCSQYTCDGTVNSDKKPKALKQSTGHWRACF

Clone_ID_15650 -----MTDYNYIDNMQGLITITLTASFPQLHP
gil31429843|gb|AAP51838.1|
FILGAQFAETLCFFMVSKNLVMYLTSALHESNIDAAQSVSIWIGTSFFTP

. * . * . . . *

Clone_ID_15650 AS-----CNSQDPLSCGGPNK---LQ
gi|31429843|gb|AAP51838.1 LIGAFLADTYWGRYWTTVISLFIHIGMLIVTVSSSPLFLNSSYYNWNIC

* **

Clone_ID_15650 IGVLLGLCFLSVGSGGIRPCSIPIFGVDQFDQRTEEGVKGVASFFNWYYM
gi|31429843|gb|AAP51838.1|
RATVYTGlyLTAVGSGCMKPCIPAFGADQFDSADPVERLAKGSFFNWYFF

. ** . ***** .** ** ***** *****

Clone_ID_15650 TFTVVLITQTVVVYIQDQVSWIIGFSIPTGLMALAVVMFFAGMKRYVYV
gi|31429843|gb|AAP51838.1|
SMNVGSLI STTLI VVVVANIGWSVGFAIPMLI SGFGLALFFAGRKYRYK

.. * ... *..*.. .. * .**,** * . . ***** * * *

ES 2 364 152 T3

Clone_ID_15650 KPEGSIFSGIAQVIVAARKKRKLKLP AEDDGTVTYYDPAIKSSVLSKLHR
gil31429843|gb|AAP51838.1| KQGGSPLTRVSQVVVAVRNHRLKLPPD---
SSLLHEVSKVTEDDYRTQL

```

*  ** ..**.* ** ..**.*

```

Clone_ID_15650 SNQFRCLDKAAVVEGDLTPEGPPADKWRLCSVQEVEEVKCLIRIVPIWS
gi|31429843|gb|AAP51838.1| TTQFRFFDKAAILSD-EISP--
AQWSPWRLCTVSQEELKILLRMFPVWV

,*,.,...* ****,* ****,* *,*,*,*

Clone_ID_15650 AGIISLAAMTTQGTFTVSQALKMDRNLGPKFEIPAGSLSVISLLTIGIFL
gj[31429843]gb|AAP51838.1| SMVFFVVTQAQITSTLIEQGMAMDGRVGP-
FTLPAASIAFEDVISLVVWV

.....

Clone_ID_15650 PFYDRVFVPFMRRTGHKSGITLLQRIGTGIVFTIFSMIVAGIVERMRRI
gi|31429843|gb|AAP51838.1|
PVYDVLVPLARRVTGKDRGISHLQRIGVGLALAAVAMAYSAVVEARRLG

* ** *.**, **.**, **. ***** *. . . .* . .** *

Clone_ID_15650 RSINAGDPTGMTPMVSFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQIEFFNSQFPEHMR
gil31429843|gb|AAP51838.1| -----TAPAPVSIMWQAPSYLVLGVAEAFSVIGMMEFFYEQSPESMK

* .*.*.*. * ...*. *** .** .*** * ** *

Clone_ID_15650 SIANSLSFSLSFAGSSYLSSFLVTVVHKFSGGHDPRDWLNKNLNAGKLDYF
gi|31429843|gb|AAP51838.1|
SLCTALGQLAIAVANYLNSGVLVVVAATTRGGGAGWIPDNLDEGHLDYF

* . * * . * * * . * * * . * . * * . * * . * * * *

Clone_ID_15650 YYLIAVLGVVNLVYFWYCARGYRYKVGLPIEDFEEDKSSDDVEMTSKKS
gi|31429843|gb|AAP51838.1 FWMMAVVSVLNLLHFLHCSIRYR-----ANNNTLSS---

.....** . *.**..* .* ***

.....

Clone_ID_15650	E
gi 31429843 qb AAP51838.1	-

- Clon Ceres:752104 Organismo:4565 Solapado:1 FL5:1 FL3:1

Identidad: 36.8%

Clone_ID_15650
MTDYNIDNMQGLITLTASFPQLHPASCNSQDPLSCGGPNKLQIGVLLGLCFLSVGS
Clon Ceres 752104 -----MSXGA

* * * * *

Clone_ID_15650 GGIRPCSIPFGVDQFDQRTEEG-
VKGVASFFNWYYMTFTVVLITQTVVVYIQDQVSWII
Clon Ceres_752104
GGIRPCSMAFGADQFXRHPKERRSRILQAYFNAYYASIGVAFTVAVTVIVVYVDNVGWKA

*****. ** *** . . .* . . .** ** . . * . . **.**,**,**,*. * *

Clone_ID_15650
GFSIPTGLMALAVVMFFAGMKRYVYVKPEGSIFSGIAQVIVAARKKRKLKLP AEDDGTVT
Clon Ceres_752104
GEAVPMGLMMLSAVSFLLSRLYYKEKGSKQMFAGIGAAIVAAIRNYRVQLPAKTEGQVY

. * *** * . * * . * . ** * . *. ** . ****. . *

Clone_ID_15650 YYDPAIKSSVL SKLHRSNQFRCLDKAAVVIEG---DLTPEGPPADK-----
WRLCSVQ

ES 2 364 152 T3

Clon Ceres_752104 HHLKDCKLTVP-----
 TDRLRFLNKACIIISNNGGVDLPGTGAAASERDGNVGRRRLCTVD
 .. *.* ***** . . ** * * . *****.

Clone_ID_15650 EVEEVKCLIRIVPIWSAGIISLAAMTTQGTFTVSQALKMDRNLGP-
KFEIPAGLSVISL
Clon Ceres_752104 QVEQLKSAVRILPIWSSTVFLAQAMSQN--
YAVLQANEMDRRIGVGQFRVPGCSLTMFNM

Clone_ID_15650
 LTIGIFLPFYDRVFPFMRRIITGHKSGITLLQRIGTGIVTFISMI VAGIVERMRRIRSI
 Clon Ceres_752104
 VTMSLWSGSYDRWIAPALRRVTGDPRGLTMKQRVGVGLLLATAAMAVSGAVEGARRRLEL
 ..*..***.*.******.*.***.*.....*.***.*.*..

Clone_ID_15650
NAGDPTGMPMSVFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQIEFFNSQFPEHMRSIANSLSFSLFAG
Clon Ceres_752104 AGGGGAGMS---
AFWLVPQFALMGLAEAFGVIXELEFFYTELPKSMXSFSMALLYMAMGV
* .**.. * .*** **..***** **..*..***** **..*..*..*..*..*..*..*..*

Clone_ID_15650
SSYLSSFLVTVVHKFSGGHDPRDWLNKNL NAGKLDYFYLI AVLGVVNL VYFWYCARGYR
Clon Ceres_75214
GNLVNSLIVKVDDASRRGGRTSWLSSDLNAGHYDYYYWLLAXLXAVNFVYFLWCWKYG

* . * . * * * * * * * * * * . * . * . * * * . * * . * * *

Clone_ID_15650 YKVGLPIEDFEEDKSSDDVEMTSKKSME
Clon Ceres_752104 EEG--KNVEWEEGEGEREXPMA-----
 . . .** . . *

- [gil31075168|emb|CAD32549.1](#) transportador de dicarboxilato [*Alnus glutinosa*]

Identidad: 37,1%

Clone_ID_15650 -----
gi|31075168|emb|CAD32549.1|
MEESKKSCFISDRVYKGDPA DRNTTGGWVPAALVIGIEVSERLSTMGI

Clone_ID_15650 -----MTDYNYIDNMQG-----
gi|31075168|emb|CAD32549.1|
VNLVTYLYKGTMHQSSTTSNSTSNVAGTSFLLCLLGGILADSFLGRYWTI
* * * *

Clone_ID_15650 -----LITITLTASFPQLHPASCNSQD--PLSCGGPNKLQIGVLL
gi|31075168|emb|CAD32549.1|
AIFSVIHALGTCMLAISAAALPELRPSECNLHHDFPLKCEEPSSFQMGI LY
.....**.*.*.*.* ** * *

Clone_ID_15650
LGLCFLSVGSGGIRPCSIPFGVDQDQRTEEGVKGVASFFNWYYMTFTVV
gij|31075168|emb|CAD32549.1|
TALYSMALGVGGIKSSVSGFGTEQFDQNDKEMSEMAHFFNRFYLIISFG
* ...* ****. ** .**** *. . * **** .*. ..

Clone_ID_15650 LIITQTVVVYIQDQVSWIIGFSIPTGLMALAVVMFFAGMKRYVYVKPEGS
gi|31075168|emb|CAD32549.1|
TLLAVTVLVVYVDQVGRSWGYGICASMFSLIVAFVLGTRKRYRRECTGS
... **.*..***** *. * . *. * .. ***** . **

ES 2 364 152 T3

Clone_ID_15650 IFSGIAQVIVAARKKRKLKLP AEDDGTVTYYDPAIKSSVL SKLHRSNQFR
gij|31075168|emb|CAD32549.1| PIIQLQVIVAAIRKRAELPT--DLSFLYDKASDKESTIS---HTDKYS
. * ***** .*** **. * . * . ** . *

Clone_ID_15650 CLDKAAVIEGDLTPEGP-PADKWRLCSVQEVEEVKCLIRIVPIWSAGII
gij31075168|emb|CAD32549.1|
CLDKGAITGMDRGADGLTISNPWGLCTVTEVEEVKMLIRILPIMASTII
***** * . * .. * * * * * * * * * * * * *

Clone_ID_15650 SLAAMTTQGTFTVSQALKMDRNLGPKFEIPAGSLSVISLLTIGIFLPFYD
gij|31075168|emb|CAD32549.1| FWTIQAQLLSFSVQQAATMERTIEN-
FPIPPASFNGFFVGSTIITLIMYD

 . . . *.* ** *.*. *** *. . . . *.***

Clone_ID_15650 RVFVPFMRRTGHKSGITLLQRIGTGIVFTIFSMIVAGIVERMRRIRSI
gij31075168|emb|CAD32549.1| R-LLPFLRQSSNGVQGFTNLQKIGIAIFLSILGMAAASF
AE-MKRLEVVR
*...***. . * * * * * * * * * * * * .

Clone_ID_15650 AG----DPTGMTPMSVFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQIEFFNSQFPEHMR
gij|31075168|emb|CAD32549.1|
ANRGSTSTSSTLPITAFYLLPQFVLVVGIDGFMYTGQLDFFITESPKGMK
* . *..** *..*..* * * **..** ..*..*

Clone_ID_15650 SIANSLFSLSFAGSSYLSSFLVTVVHKFSGGHDPRDWLNKNLNAGKLDYF
 gj|31075168|emb|CAD32549.1|
 AISTGLFTTNALGFFGSSILVTIITKVTGEEVGHGWLLSRINDSRLDFF
 .*. ** . * *.**.*.*. *.* ** .* **.*

Clone_ID_15650 YYLIAVLGVNLYVFWYCARGYRYKVGLPIDFEEDKSSDDVEMTSKKSM
gij|31075168|emb|CAD32549.1| YALLAVLGFINLVFYLVLASWYK---PSPVEDAHQKINGKEEKV-----
 * * *

Clone_ID_15650	E
gi 31075168 emb CAD32549.1	-

- [qi|48525519|qb|AAT45007.1| transportador de nitratos \[Xerophyta humilis\]](#)

Identidad: 52.2%

Clone_ID_15650 MTDYNIDNMQGLITLITASFPQLHPASCNSQDPLSCGGPNKLQIGVLL
gi|48525519|gb|AAT45007.1| -----
 .: .: .: .: .: .: .: .

Clone_ID_15650 LGLCFLSVGSGGIRPCSIPFGVDQFDQRTEEGVKGVASFFNWYYMTFTVV
gi|48525519|gb|AAT45007.1| -----
.....

Clone_ID_15650 LIITQTVVVYIQDQVSWIIIGFSIPTGLMALAVVMFFAGMKRYVYVKPEGS
gi|48525519|gb|AAT45007.1| -----
 :: :::: : :::: : :::
 :: :::: : :::: : :::

Clone_ID_15650 IFSGIAQVIVAARKKRKLKLP AEDDGTVTYYDPAIKSSVL SKLHRSNQFR
gij48525519|gb|AAT45007.1| -----

Clone_ID_15650 CLDKAAVVIEGDLTPEGPPADKWRLCSVQEVEEVKCLIRIVPIWSAGIIS
gjl48525519|gb|AAT45007.1| -----SLQQVEEVKCLLRIIPWSTGIY
. . . *.*.*****.*.*.*.*.*.*

ES 2 364 152 T3

[illegible]

ES 2 364 152 T3

*****. *. **.. *.. ****. *.. **.. *.. ** * :

```

5      Clone_ID_15650      INAG--DPTGMTPMSVFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQIEFFNSQFPEHMR
      gi|4322327|gb|AAD16016.1|      KELGLVDEDVAVPLSIFWQIPPYF-----
      : * * .*** * * : : : : : :

10     Clone_ID_15650      SIANSLSLSFAGSSYLSSFLVTVVHKFSGGHDRPDWLNKNLNAGKLDYF
      gi|4322327|gb|AAD16016.1|      -----
      : : : : : : : : : : : :

15     Clone_ID_15650      YYLIAVLGVVNLVYFWYCARGYRYKVGLPIEDFEEDKSSDDVEMTSKKSM
      gi|4322327|gb|AAD16016.1|      -----
      : : : : : : : : : : : :

20     Clone_ID_15650      E
      gi|4322327|gb|AAD16016.1|      -

25     • Clon Ceres:1266369 Organismo:3708 Solapado:0 FL5:0

      Identidad: 91,5%

30     Clone_ID_15650
      MTDYNYIDNMQGLITITLTASFPQLHPASCNSQDPLSCGGPNKLQIGVLLGLCFLSVGS
      Clon Ceres_1266369      -----
      : : : : : : : : : : : :

35     Clone_ID_15650
      GGIRPCSiPFGVDQFDQRTEEGVKGVASFFNWYYMTFTVVLIITQTVVVIQDQVSWIIG
      Clon Ceres_1266369      -----
      : : : : : : : : : : : :

40     Clone_ID_15650
      FSIPTGLMALAVVMFFAGMKRYVYVKPEGSIFSGIAQVIVAARKKRKLKLP AEDDGTVTY
      Clon Ceres_1266369      -----
      : : : : : : : : : : : :

45     Clone_ID_15650
      YDPAIKSSVLSKLHRSNQFRCLDKAAVVIEGDLTPEGPPADKWRLCSVQEVEEVKCLIRI
      Clon Ceres_1266369      -----
      : : : : : : : : : : : :

50     Clone_ID_15650
      VPIWSAGIISLAAMTTQGTFTVSQALKMDRNLGPKFEIPAGSLSVISLLTIGIFLPFYDR
      Clon Ceres_1266369      -----R
      : : : : : : : : : : : : *

55     Clone_ID_15650
      VFVPFMRRTGHKSGITLLQRIGTGIVFTIFSMIVAGIVERMRRIRSINAGDPTGMTPMS
      Clon Ceres_1266369
      VLVPLRRITGHKSGITLLQRIGTGIVFAILSMIVAGLVERKRRIRSINAGDATGMTPMS
      *****.*****.*****.*****.*****.*****.*****

60     Clone_ID_15650
      VFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQIEFFNSQFPEHMRSIANSLSLSFAGSSYLSSFLVTVV
      Clon Ceres_1266369      VFWLSPQLILMGLCEAFNIIGTD-----
      ***** : : : : : : : : : :

65     Clone_ID_15650
      HKFSGGHDRPDWLNKNLNAGKLDYFYLIAVLGVVNLVYFWYCARGYRYKVGLPIEDFEE
      Clon Ceres_1266369      -----
  
```

ES 2 364 152 T3

: : : : : : : : : : : :

Clone_ID_15650 DKSSDDVEMTSKKSME

Clon Ceres_1266369 -----

: : :

- gi|21615415|emb|CAD33927.1| transportador de nitratos [Cicer arietinum]

Identidad: 38,0%

Clone_ID_15650 MTDYNYIDNMQGLITITLTASFPQLHPASCNSQDPLSCGGPNKLQIGVLL

gi|21615415|emb|CAD33927.1| -----

: : : : : : : : : : :

Clone_ID_15650

LGLCFLSVGSGGIRPCSIPFGVDQFDQRTEEGVKGVASFFNWYYMTFTVV

gi|21615415|emb|CAD33927.1| -----

: : : : : : : : : : :

Clone_ID_15650

LIITQTVVVYIQDQVSWIIGFSIPTGLMALAVVMFFAGMKRYVYVKPEGS

gi|21615415|emb|CAD33927.1| -----

: : : : : : : : : : :

Clone_ID_15650

IFSGIAQVIVAARKKRKLKLP AEDDGTVTYYDPAIKSSVLSKLHRSNQFR

gi|21615415|emb|CAD33927.1| -----

: : : : : : : : : : :

Clone_ID_15650

CLDKAAVVIEGDLTPEGPPADKWRLCSVQEVEEVKCLIRIVPIWSAGIIS

gi|21615415|emb|CAD33927.1| -----

: : : : : : : : : : :

Clone_ID_15650

LAAMTTQGTFTVSQALKMDRNLGPKFEIPAGSLSVISLLTIGIFLPFYDR

gi|21615415|emb|CAD33927.1| -----AIIITLAVNDR

: : : : : : : : : : *

Clone_ID_15650

VFVPFMRRTGHKSGITLLQRIGTGIVFTIFSMIVAGIVERMRRIRSINA

gi|21615415|emb|CAD33927.1| IIMPLWKKMKG-

KPGFTNLQRIAIGLLSTFGMAAASLCEVKRLSVAKSV

: : : : : : : : : : *

Clone_ID_15650

GDPTGMTPM SVFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQIEFFNSQFPEHMRSIANS

gi|21615415|emb|CAD33927.1| KGNQATIPISVFLIPQFFLVGSGEAFIYTGQLDFFITQSPKGMKTMSTG

: : : : : : : : : : *

Clone_ID_15650

LFSLSFAGSSYLSSFLVTVVHKFSGGHDRPDWLNKNLNAGKLDYFYLLIA

gi|21615415|emb|CAD33927.1| LFLTTLSLGFFISSFLVSVKKVTGTRDGQGWLADNINKGRDLFFALLT

: : : : : : : : : : *

Clone_ID_15650

VLGVVNLVYFWYCARGYRYKVGLPIEDFEEDKSSDDVEMTSKKSME

gi|21615415|emb|CAD33927.1| ILSFINFVAFVCAFWYKPKAKPSMQMGAINNGSSVEEKC-----

: : : : : : : : : : *

- gi|52851190|emb|CAH58643.1| transportador de péptido putativo [Plantago major]

ES 2 364 152 T3

Identidad: 42,0%

5

Clone_ID_15650 MTDYNYIDNMQGLITITLTASFPQLHPASCNSQDPLSCGGPNKLQIGVLL
gi|52851190|emb|CAH58643.1| -----
: : : : : : : : : :

10

Clone_ID_15650
LGLCFLSVSGGIRPCSIPFGVDQFDQRTEEGVKGVASFFNWYYMTFTVV
gi|52851190|emb|CAH58643.1| -----
: : : : : : : : : :

15

Clone_ID_15650 LIITQTVVVYIQDQVSWIIGFSIPTGLMALAVVMFFAGMKRYVYVKPEGS
gi|52851190|emb|CAH58643.1| -----
: : : : : : : : : :

20

Clone_ID_15650 IFSGIAQVIVAARKKRKLKPAEDDGTVTYYDPAIKSSVLSKLHRSNQFR
gi|52851190|emb|CAH58643.1| -----
: : : : : : : : : :

25

Clone_ID_15650 CLDKAAVVEGDLTPEGPPADKWRLCSVQEVEEVKCLIRIVPIWSAGIIS
gi|52851190|emb|CAH58643.1| -----
: : : : : : : : : :

30

Clone_ID_15650 LAAMTTQGTFTVSQALKMDRNLGPKFEIPAGSLSVISLLTIGIFLPFYDR
gi|52851190|emb|CAH58643.1| -----
: : : : : : : : : :

Clone_ID_15650 VFVPFMRRITGHKSGITLLQRIGTGIVFTIFSMIVAGIVERMRRIRSINA
gi|52851190|emb|CAH58643.1| -----MLQRIGIGLVLSLVSIYAAIERKRLATAMEY
: : : : :***** : : : : :***** : : : : :*****

35

Clone_ID_15650 G---DPTGMTPMSVFWLSPQLILMGLCEAFNIIQIEFFNSQFPEHMRSI
gi|52851190|emb|CAH58643.1|
GLVDMKAVVPMSALWLAPQYVLSGVADVFTMIGLQEFFYDQIPCDLKSI
* *

40

Clone_ID_15650
ANSLFSLSFAGSSYLSSFLVTVVHKFSGGHDRPDWLNKNLNAGKLDYFYF
gi|52851190|emb|CAH58643.1|
GLAMYLSILGIGSLLSSFLVSFIQNMTKGHGQDGFADNLNKAHLDYFYW
: : : : : * * * * * : : : : : * * * * * : : : : : * * * * *

45

Clone_ID_15650 LIAVLGVVNLVYFWYCARGYRYKVGLPIEDFEEDKSSDDVEMTSKKSME
gi|52851190|emb|CAH58643.1| LLAGLSTVGLSAYIYFARSYVYRRKV-----
* * * * * : : : : * * * * * : : : : * * * * *

50

- Clon Ceres:523548 Organismo:3847 Solapado:0 FL5:0

55

Identidad: 56,4%

60

Clone_ID_15650 -----MTDYNYIDNMQGLITITLTASFPQ
Clon Ceres_523548
LDQVYASNILNIWSGITNFFPLIGAFISDAYVGRFWTIAFASFSSLLGMVVVTLTAWLPE
: : : : * * * * * : :

65

Clone_ID_15650 LHPASCNSQDPLS--
CGGPNKLQIGVLLGLCFLSVSGGIRPCSIPFGVDQFDQRTEEG

ES 2 364 152 T3

Clon Ceres_523548
LHPPPCTPQQALNQCVKASTPHLGALLTGLXLLSVGSAGIRPCSIPFGVDQFDPSTDEG
*** * *. * ..* * * * .***** ***** *..*

5

Clone_ID_15650
VKGVASFFNWYYMTFTVVLITQTVVVYIQDQVSWIIGFSIPTGLMALAVVMFFAGMKRY
Clon Ceres_523548 KKGINSFFNXYYTTFTTV-----
.* ** * *: : : : : : : : : :

10

Clone_ID_15650
VYVKPEGSIFSIAQVIVAARKKRKLKLP AEDDGTVTYYDPAIKSSVLSKLHRSNQFRCL
Clon Ceres_523548 -----
: : : : : : : : : :

15

Clone_ID_15650
DKAAVVIEGDLTPEGPPADKWRLCSVQEVEEVKCLIRIVPIWSAGIISLAAMTTQGTFTV
Clon Ceres_523548 -----
: : : : : : : : : :

20

Clone_ID_15650
SQALKMDRNLGPKFEIPAGSLVISLLTIGIFLPFYDRVFPFMRRTGHKSGITLLQRI
Clon Ceres_523548 -----
: : : : : : : : : :

25

Clone_ID_15650
GTGIVFTIFSMIVAGIVERMRRIRSINAGDPTGMTPSVFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQ
Clon Ceres_523548 -----
: : : : : : : : : :

30

Clone_ID_15650
IEFFNSQFPEHMRSIANSLSFAGSSYLSSFLVTVVHKFSGGHDPRDWLNKNLNAGKL
Clon Ceres_523548 -----
: : : : : : : : : :

35

Clone_ID_15650 DYFYLI AVLGVVNLVYFWYCARGYRYKVGLPIEDFEEDKSSDDVEMTSKKSME
Clon Ceres_523548 -----
: : : : : : : : : :

40

- gi|16304006|gb|AAL16907.1| transportador de nitratos putativo de baja afinidad [Narcissus pseudonarcissus]

45

Identidad: 48,7%

50

Clone_ID_15650 MTDYNYIDNMQGLITITLTASFQQLHPASCNSQDPLSCGGPNKLQIGVLL
gi|16304006|gb|AAL16907.1| -----
: : : : : : : : : :

55

Clone_ID_15650 LGLCFLSVGSGGIRPCSIPFGVDQFQRTTEGVKGVASFFNWYYMTFTV
gi|16304006|gb|AAL16907.1| -----
: : : : : : : : : :

60

Clone_ID_15650 LIITQTVVVYIQDQVSWIIGFSIPTGLMALAVVMFFAGMKRYVYVKPEGS
gi|16304006|gb|AAL16907.1| -----
: : : : : : : : : :

65

Clone_ID_15650 IFSGIAQVIVAARKKRKLKLP AEDDGTVTYYDPAIKSSVLSKLHRSNQFR
gi|16304006|gb|AAL16907.1| -----
: : : : : : : : : :

Clone_ID_15650 CLDKAAVVIEGDLTPEGPPADKWRLCSVQEVEEVKCLIRIVPIWSAGIIS
gi|16304006|gb|AAL16907.1| -----

ES 2 364 152 T3

* *** * * * * * * ** ** * **
 * *** * * * * * * ** ** * **

Clone_ID_15650 LAAMTTQGTFVTSQALKMDRNLGPKFEIPAGSLSVISLLTIGIFLPFYDR
 qil16304006|gb|AAL16907.1| -----

* * * * *
 * * * * *

Clone_ID_15650 VFVPPFMRRITGHKSGITLLQRIGTGIVFTIFSMIVAGIVERMRRIRSINA
 qil16304006gb|AAL16907.1| -----

*** ** * * ** * *** ** *** ** * * * *

Clone_ID_15650 GDPTGMTPMVSFVWLSPQLILMGLCEAFNIIGQIEFFNSQFPEHMRSIANS
gil16304006|gb|AAL16907.1| -----

QPM^{SVFW}LVPQFFLVGAGEAFCYIGQLDFFLRECPKGMKTMSTG

. ***** **.*.* *** ***,** . *. *....

Clone_ID_15650 LFSLSFAGSSYLSSFLVTVVHKFSGGHDPRDWLNKNLNAGKLDYFYLIA
 aii16304006|ab|AAL16907.1|

MFLSTLSLGFFLSSALVTIVHKVTGESGQGAWL PDDLNRGKLYDFYWLLA

* ... *** ***.*** * . ** ** * ** **.*.*

Clone_ID_15650 VLGVVNLVYFWYCARGYRYKVGLPIEDFEEDKSSDDVEMTSKKSME
 qil163040061ab|AAL16907.1 VI SAVNI VAFI VSARWYVYK-----ENRMTDDG-----

```

g|19861986|y$|A/E19867.1|VEG/A/EV7/A/EVSA/NVTVTR      ENH/MATBDS
** ***** * ** * **. . . *. .*** . .

```

..

- [gi|54306587|gb|AAV33448.1| transportador putativo de nitratos \[Fragaria x ananassa\]](#)

Identidad: 43,1%

Clone_ID_15650 MTDYNYIDNMQGLITITLTASFPQLHPASCNSQDPLSCGGPNKLQIGVLL
 q1|54306587|q1|AAV33448.1| -----

* * * * *

Clone_ID_15650 LGLCLSVSGSGIRPCSIPIFGVDQFDQRTEEGVKGVASFFNWYYMTFTTV
 a|54306587|ab|AAV33448.1| -----

* * * * *

Clone_ID_15650 LIITQTVVVYIQDQVSWIIIGFSIPTGLMALAVVMFFAGMKRYVYVKPEGS
 q1[54306587]ab|AAV33448.1| -----

... ..

Clone_ID_15650 IFSGIAQVIVAARKKRKLKLP AEDDGTVTYYDPAIKSSVLSKLHRSNQFR
 q1|54306587|gb|AAV33448.1| -----

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90	91	92	93	94	95	96	97	98	99	100

Clone_ID_15650 CLDKAAVVIEGDLTPEGPPADKWRLCSVQVEVEVKCLIRIVPIWSAGIIS
 q1[54306587]ab|AAV33448.1| -----

* * * * * * * * * * *
 : : : : : : : : : : :

Clone_ID_15650 LAAMTTQGTFVTSQALKMDRNLGPKFEIPAGSLSVISLLTIGIFLPFYDR
gi|54306587|gb|AAV33448.1| -----

* * * * *
 * * * * *

Clone_ID_15650 VFVPMRRITGHKSGITLLQRIGTGIVFTIFSMIVAGIVERMRRIRSINA
 q1|54306587|gb|AAV33448.1| -----EITGHPAGITQLQRVGIGLVLSAVSMAVAGIVEVKRRNYAL-A

```
... .. ***** .*** *.**.* *.**.. ** ***** ** .. *
```

Clone_ID_15650 GDPTGMPMSVFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQIEFFNSQFPEHMRSIANS
 q1|54306587|qb|AAV33448.1|

HSPLAPGGISLFWLSFQYAIFGIADMTLVGLLEFFYREAPAGMKSLSTS

* .*.**** * ..*. . * ..* .*** . * *.**.. *

ES 2 364 152 T3

	Clone_ID_15650	LFSLSFAGSSYLSSFLVTVVHKFSGGHD	RPDWLNKNLNAGKLDYFYLIA
	gi 54306587 gb AAV33448.1	FTWLSLSFGYFLSSTLLRTH-----	
5		: **:::****: : : : : :	
	Clone_ID_15650	VLGVVNLVYFWYCARGYRYKVGLPIED	FEEDKSSDDVEMTSKKSME
	gi 54306587 gb AAV33448.1	-----	
10		::::: : : : : :	
15			
20			
25			
30			
35			
40			
45			
50			
55			
60			
65			

ES 2 364 152 T3

TABLA III-B

Alineación de secuencias por pares entre cada coincidencia y la secuencia de consulta

5	• Clon Ceres:28423 Organismo:3769 Solapado:1 FL5:1 FL3:1
10	Identidad: 95,5%
15	Clone_ID_121073 MEAEKTPPTTTTTTEKKTEQVKDNDLPTDSPYMATGTLEDYKLKAYGAEVTKSLLLVLV Clon Ceres_28423 MEAGKTPPTTTTTTEKKTEQVKDNDLPTDSPYMATGTLEDYKLKAYGAEVTKSLLLVLV *** ****
20	Clone_ID_121073 APPMLLLLLATHPPPLPPMRKLREKKKDYNNEQVLWIVGKQTHNCSEMFNN Clon Ceres_28423 APPMLLLLLATHPPPLPPMRKSVKKKKDYNNEQVLWIVGKQTHNCSEMFNN *****
25	• Clon Ceres:27437 Organismo:3769 Solapado:1 FL5:1 FL3:1
30	Identidad: 65,8%
35	Clone_ID_121073 MEAEKTPPTTTTTTEKKTEQVKDNDLPTDSPYMATGTLEDYKLKAYGAEVTKSLLLVLV Clon Ceres_27437 MEAGKTPPTTTTTTEKKTEQVKDNDLPTDSPYMATGTLEDYKLKAYGAEGHQEPTPGLGG *****
40	Clone_ID_121073 APP-MLLLLLATHPPPLPPMRKLREKKKDYNNEQVLWIVGKQTHNCSEMFNN Clon Ceres_27437 GXHRCYSYFWRRTRRHYHRCESVKKKKDYNNEQVLWIVGKQTHNCSEMFNN *****
45	• gi 23297118 gb AAN13097.1 proteína desconocida [Arabidopsis thaliana] >gi 21617986 gb AAM67036.1 proteínas abundantes en la embriogénesis tardía [Arabidopsis thaliana] >gi 20197132 gb AAM14932.1 proteína expresada [Arabidopsis thaliana] >gi 25412159 pir G84620 proteína hipotética At2g23120 [importado] - Arabidopsis thaliana >gi 18400173 ref NP_565548.1 proteína expresada [Arabidopsis thaliana]
55	Identidad: 98,0%
60	Clone_ID_121073 MEAEKTPPTTTTTTEKKTEQVKDNDLPTDSPYMATGTLEDYKLKAYGAEV gi 23297118 gb AAN13097.1 MEAGKTPPTTTTTTEKKTEQVKDNDLPTDSPYMATGTLEDYKLKAYGAEG *** ****
65	Clone_ID_121073 TKSLLLVLVAPPMLLLLLATHPPPLPPMRKLREKKKDYNNEQVLWIVGK gi 23297118 gb AAN13097.1 HQ-----EPTP---GLGGGSTDAPTPSGDAPAATTTDAKAP-----

ES 2 364 152 T3

:* : * : . ** : : : :

Clone_ID_121073 QTHNCSMFNN
gi|23297118|gb|AAN13097.1| -----
::

- **Clon Ceres:22390|11891|23006|9284 Organismo:3769 Solapado:1 FL5:1 FL3:1; Organismo:3769 Solapado:1 FL5:1 FL3:1; Organismo:3769 Solapado:1 FL5:1 FL3:1; Organismo:3769 Solapado:1 FL5:1 FL3:1**

Identidad: 98,0%

Clone_ID_121073
MEAEKTPPTTTTTEKKTEQVKDNDLPTDSPYMATGTLEDYKLKAYGAEV
Clon Ceres_22390|11891|23006|9
MEAGKTPPTTTTTEKKTEQVKDNDLPTDSPYMATGTLEDYKLKAYGAEG

*** *****

Clone_ID_121073
TKSLLLVLVAPPMLLLLATHPPPLPPMRKLREKKKDYNNEQVLWIVGK
Clon Ceres_22390|11891|23006|9 HQ-----EPTP---GLGGGSTDAPTPSGDAPAATTTDAKAP-----
:* : * : . ** : : : :

Clone_ID_121073 QTHNCSMFNN
Clon Ceres_22390|11891|23006|9 -----
::

- **Clon Ceres:206407 Organismo:3769 Solapado:1 FL5:1 FL3:1**

Identidad: 98,0%

Clone_ID_121073
MEAEKTPPTTTTTEKKTEQVKDNDLPTDSPYMATGTLEDYKLKAYGAEVTKSLLLVLV
Clon Ceres_206407 MEAGKTPPTTTTTEKKTEQVKDNDLPTDSPYMATGTLEDYKLKAYGAEGHQ-
-----EP

*** ***** :*

Clone_ID_121073 APPMLLLLATHPPPLPPMRKLREKKKDYNNEQVLWIVGKQTHNCSMFNN
Clon Ceres_206407 TP---GLGGGSTDAPTPSGDAPAATTTDAKAP-----
: * : * : . ** : : : : :

- **Clon Ceres:9937 Organismo:3769 Solapado:1 FL5:1 FL3:1**

Identidad: 98,0%

ES 2 364 152 T3

Clone_ID_121073
 MEAEKTPPTTTTTTEKKTEQVKDNDLPTDSPYMATGTLEDYKLKAYGAEVTKSLLLVEV
 Clon Ceres_9937
 MEAGKTPPTTTTTTEKKTEQVKDNDLPTDSPYMATGTLEDYKLKAYGAEGHQEPTPGLGG
 *** ***** : *

Clone_ID_121073 APPMLLLLATHPPPLPPMRKLREKKKDYNNEQVLWIVGKQTHNCSMFNN
 Clon Ceres_9937 GS-----TNAPTPSGDAPAATTTDAKAP-----
 .. : : * . * . : * : : :

- **Clon Ceres:26935 Organismo:3769 Solapado:1 FL5:1 FL3:1**

Identidad: 98,0%

Clone_ID_121073
 MEAEKTPPTTTTTTEKKTEQVKDNDLPTDSPYMATGTLEDYKLKAYGAEVTKSLLLVEV
 Clon Ceres_26935 MEAGKTPPTTTTTTEKKTEQVKDNDLPTDSPYMATGTLEDYKLKAYGAEGHQ---
 ---EP
 *** ***** : : : *

Clone_ID_121073 APPMLLLLATHPPPLPPMRKLREKKKDYNNEQVLWIVGKQTHNCSMFNN
 Clon Ceres_26935 TP---GLGGGSTDAPTPSGDAPAATTTDAKAP-----
 : * : : . : * . : * : : : :

- **gi|13877897|gb|AAK44026.1| proteína desconocida [Arabidopsis thaliana]**

Identidad: 95,9%

Clone_ID_121073 MEAEKTPPTTTTTTEKKTEQVKDNDLPTDSPYMATGTLEDYKLKAYGAEV
 gi|13877897|gb|AAK44026.1|
 MEAGKTPPTTTTTTEKKTEQVKDNDLPTDSPYMATGTLEDHKLKAYGAEG
 *** ***** : *****

Clone_ID_121073 TKSLLLVEVAPPMLLLLATHPPPLPPMRKLREKKKDYNNEQVLWIVGK
 gi|13877897|gb|AAK44026.1| HQ-----EPTP---GLGGGSTDAPTPSGDAPAATTTDAKAP-----
 : : : * : * : : * . : * : : :

Clone_ID_121073 QTHNCSMFNN
 gi|13877897|gb|AAK44026.1| -----
 : :

- **Clon Ceres:39986 Organismo:3769 Solapado:1 FL5:1 FL3:1**

Identidad: 95,9%

ES 2 364 152 T3

Clone_ID_121073
 MEAEKTPPTTTTTTEKKTEQVKDNDLPTDSPYMATGTLEDYKLKAYGAEVTKSLLLVLV
 Clon Ceres_39986 MEAGKTPPTTTTTTENKTEQVKDNDLPTDSPYMATGTLEDYKLKAYGAEGHQ---
 ---EP

*** *****.****** :*

Clone_ID_121073 APPMLLLLLLATHPPPLPPMRKLREKKKDYNNEQVLWIVGKQTHNCSEMFNN
 Clon Ceres_39986 TP---GLGGGSTDAPTPSGDAPAATTDDAKAP-----

:*::* :.*. ...*: :: ::

- **Clon Ceres:953104 Organismo:3708 Solapado:1 FL5:1 FL3:1**

Identidad: 64,0%

Clone_ID_121073 MEAEKTPPTTTTTTEKKTEQVKDNDLPTDSPYMA-
 TGTLEDYKLKAYGAEVTKSLLLVLV
 Clon Ceres_953104
 MEAEKIPPAATTTTEKKPEQEVKNDDLPTNSPYVDESGSLEDYKMKAYGAQGHQEVKAGLG

***** **.****.* ..**.****.*. *.***.****.*. :: *

Clone_ID_121073 VAPPMLLLLLLATHPPPLPPMRKLREKKKDYNNEQVLWIVGKQTHNCSEMFNN
 Clon Ceres_953104 GGS-----TDAPTPSGGVTTATAEKAP-----

.. ::::: *. * :. * :: ::

ES 2 364 152 T3

TABLA III-C

Alineación de secuencias por pares de entre cada coincidencia y la secuencia de consulta

5	gi 25403008 pir C86382 probable proteína ribosómica ácida 60S PO [importado] - Arabidopsis thaliana >gi 11067271 gb AAG28799.1 proteína desconocida [Arabidopsis thaliana]
10	Identidad: 98,3%
15	Clone_ID_6288 MPKSKRDRPVTLSKTKKKGREHKECIVNGIREAVEKYSSVYVFSFENMRN gi 25403008 pir C86382 MPKSKRDRPVTLSKTKKKGREHKECIVNGIREAVEKYSSVYVFSFENMRN *****
20	Clone_ID_6288 IKFKEFRQQFRHNGKFFLGSNKVMQVALGRSAEDELRSIGYKVSLLRGD gi 25403008 pir C86382 IKFKEFRQQFRHNGKFFLGSNKVMQVALGRSAEDELRSIGYKVSLLRGD *****
25	Clone_ID_6288 TGLLVTDMPKEEVESLFNAYEDSDFSRTGSIIVETVELKEGPLEQFTHM gi 25403008 pir C86382 TGLLVTDMPKEEVESLFNAYEDSDFSRTGSIIVET----EGPLEQFTHM *****
30	Clone_ID_6288 EPLLRLKLEMPVRLNKGTVLADVFVCEEGLSPKSAHILRLRMKMAT gi 25403008 pir C86382 EPLLRLKLEMPVRLNKGTVLADVFVCEEGLSPKSAHILRLRMKMAT *****
35	Clone_ID_6288 FKLNLRCRWSPSDFELYREDLSELYREDLSDVETS gi 25403008 pir C86382 FKLNLRCRWSPSDFELYREDLSELYREDLSDVETS *****
40	Clon Ceres:708745 Organismo:3847 Solapado:1 FL5:1 FL3:1
45	Identidad: 69,8%
50	Clone_ID_6288 MPKSKRDRPVTLSKTKKKGREHKECIVNGIREAVEKYSSVYVFSFENMRNIKFKEFRQQF Clon Ceres_708745 MPKSKRNQVTLSTKTKKKGRDHKETIVNGIKDAAEKYGHVYVFSFENMRNQKFKEFRDQL *****
55	Clone_ID_6288 RHNGKFFLGSNKVMQVALGRSAEDELRSIGYKVSLLRGDTGLLVTDMPKEEVESLFNAY Clon Ceres_708745 KSSSRFFLGSNKVMQVALGRSASDEIRPGLHKVSKLLRGDSGMVFTNLSKEEVERLFKEF
60	Clone_ID_6288 EDSDFSRTGSIIVETVELKEGPLEQFTHMEPLLRLKLEMPVRLNKGTVLADVFVCEEGL Clon Ceres_708745 EEYDFARTGSNATEKVDLKEGPLEQFTHMEPFLRKQGMVRLNKGTVLADVFVCEEGL
65	Clone_ID_6288 KQLSPKSAHILRLRMKMATFKLNLRCRWSPSDFELYREDLSELYREDLSDVETS Clon Ceres_708745 KPLSPEASRILRLMGIKMATFRLSLICRWSPDEFELYIDGP-----DESDIECS

ES 2 364 152 T3

- **Clon Ceres:630284 Organismo:4565 Solapado:1 FL5:1 FL3:1**

5

Identidad: 60,3%

10

```
Clone_ID_6288      MPKSKRDRPVTLSKTKKK-
GREHKECIVNGIREAVEKYSSVYVFSFENMRNIKFKEFRQQ
Clon Ceres_630284
MPKSKRNRSVTLSKTKKKPGLERKGKVVEIKDAIERHSSAYVFTYNNMRNQKLKDLRDQ
*****
..
```

15

```
Clone_ID_6288
FRHNGKFLLGSNKVMQVALGRSAEDELRSIGYKVSLLRGDTGLLVTDMPKEEVESLFNA
Clon Ceres_630284
LKSSSRIFLAGKKVMQIALGRSPADEAKTGLHKLKSKFLQGASGLLFTNLPRDDVERLFRE
..
..
```

20

```
Clone_ID_6288
YEDSDFSRTGSIAVETVELKEGPLEQFTHEMEPLLKLEMPVRLNKGTVELVADFVCEE
Clon Ceres_630284
FEVNDFARTGSIATQTVELKEGPLEQFSHEMEPFLRKQGLPVRLNKGVVVELVADHVCEE
.*
.*
```

25

```
Clone_ID_6288
GKQLSPKSAHILRLRMKMATFKLNLLCRWSPSDFELYREDLSELYREDLSDVETS
Clon Ceres_630284  GKPLSPEAAHTLRVLGTMATFRLYLVCRWSSDDFEVYKEGLAHLGGEEAD--
ESS
**
..
```

30

35

- **Clon Ceres:223083 Organismo:311987 Solapado:1 FL5:1 FL3:1**

40

Identidad: 60,6%

45

```
Clone_ID_6288      MPKSKRDRPVTLSKTKKK-
GREHKECIVNGIREAVEKYSSVYVFSFENMRNIKFKEFRQQ
Clon Ceres_223083
MPKSKCNRPVTLSKTKKKPGLERKGKVVAEIKDAVDKYSSAYVFTYDNMRNQKLKDLREQ
*****
..
```

50

```
Clone_ID_6288
FRHNGKFLLGSNKVMQVALGRSAEDELRSIGYKVSLLRGDTGLLVTDMPKEEVESLFNA
Clon Ceres_223083
LKSSSRIFLAGKKVMQIALGRSPADEAKTGLHKLKSKFLQGNGLLFTNLPRDDVERMFRE
..
..
```

55

```
Clone_ID_6288
YEDSDFSRTGSIAVETVELKEGPLEQFTHEMEPLLKLEMPVRLNKGTVELVADFVCEE
Clon Ceres_223083
FEEHDFARTGSTAADTVELKEGPLEQFTHEMEPFLRKQGLPVRLNKGVVVELVADHVCEE
.*
.*
```

60

```
Clone_ID_6288
GKQLSPKSAHILRLRMKMATFKLNLLCRWSPSDFELYREDLSELYREDLSDVETS
Clon Ceres_223083  GKPLSPEAAQTLRLGLIQMATFRLYLVCRWSSDEFEAYKEGLMHLGADDSS----
-
```

65

ES 2 364 152 T3

,*, *,****,* *,****,***,* * *,* *,

5

- **Clon Ceres:1095586 Organismo:3708 Solapado:0 FL5:1**

10

Identidad: 92.8%

15

Clone_ID_6288
MPKSKRDRPVTLSKTKKKGREHKECIVNGIREAVEKYSSVYVFSFENMRNIKFKEFRQQF
Clon Ceres_1095586
MPKSKRDRPVTLSKTKKKGREHKECIVNGIREAVEKYSSVYVFSFENMRNIKFKEFRQQF

20

Clone_ID_6288
RHNGKFFLGSNKVMQVALGRSAEDELRSIGYKVSLLRGDTGLLVTDMPKEEVESLFNAY
Clon Ceres_1095586
RHNGRFFLGSNKVMQVALGRSASDEICPGIFKASKLLHGDAGLLVTDMPKEEVESLFNAY
****,***** ***, **, ****,*,*****

25

Clone_ID_6288
EDSDFSRTGSI AVETVELKEGP LEQFTHEMEPLLRKLEMPVRLNKGTVELVAD FV VCEE G
Clon Ceres_1095586 EDSDFSRTGSTAVETVELK-----

30

Clone_ID_6288
KQLSPKSAHILRLRMKMATFKLNLRCRWSPSDFELYREDLSELYREDLSDVETS
Clon Ceres_1095586 -----
 : ::: : : :

35

- Clon Ceres:1588423 Organismo:311987 Solapado:0 FL5:1

40

Identidad: 59.9%

45

Clone_ID_6288 MPKSKRDRPVTLSTKTKK-
GREHKECIVNGIREAVEKYSSVYVFSFENMRNIKFKEFRQQ
Clon Ceres_1588423
MPKSKRNRPVTLSTKTKKKGLEKRGKVVAEIKDAVDKYSSAYVFTYDNMRNQKLDLREQ

55

Clone_ID_6288
FRHNGKFFLGSNKVMQVALGRSAEDELRSGIYKVSKLLRGDTGLLVTDMPKEEVESLFNA
Clon Ceres_1588423
LKSSSRIFLAGKKVMQIALGRSPADEAKTGLHLKLSKFLOGNSGLLFTNLPRDDVERMFRE
..**.*.....** ..-..*...*...*...*...*...*

60

Clone_ID_6288
YEDSDFSRTGSIAVETVELKEGPLEQFTHEMEPLLKLEMPVRLNKGTVELVADFVVCEE
Clon Ceres_1588423 FEEHDFARTGSTAIDTVELKEGPLEQFTHEMEPFLRKQGLPVRLKQGX-----
CRV

*.******,*****.*** **..**

65

Clone_ID_6288
GKQLSPKSAHILRLRLMKMATFKLNLLCRWSPSDFELYREDLSELYREDLSDVETS
Clon Ceres_1588423 G-----CR--PCSL-----
* :** * : : :

ES 2 364 152 T3

- **Clon Ceres:522426 Organismo:3847 Solapado:1 FL5:1 FL3:1**

5

Identidad: 72,1%

10

Clone_ID_6288
MPKSKRDRPVTLSKTKKKGREHKECIVNGIREAVEKYSSVYVFSFENMRNIKFKEFRQQF
Clon Ceres_522426
MPKSKRNRQVTLSKTKKKGRDHKETIVNGIKDAAEKYGCYVYVFSFENMRNQKLKEFREQL

15

*****.* *****.* ** *****.* *****.*

20

Clone_ID_6288
RHNGKFFLGSNKVMQVALGRSAEDELRSYIYKVSLLRGDTGLLVTDMPKEEVESLFNAY
Clon Ceres_522426
KSNSRFFLGSNKVMQVALGRSASDEIRPGLHKVSKLLRGDSGMFFTNLSKEEVERLFKEF

. * .*****.* * * .*****.* * . ***** * . :

25

Clone_ID_6288
EDSDFSRTGSIIVETVELKEGPLEQFTHEMEPLLRKLEMPVRLNKGTVELVADFVVEEG
Clon Ceres_522426 EEYDFARTGSIATEKV-----IGVSSYDYDFFIQH-G

* . * .***** * * . : : : : : * . * . : *

30

Clone_ID_6288 KQLSPKSAHILRLRMKMATFKLNLLCRWSPSDFELYREDLSELYREDLSDVETS
Clon Ceres_522426 MVLGPLGG-----SCKTAIETSNL-----

* * .. : : * * .** : : : : :

35

- **Clon Ceres:1034486 Organismo:3708 Solapado:0 FL5:1**

40

Identidad: 87,5%

45

Clone_ID_6288
MPKSKRDRPVTLSKTKKKGREHKECIVNGIREAVEKYSSVYVFSFENMRNIKFKEFRQQF
Clon Ceres_1034486
MPKSKRDRPVTLSKTKKKGREXKETXVNGIREAXEKYSSVYVFSFENMRNIKFKEFRQQF

*****.* *****.* *****.* *****.*

50

Clone_ID_6288
RHNGKFFLGSNKVMQVALGRSAEDELRSYIYKVSLLRGDTGLLVTDMPKEEVESLFNAY
Clon Ceres_1034486
RHNGXXFLGSNKVMQVALGRSASDEMHPGXFKVSKMLRGDAGLLVTDMPKEE-----

**** *****.* * . * .*****.* *****.* :

55

Clone_ID_6288
EDSDFSRTGSIIVETVELKEGPLEQFTHEMEPLLRKLEMPVRLNKGTVELVADFVVEEG
Clon Ceres_1034486 -----

: : : : : : : : : : :

60

Clone_ID_6288
KQLSPKSAHILRLRMKMATFKLNLLCRWSPSDFELYREDLSELYREDLSDVETS
Clon Ceres_1034486 -----

: : : : : : : : : :

65

ES 2 364 152 T3

- **Clon Ceres:807367|559547 Organismo:3847 Solapado:0 FL5:0; Organismo:3847 Solapado:1 FL5:1 FL3:1**

5

Identidad: 63,8%

10

```
Clone_ID_6288      MPKSKRDRPVTLSKTKKKGREHKECIVNGIREAVEKYSSVYVFSFENMRN
Clon Ceres_807367|559547
MPXXKRNRQVTXSKTKKKGRDHKETIVNGIKDXAEKYGXVYVFXFEXMRN
** *.* ** *****.* ** ** ** **
```

15

```
Clone_ID_6288      IKFKEFRQQFRHNGKFFLGSNKVMQVALGRSAEDELRSIGYKVSLLRGD
Clon Ceres_807367|559547
QKXKEFRXQLKSXSRRFFXSNNKVMQVALXRAXDEIRXGLXKVSLLRGD
* **** *.. ** ***** * * *.* *. *****
```

20

```
Clone_ID_6288      TGLLVTDMPKEEVESLFNAYEDSDFSRTGSIAVETVELKEGPLEQFTHM
Clon Ceres_807367|559547
SGMXFTNLXKEEVERLFKEFEXYDFARTGSXATEKVDLKEGXXXAIHX--
.*. *. ***** *.* *.***** * *.***** : :
```

25

```
Clone_ID_6288      EPLLRLKLEMPVRLNKGTVELVADFVCEEGKQLSPKSAHILRLLRMKMAT
Clon Ceres_807367|559547 -----
: : : : : : : : : : : : : : : :
```

30

```
Clone_ID_6288      FKLNLLCRWSPSDFELYREDLSELYREDLSDVETS
Clon Ceres_807367|559547 -----
: : : : : : : : : :
```

35

- **Clon Ceres:1037605 Organismo:3708 Solapado:0 FL5:1**

40

Identidad: 81,0%

45

```
Clone_ID_6288      MPKSKRDRPVTLSKTKKKGREHKECIVNGIREAVEKYSSVYVFSFENMRNIKFEFRQQF
Clon Ceres_1037605
MPKSKRDRTVTLXKKKKXREHKEIIVNGIXEAVEKHTSVYVFSFENMRNIKFEFRNQF
*****.* ** ***** *****.******.*
```

50

```
Clone_ID_6288      RHNGKFFLGSNKVMQVALGRSAEDELRSIGYKVSLLRGDTGLLVTDMPKEEVESLFNAY
Clon Ceres_1037605 RHTGRFFLGSNKVMQVXLGRSASDEIRPGIFXVSKLLHXDA-----
*.******.* ** *.* ** ** ** **
```

55

```
Clone_ID_6288      EDSDFSRTGSIAVETVELKEGPLEQFTHMEPLLRLKLEMPVRLNKGTVELVADFVCEEG
Clon Ceres_1037605 -----
: : : : : : : : : : : : : : :
```

60

```
Clone_ID_6288      KQLSPKSAHILRLLRMKMATFKLNLLCRWSPSDFELYREDLSELYREDLSDVETS
Clon Ceres_1037605 -----
: : : : : : : : : :
```

65

ES 2 364 152 T3

TABLA III-B

Alineación de secuencias por pares entre cada coincidencia y la secuencia de consulta

- **gi|12248009|gb|AAG50096.1| IAA14 [Arabidopsis thaliana] >gi|22328628|ref|NP_193191.2| proteína de la familia AUX/IAA con respuesta a la auxina [Arabidopsis thaliana]
>gi|46395697|sp|Q38832|IAA14_ARATH Proteína IAA1 con respuesta a la auxina 4 (proteína inducida por ácido indolacético 14) (proteína SOLITARY-ROOT)**

Identidad: 82,8%

```
Clone_ID_38286      MIGQLMNLKATELCGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQS
gi|12248009|gb|AAG50096.1|      -----
MNLKETELCGLPGGTETVESPAKSGVGNKRGFSETVDLKLNLQS
      .. ***** .....***** ** ***** *****
```

```
Clone_ID_38286
NKEGSVDLKNVSAVPKEKTTLKDPSKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNMMTQQ
gi|12248009|gb|AAG50096.1|      NKQGHVDLN-
TNGAPKEKTFKDPSPKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNVMANQ
      *** * *** .....***** .....*..*
```

```
Clone_ID_38286
KTSSGAEEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLKVDLKMYSYQD
gi|12248009|gb|AAG50096.1|      KSGE-AEEAMSS-----GGGTV--
AFVKVSMDGAPYLKVDLKMYSYKD
      *.. *** * .....***** .....*
```

```
Clone_ID_38286
LSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKDGD
gi|12248009|gb|AAG50096.1|
LSDALAKMFSSFTMGSYGAQGMIDFMNESKVMDDLNSSEYVPSYEDKDGD
      ***** .....*.....*****
```

```
Clone_ID_38286      WMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCKNRS
gi|12248009|gb|AAG50096.1|      WMLVGDVPWPMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKF-KNRS
      ***** .....*****
```

- **gi|7442224|pir||H71407 proteína inducida por auxina - Arabidopsis thaliana**

Identidad: 82,7%

```
Clone_ID_38286      MIGQLMNLKATELCGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQS
gi|7442224|pir||H71407      -----MNLKETELCGLPGGTETVESPAKSGVGNKRGFSETVDLKLNLQS
      .. ***** .....***** ** ***** *****
```

```
Clone_ID_38286      NKEGSVDLKNVSAVPKEKTTLKDPSKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNMMTQQ
gi|7442224|pir||H71407      NKQGHVDLN-
TNGAPKEKTFKDPSPKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNVMANQ
      *** * *** .....***** .....*..*
```

```
Clone_ID_38286      KTSSGAEEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLKVDLKMYSYQD
gi|7442224|pir||H71407      KSGE-AEEAMSS-----GGGTV--AFVKVSMDGAPYLKVDLKMYSYKD
      *.. *** * .....***** .....*
```


ES 2 364 152 T3

Clone_ID_38286 LSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKDGD
gi|7442224|pir||H71407 LSDALAKMFSSFTMGSYGAQGMIDFMNESKVMDDLNSSEYVPSYEDKDGD

Clone_ID_38286 WMLVGDPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCKNRS
gi|7442224|pir||H71407 WMLVGDPWPMFVESCKRLRIMKGSEAIGLGKFSFLFVS----

- gi|7268161|emb|CAB78497.1| Proteína similar a la IAA7 [Arabidopsis thaliana]
>gi|5302771|emb|CAB46059.1| Proteína similar a la IAA7 [Arabidopsis thaliana]
>gi|25296229|pir||C85159 Proteína similar a la IAA7 [importado] - Arabidopsis thaliana

Identidad: 82,7%

Clone_ID_38286 MIGQLMNLKATELCLGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQS
gi|7268161|emb|CAB78497.1| -----
MNLKETELCLGLPGGTETVESPAKSGVGKRGFSETVDLKLNLQS
.. *****

Clone_ID_38286 NKEGSVDLKNVSAVPKEKTTLDPSKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNMMTQQ
gi|7268161|emb|CAB78497.1| NKQGHVDLN-
TNGAPKEKTLKDPKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNVMANQ
*** **

Clone_ID_38286 KTSSGAEEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKMYSYQD
gi|7268161|emb|CAB78497.1| KSGE-AEEAMSS-----GGGTV--
AFVKVSMGAPYLRKVDLKMYSYKD
*.. *****

Clone_ID_38286 LSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKDGD
gi|7268161|emb|CAB78497.1|
LSDALAKMFSSFTMGSYGAQGMIDFMNESKVMDDLNSSEYVPSYEDKDGD

Clone_ID_38286 WMLVGDPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCKNRS-----
gi|7268161|emb|CAB78497.1|
WMLVGDPWPMFVESCKRLRIMKGSEAIGLGKFSFLFVSISGSFLFFQ

- Clon Ceres:566396 Organismo:3847 Solapado:1 FL5:1 FL3:1

Identidad: 74,1%

Clone_ID_38286 ---MIG--QLMNLKATELCLGLPGG-----AEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLML
Clon Ceres_566396 MATMLTKEHGLNLKETELCLGLPGGGGGGGGGGGGGGGGEVETPRATG-
KRGFSETVDLKL
*.. *****

Clone_ID_38286 NLQSNKEGSVDLKNVSAVPKEKTTLDPSKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNMMTQQKTSSGA

ES 2 364 152 T3

Clon Ceres_566396 NLHSKEDLNENLKNVS---
KEKTLTKDPAKPPAKAQVVGWPPVRSYRKNMMAVQKVST--

... ** . **** ***** ***** ***** . ** *.
..

Clone_ID_38286
EEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKMYSYQDLSDALAKMFSSFTMGN
Clon Ceres_566396 -EDVAEKT--
SSTANPGAFVKVSMDGAPYLRKVDLTMYSYKELSDALAKMFSSFTMGN

* ** . .. * .. ***** ***** ***** *****
..

Clone_ID_38286
YGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGSE
Clon Ceres_566396
YGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGSE

.

Clone_ID_38286 AIGLAPRAMEKYCKNRS
Clon Ceres_566396 AIGLAPRAMEK-CKSRS

***** ** **
.

- gi|20269059|emb|CAC84710.1| proteína aux/IAA [Populus tremula x Populus tremuloides]

Identidad: 65,7%

Clone_ID_38286 -----MIG---QLMNLKATELCLGLPGA---EAVESPAKSAVGSKRGFS
gi|20269059|emb|CAC84710.1| MATATVLGTERADLNYKATELCLGLPGA VGVKNEVETPNK-ATG-
KRGFA

..* ..* ***** .. : ** * * * *
.. ..

Clone_ID_38286 ETVDLMLNLQSNKEGSVDL-KNVSAVPKE-----KTTLKDPSKPPAKAQ
gi|20269059|emb|CAC84710.1| ETVDLKLNLA-
KEGVMDLNNIINNIASEDKNHLPSATIKDPAKPPAKAQ

***** ***** ** ** * ..* ..*
.. ..

Clone_ID_38286 VVGWPPVRNYRKNMNTQQTSSG-----AEEASSE
gi|20269059|emb|CAC84710.1|
VVGWPPVRSYRKNVLAQKNASEEGFGAQVEGWPPVRSYRKNVLVQKNASE

***** ***** ..* ..*
.. ..

Clone_ID_38286
KAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKMYSYQDLSDALAKMFSSS
gi|20269059|emb|CAC84710.1|
EGEKASTGGCSAAFVKVCMDGAPYLRKVDLKMYSYQELSDALAKMFSSL

.. . * * * ***** *****
.. ..

Clone_ID_38286
TMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKGDWMLVGDVPWEMF
gi|20269059|emb|CAC84710.1|
TMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKGDWMLVGDVPWEMF

.

Clone_ID_38286 VESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCKNRS
gi|20269059|emb|CAC84710.1| VDSCRPRIMKGSEAVGLAPRAMEK-CKSRT

*.**** ***** ***** ** *.
.

- gi|4887020|gb|AAD32146.1| proteína deducida de Nt-iaa28 [Nicotiana tabacum]

ES 2 364 152 T3

5 Identidad: 68,1%

10 Clone_ID_38286 ---MIG-----QLMNLKATELCLGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGFSET
gi|4887020|gb|AAD32146.1|
MTSVMGAECDKIQLDYEAETELRLGLRSAINGNEGEMTSKNNGKRVFSET
..* ** *** ** . * * *
..

15 Clone_ID_38286
VDLMLNLQSNKEGSVDLKNVSAVPKEKTTLKDPSKPPAKAQVVGWPPVRN
gi|4887020|gb|AAD32146.1| VDLKLNLS-
KDSTVDNQVDNIKEKKNIAPTDPAKPPAKAQVVGWPPVRS
*** ** * ..**

20 Clone_ID_38286
YRKNMMTQQTSSGAEEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVD
gi|4887020|gb|AAD32146.1| FRKNVLTQKNSTGNNESS-----GGGAA---FVKVSVDGAPYLRKVD
.***..* ** *..* *..* .***** .*****

25 Clone_ID_38286
LKMYKSYQDLSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYV
gi|4887020|gb|AAD32146.1|
LKMYKSYQQLSDALGKMFSSFTIGNCGTHGFKDFMNESKLIDLLNGSDYV
*****.***** .*****.* ..* .*****.*** *..*

30 Clone_ID_38286
PSYEDKGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCKN
gi|4887020|gb|AAD32146.1| PTYEDKGDWMLVGDVPWEMFVDSCKRLRIMKGSEAIGLAPRAVEK-
CKN
*.*****.*****.*****.* ** *

35 Clone_ID_38286 RS
gi|4887020|gb|AAD32146.1| RS
**

40

- gi|53748471|emb|CAH59413.1| proteína con resistencia a la auxina [Plantago mayor]

45 Identidad: 66,9%

50 Clone_ID_38286 MIG--QLMNLKATELCLGLPGGAEAV-ESPAKSAVGSKRGFSETVDLMLN
gi|53748471|emb|CAH59413.1|
MVESCTKMNFEEETELRLGLPGGAAAAGEKTTNNNNYGKRGYEQTVDLKLN
* . **.. *** ***** * * .. .***.***** **

55 Clone_ID_38286
LQSNKEGSVDLKNVSAVPKEKTTLKDPSKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNMM
gi|53748471|emb|CAH59413.1| LSSK-----DLPNQTDLAENKKNDQ-
PVKPPAKAQVVGWPPVRNFRKNVM
.. .*** .:..* .: * *****.***.*

60 Clone_ID_38286
TQQKTSSGAEEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKMYKS
gi|53748471|emb|CAH59413.1| AVQKT-----EKAEESSGSA---FVKVSMDGAPYLRKVDLKMYKT
: *** : ** * : ** * :*****

65 Clone_ID_38286
YQDLSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDK

ES 2 364 152 T3

gi|53748471|emb|CAH59413.1|
YEELSDALGKMFSSFTMSKCDAGMMDFMNESKLMDLLNGSDYVPTYEDK

*..***** .. ***** .. *****

Clone_ID_38286 DGDWMLVGDVPWEMFVESCRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCKNRS
gi|53748471|emb|CAH59413.1| DGDWMLVGDVPWEMFVGSCRLRIMKGTEAIGLAPRAMEK-
CKSRS

***** ***** ** *

- **Clon Ceres:556734 Organismo:3847 Solapado:1 FL5:1 FL3:1**

Identidad: 65,2%

Clone_ID_38286 MIGQLMNLKATELCLGLPG-GAEAVESPAKSAVGS-KRGFSET-----
VDLMLNLQSN
Clon Ceres_556734 MVFEETELR-
LGLRLCLPGNGTTATTEAAAAELGVRKRGFSETETDETATVDLMLNLSPK

.... ***** * ..*.. ***** ..*

Clone_ID_38286 KEGSVD----LKNVSAVPKEKTTLK-
DPSKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNMMTQQKTSSGA
Clon Ceres_556734
EAAAADGADPREPKTSPKEKTL LLPPAKPPAKAQVVGWPPVRSFRKNMFAAQK-SSGG

:..* .. ***** * ..***** ..***** ** *

Clone_ID_38286
EEASSEKAGNFGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKMYSYQDLSDALAKMFSSFTMGN
Clon Ceres_556734 EES--EKS-----
SPNASFVKVSMDGAPYLRKVDLKMYSYPELSDALGKMFSSFTIGN

..*.. : ..*..*** ..***** ..*****

Clone_ID_38286
YGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKDGDWMLVGDVPWEMFVESCRLRIMKGSE
Clon Ceres_556734
CESQGFKDFMNESKLMDLLNSSDYVPTYEDR DGDWMLVGDVPWEMFVESCRLRIMKGKE

. **.*****.***.***.***** ***** *

Clone_ID_38286 AIGLAPRAMEKYCKNRS
Clon Ceres_556734 AIGLAPRAVEK-CKNRS

*****..** *****

- **Clon Ceres:520455 Organismo:3847 Solapado:1 FL5:1 FL3:1**

Identidad: 65,6%

Clone_ID_38286 MIGQLMNLKATELCLGLPGGAEAVESPAKSAVGS-KRGFSET-----VDLMLNLQ-
--
Clon Ceres_520455 MVFEETELR-
LGLRLCLPGNGAAPTTEAAAAELGVRKRGFSETETDETTSVDLMLNLSPKE

.... ***** * ..*.. ***** ..*

Clone_ID_38286 ----SNKEGSVDLKNVSAVPKEK-
TLKDPSKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNMMTQQKTSS

ES 2 364 152 T3

Clon Ceres_520455
ASAAATTDGADPRENPKTSPKDKNLPLDPAKPPAKAQVVGWPPVRSFRKNMFAAQK-SS

5
...*: .* .**.* .**.******.***** ** **

Clone_ID_38286
GAEEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKMYSYQDLSDALAKMFSSFTM
Clon Ceres_520455 GGEES--EKN-----
SPNASFVKVSMDGAPYLRKVDLKMYSYPELSDALGKMFSSTI

10
.* ** : .*.***.*****.*****.

Clone_ID_38286
GNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKGDGDMVLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKG
Clon Ceres_520455
GNCESQGFKDFMNESKLMNLLNSDYVPTYEDRDGDMVLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKG

15
.*.***.*****.*****.*****.*****.

Clone_ID_38286 SEAIGLAPRAMEKYCKNRS
Clon Ceres_520455 KEAIGLAPRAVEK-CKNRS

20
*****.* *****

- gi|972931|gb|AAC49055.1| IAA14

25

Identidad: 84,4%

30

Clone_ID_38286 MIGQLMNLKATELCGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQS
gi|972931|gb|AAC49055.1| -----
:: :: : : : : :

35

Clone_ID_38286
NKEGSVDLKNVSAVPKEKTTLKDPSKPPAKAQVVGWPPVRYRKNMNTQQ
gi|972931|gb|AAC49055.1| -----LKDPSKPPAKAQVVGWPPVRYRKNVMANQ
: : : *****.*.*

40

Clone_ID_38286
KTSSGAEEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKMYSYQD
gi|972931|gb|AAC49055.1| KSGE-AEEAMSS----GGGTV--AFVKVSMDGAPYLRKVDLKMYSYKD
*.. ***** .***.*****.*.*

45

Clone_ID_38286 LSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKGDG
gi|972931|gb|AAC49055.1|
LSDALAKMFSSFTMGSYGAQGMIDFMNESKVMNLLNSSEYVPSYEDKGDG
*****.******.

50

Clone_ID_38286 WMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCKNRS
gi|972931|gb|AAC49055.1| WMLVGDVPWPMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKF-KNRS
***** *****.* ****

55

- gi|2119765|pir||S58501 proteína inducida por auxina IAA14 - Arabidopsis thaliana (fragmento)

60

Identidad: 83,8%

65

Clone_ID_38286 MIGQLMNLKATELCGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQS
gi|2119765|pir||S58501 -----
:: :: : : : : :

ES 2 364 152 T3

5 Clone_ID_38286 NKEGSVDLKNVSAVPKEKTTLKDPSKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNMMTQQ
gi|2119765|pir||S58501 -----LKDPSKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNVMANQ
:: :: *****:..*

10 Clone_ID_38286 KTSSGAEEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKMYSYQD
gi|2119765|pir||S58501 KSGE-AEEAMSS-----GGGTV--AFVKVSMDGAPYLRKVDLKMYSYQD
*.. **** * .***.***** **.*

Clone_ID_38286 LSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKDGD
gi|2119765|pir||S58501 LSDALAKMFSSFTMGSYGAQGMIDFMNESKVMDLLNSFEYVPSYEDKDGD
*****.*****.*****

15 Clone_ID_38286 WMLVGDPWEMFVESCRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCKNRS
gi|2119765|pir||S58501 WMLVGDPWPMFVESCRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKF-KNRS
***** *****.****

20

- **Clon Ceres:565422 Organismo:3847 Solapado:1 FL5:1 FL3:1**

25 Identidad: 61,2%

30 Clone_ID_38286 MIGQLMNLKATELCLGLPGG--AEAVESPAKSAVGSKRGFSET--
VDLMLNLQSNKEGSV
Clon Ceres_565422 ----
MINFEETELRLGLPGGSASDHNESTTVKSGGKRGFSETASVDLKLNLSSDDDSAS
:: :..* **** *:: **.. ***** ** ** * ..:

35 Clone_ID_38286 D-----
LKNVSAVPKEKTTLKDPSKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNMMTQQKTSSGAEEA
Clon Ceres_565422
DSPSSASTEKTTTAAPLPPSRANDPAKPPAKAQVVGWPPVRSFRKNIVQRNKN---EEE-
* ..* * .*.*****.***.*** **

40 Clone_ID_38286
SSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKMYSYQDLSDALAKMFSSFTMGNYGA
Clon Ceres_565422 -----AAFKVVSMDGAPYLRKVDIKLYKSYQELSDALAKMFSSFTIEKCGS
: * ..*****.*****.*****.:.*

45 Clone_ID_38286
QGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKDGDWMLVGDPWEMFVESCRLRIMKGSEAIG
Clon Ceres_565422
QGMKDFMNETKLIIDLLNGSDYVPTYQDKDGDWMLVGDPWEMFVESCRLRIMKGSEAIG
*** *****.***.*****.*****.*****

50 Clone_ID_38286 LAPRAMEKYCKNRS
Clon Ceres_565422 LAPRAVEK-CKNRS
*****.*** *****

55

- **gi|22725714|gb|AAM96891.1| proteína IAA1 con respuesta a la auxina ; MjAux/IAA1 [Mirabilis jalapa]**

60

Identidad: 72,1%

65

Clone_ID_38286 MIGQLMNLKATELCLGLPGGAEEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQS

ES 2 364 152 T3

gi|22725714|gb|AAM96891.1| MMKNDMNKSG-----GGVIAKDVNDNTKVNG-----A
 *: ** .. : : ** * : : * .. : : : : :

Clone_ID_38286
 NKEGSVDLKNVSAVPKEKTTLKDPSKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNMMTQQ
 gi|22725714|gb|AAM96891.1| NNN-----ADLAKPPAKAQVVGWPPVRSYRKNMLAVQ
 *.. : : : : : * .. : : : : *

Clone_ID_38286
 KTSSGAEEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKMYKSYQD
 gi|22725714|gb|AAM96891.1| K-STGAPESESEKP-----
 AANGGLVKVSMDGAPYLRKVDLKLYKSYQD
 * * ** * .. ** : * .. : : : : : *

Clone_ID_38286
 LSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKDGD
 gi|22725714|gb|AAM96891.1|
 LSDALGKMFSSFTLGNYGSQGMIDFMNESKLMDLINGSYDVPTYEDKDGD
 ***** .. : : : : : *

Clone_ID_38286 WMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCKNRS
 gi|22725714|gb|AAM96891.1| WMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGKEAAGLAPRAMEK-CKNRI
 ***** .. : : : : *

- gi|20269061|emb|CAC84711.1| proteína aux/IAA [Populus tremula x Populus tremuloides]

Identidad: 63,9%

Clone_ID_38286 ---MIGQLMNLKATELCGLPG-GAEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLML
 gi|20269061|emb|CAC84711.1| MEVEKGTMRFEETELRLGLPGNGGGGTGEG---
 GEFARKRGFSETVDLKL
 * * .. ** * .. * .. : : : : *

Clone_ID_38286
 NLQSNKEGSVDLKNVSAVPKEKTTLKDPSKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNM
 gi|20269061|emb|CAC84711.1| NLSS-
 KEGGIDPNHEKTRREKNLLATDPAKPPAKAQVVGWPPVRSFRKNM
 ** * .. : : : : *

Clone_ID_38286
 MTQQKTSSGAEEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKMYK
 gi|20269061|emb|CAC84711.1| LAVQKSST--DQESTNKVP--GGNAT---
 FVKVSMDGAPYLRKVDLNMKY
 .. ** * .. * .. * .. : : : : *

Clone_ID_38286
 SYQDLSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYED
 gi|20269061|emb|CAC84711.1|
 TYHELSDALGKMFSSFTIGNCGSHGMKDFLNESKLIDLLNGTDYVPSYED
 .. : : : : *

Clone_ID_38286 KDGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCKNRS
 gi|20269061|emb|CAC84711.1| KDGDWMLVGDVPWDMFVESCKRLRIMKGTEATGLG---NEYTA---
 ***** .. : : : : *

- gi|81759|pir||A28993 proteína inducida por auxina aux28 - soja
 >gi|114734|sp|P13089|AUX28_SOYBN Proteína inducida por auxina AUX28
 >gi|169921|gb|AAA33945.1| proteína regulada por la auxina (Aux28)

ES 2 364 152 T3

5 Identidad: 63,0%

10 Clone_ID_38286 MIGQLMNLKATELCLGLPG--GAEAVESP----
AKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQSNKEG
gi|81759|pir||A28993 ----
MGFEETELRLGLPGNGGTEEVLRKRGFSETETGHEDESATTVDLMLNLSSKEAA
:: :.. *** ***** *. * ... * : : ***** *..

15 Clone_ID_38286 SVDLKNVS-----AVPKEKTTLK-
DPSKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNMMTQQKTSSGAE
gi|81759|pir||A28993
TTAAAAADPTDKHKTLPEKTLLPADPAKPPAKTQVVGWPPVRSFRKNMLAVQKSVGEES
: : ***** * *.*****.*****.*****..*..

20 Clone_ID_38286
EASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKMYSYQDLSDALAKMFSSFTMGNY
gi|81759|pir||A28993 EKNS-----
SPNASFVKVSMDGAPYLRKVDLKMYSYRELSDSLGMFSSFTFGNC
* * : . * *.*****.*****.*****.*****.*

25 Clone_ID_38286
GAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGSEA
gi|81759|pir||A28993
ESQGMKDFMNESKLNLLNSSDYVPTYEDKGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGKEA
:..*** ***** .*****.*****.*****.*****.*

30 Clone_ID_38286 IGL--APRAMEKYCKNRS
gi|81759|pir||A28993 IGLGLAPRAMAK-CKNRS
*** ***** *

- **Clon Ceres:574451 Organismo:3847 Solapado:1 FL5:1 FL3:1**

40 Identidad: 63,0%

45 Clone_ID_38286 ----MIGQLMNLKATELCLGLPG--GAEAVESP----
AKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQS
Clon Ceres_574451
MEVGLKKENMGFEETELRLGLPGNGGTEEVLRKRGFSETETGHEDESATTVDLMLNLSS
: : .. *** ***** *. * ... * : : ***** *

50 Clone_ID_38286 NKEGSVDLKNVS-----AVPKEKTTLK-
DPSKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNMMTQQKTS
Clon Ceres_574451
KEAATTA AAAADPTDKHKTLPEKTLLPADPAKPPAKTQVVGWPPVRSFRKNMLAVQKSV
:: :.. .. ***** * *.*****.*****.*****..*..

55 Clone_ID_38286
SGAEEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKMYSYQDLSDALAKMFSSFT
Clon Ceres_574451 GEESEKNS-----
SPNASFVKVSMDGAPYLRKVDLKMYSYRELSDSLGMFSSFT
: * * : . * *.*****.*****.*****.*****.*

60 Clone_ID_38286
MGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMK
Clon Ceres_574451
FGNCESQGMKDFMNESKLNLLNSSDYVPTYEDKGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMK
.*.*** ***** .*****.*****.*****.*****.*

65

ES 2 364 152 T3

5 Clone_ID_38286 GSEAIGL--APRAMEKYCKNRS
 Clon Ceres_574451 GKEAIGLGLAPRAMAK-CKNRS
 * ***** *
 .

10 • **Clon Ceres:514595 Organismo:3847 Solapado:1 FL5:1 FL3:1**

15 Identidad: 61,6%

20 Clone_ID_38286 -MIG---QLMNLKATELCLGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGFSET-----VD
 Clon Ceres_514595 MEVGLNKKENMGFEETELRLGLPGNVGGTG--
 TEEVLIRKRGFSETETETEEDESATTVD
 .* :*:: *** ***** :::: ***** **
 .

25 Clone_ID_38286 LMLNLQSN-KEGSVDLKN-VSAVPKEKTTLK-
 DPSKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNMMTQQ
 Clon Ceres_514595
 LMLNLSSKEAAAAADPTDKHKTLPKEKTLTPADPAKPPAKAQVVGWPPVRSFRKNMLAVQ
 ***** * . . * . . ***** * * .***** .***** .***** *
 .

30 Clone_ID_38286
 KTSSGAEEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKMYSYQDLSDALAKMFS
 Clon Ceres_514595 KSVGEENEKNS-----
 SSPNASFVKVSMGAPYLRKVDLKMYSYRELXDSLGMFS
 * . . * * : . * .***** .***** .***** * * * *
 .

35 Clone_ID_38286
 SFTMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKDGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLR
 Clon Ceres_514595
 SFTIGNCESQGMKDFMNESKLNLLNSSDYVPTYEDKDGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLR
 ***** * .*** ***** .***** .***** .***** .*****
 .

40 Clone_ID_38286 IMKGSEAIGL--APRAMEKYCKNRS
 Clon Ceres_514595 IMKGKEAIGLGLAPRAMAK-SKNRS
 ***** ***** * * *
 .

45 • **Clon Ceres:305337 Organismo:311987 Solapado:1 FL5:1 FL3:1**

50 Identidad: 56,6%

55 Clone_ID_38286 -MIGQLMNLKATELCLGLPGG-----AEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQ--
 --
 Clon Ceres_305337
 MATTTDLGFATELRLGLPGGGGGGEPALGGEGRSSSSASGKRGFAETIDLKLEPAAV
 . .***** ***** * * . * ***** * * .

60 Clone_ID_38286 -SKEGSVDLKNVSAVPKEK-----TTLKDPSKPP--AKAQVVGWP
 Clon Ceres_305337
 VEAEEEEEDHGVAVALEKEEEAGKMKRSPSQSSVAAAAAVALADPAEKPRAAKAQVVGWP
 . * * * . * . . * * . . * *****

65 Clone_ID_38286 PVRNYRKNMMTQQKTSSGAEEASSEKAGNFGGGAAG-
 AGLVKVSMGAPYLRKVDLKMYS

ES 2 364 152 T3

Clon Ceres_305337
PVRSFRKNIMSVQSDKGAGKDA¹AAANGDKSSAAAGGGAA²FKVSLD³GAPYLRKVDL⁴KMYR

Clone_ID_38286
SYQDLSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKDGDWMLVGD
Clon Ceres_305337 SYQQLSKALENMFSSFTIGSCGSQGMNG-
MNESKLVDLLNGSEYVPTYEDKDGDWMLVGD
*** ** ***** * ** * ,***** ,*** *****

Clone_ID_38286 VPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCKNRS
Clon Ceres_305337 VPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEK-CKNRS

- gi|5139697|dbj|BAA81687.1| expresado en los hipocótilos del pepino [*Cucumis sativus*]

Identidad: 59,9%

Clone_ID_38286 MIGQLMNLKATELCGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGFSETV-----
gi|5139697|dbj|BAA81687.1|
MEKKKMGEFEETELRLGLPGNNIGSSELGEVAARKRGFAETVSSETISKV

 * . * .. ***** . * *****,****

Clone_ID_38286 DLMLNLQSNKEGSVDLKNVSAVP----KEKTTLK-DPSKPPAKAQVVGWP
gi|5139697|dbj|BAA81687.1|
DLKLNLSSKETVGVGDDDLVADSNPSNKDKAVLTADPAKPPAKAQVVGWP
**** * .. * *. * **.*

Clone_ID_38286
PVRNYRKNNMTQQKTSSGAEEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYL
gij5139697|dbj|BAA81687.1| PVRSFRRNNM-----LAFVKVSMDGAPYL
. * .*****

Clone_ID_38286 RKVDLKMYSYQDLSDALAKMFSSFT-
MGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLN
gi|5139697|dbj|BAA81687.1|
RKVDLKMYSYQDLSDALAAMFGSFTTIGNCGSQEMKDFMNESKLMDLLS
*****.***** ** ** *. * *****.*

Clone_ID_38286
SSEYVPSYEDKDGDWMLVGDVPWEMFVESCRLRIMKGSEAIGLAPRAME
gij[5139697|dbj|BAA81687.1]
GSDYVPTYEDKDGDWMLVGDVPWEMFVESCRLRIMKGKEAIGLAPRAME

Clone_ID_38286 KYCKNRS
gi|5139697|dbj|BAA81687.1| K-CKNRS
* * * * *

- Clon Ceres:576268 Organismo:4565 Solapado:1 FL5:1 FL3:1

Identidad: 58,7%

ES 2 364 152 T3

```

5      Clone_ID_38286      MIGQLMNLKATELCLGLPGGAEEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQSN-----
      -KEG
      Clon Ceres_576268      MAADLG-FEATELRLGLPGGGE---GEARSSSG-
      KRGFAETIDLKLEPAGEEAPAEED
               * .* ..**** ***** * . *. * * ****.*.*.*.* .. *
               .. ..

10     Clone_ID_38286      SVDLKNVSAVPKEK-----TTLKDPSKPP--AKAQVVGWP
      Clon Ceres_576268
      RADVAVVAAAAAENQEETATDAGGGKMKRSPSQSSVVTTAALPDPAEKPRAPKAQVVGWP
               *.*.*.*.* .. ..*.*.*.*.*
               .. ..

15     Clone_ID_38286
      PVRNYRKNNMTTQQTSSGAEEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKMYS
      Clon Ceres_576268      PVRFRKNILAEKSSP-----AAAAAFVKVSMDGAPYLRKVDLNMYS
               ***.*.*.*.* .. ..*.*.*.*.*
               .. ..

20     Clone_ID_38286
      YQDLSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKDGDWMLVGDV
      Clon Ceres_576268      YQDLSKALEKMFSSFTIGNCGTPGMNG-
      MNESKLMDDLNGSEYVPTYEDKDGDWMLVGDV
               ***** ** *****.*.*.*.* ..*****.*.*.*.*
               .. ..

25     Clone_ID_38286      PWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCKNRS
      Clon Ceres_576268      PWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEK-CKNRS
               *****
               .. ..

30     • gi|32400272|emb|CAE00638.1| Proteína IAA1 [Triticum aestivum]

35     Identidad: 56,6%

40     Clone_ID_38286
      MIGQLMNLKATELCLGLPGGAEEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQSN
      gi|32400272|emb|CAE00638.1|      MAGADVVDVG-TELRLGLPGGG-----
      AEAAKAGKRGYEDTIDLKLTLP
               * * ... *** ***** : *..* ..*.*.*.*.*
               .. ..

45     Clone_ID_38286      N--KEGSVDLKNVSAVPKEK---TTLKDPSKPPA-KAQVVGWPPVRNYRK
      gi|32400272|emb|CAE00638.1|
      GGMQEDSAGKPEPAADKAKRPAEAAAADPEKPPAPKAQAVGWPPVRSYRR
               . * * .. : * .. : * * * * * * * * * * *
               .. ..

50     Clone_ID_38286      NNMTTQQTSSGAEEASSEK--
      AGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDL
      gi|32400272|emb|CAE00638.1|
      NAMTVQSVKIKKEEETEQQPAAAAAAAGANGSNFVKVSMDGAPYLRKVDL
               * * * .. * .. * * * ..*****
               .. ..

55     Clone_ID_38286
      KMYKSYQDLSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVP
      gi|32400272|emb|CAE00638.1|      KMYNTYKDLSIALQKMFSTFTATG-----NEGKMVEAVNGSDVVT
               *****.*.*.*.* ..*.*.*.*.*
               .. ..

60     Clone_ID_38286
      SYEDKDGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCKNR
      gi|32400272|emb|CAE00638.1|
      TYEDKDGDWMLVGDVPWEMFVASCKRLRIMKGSEAIGLAPRAKDKY-KNK
               ..*****
               .. ..

65     Clone_ID_38286      S
      gi|32400272|emb|CAE00638.1|      S

```

ES 2 364 152 T3

- **Clon Ceres:742023 Organismo:4565 Solapado:1 FL5:1 FL3:1**

Identidad: 56,6%

Clone_ID_38286 MIGQLMNLKATELCLGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQSN--
KEGSVDL

MAGADVDVG-TELRLGLPGGG-----
 AEAAKAGKRGYEDTIDLKLTPTGGMQEDSAGK
 * * ... ***** . *. * ***** . *. * *

Clone_ID_38286 KNVSAVPKEK---TTLKDPSPKPPA-
KAQVGWPPVRNYRKNMMTQQKTSSGAEESSEK-
Clon Ceres_742023
PEPAADKAKRPAEAAAADPEKPAPKAQAVGWPPVRSYRRNAMTVQSVKIKKEETEKKQ

. * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . *

Clone_ID_38286 -
AGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKMYKSQDLSDALAKMFSSFTMGNYGAQGM
Clon Ceres_742023
PAAAAAAGAGSNFVKVSMGDGAPYLRKVDLKMYNTYKDLSIALQKMFSFTATG-----
* * * . ***** . , . **

Clone_ID_38286
IDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKGDWMLVGDPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAP
Clon Ceres_742023 ----
NEGKMVEAVNGSDVVTTYEDKGDWMLVGDPWEMFVASCKRLRIMKGSEAIGLAP
.....*.....*****

Clone_ID_38286 RAMEKYCKNRS
Clon Ceres_742023 RAKDKY-KNKS
 ** .** **.*

- [gi|17976835|emb|CAC85936.1](#) factor de transcripción putativo inducido por la auxina Aux/IAA [*Pinus pinaster*]

Identidad: 58,5%

Clone_ID_38286 MIGQLMN-----LKATELCLGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDL
gi|17976835|emb|CAC85936.1| -MERFANDVDEHSLKETELRLGLPGVCESDTGPGQTRNG-
KRGFSEVMDS

Clone_ID_38286 MLNLQSN-----KEGSVDLKN----VSAVPKEKTTL
gi|17976835|emb|CAC85936.1|
TKASSFNDNKWIFPSVKQPATSAITETA EACKGSQPG LFSATPSQKIMM
* * * * *
* * * * *

Clone_ID_38286 K-----D
gi|17976835|emb|CAC85936.1|
QGGCGAPQSWAGDNGLSRSTAPKDELHPKTPRDGPTEKTNGASQSQAATD
. *

Clone_ID_38286 PSKPPA-
KAQVVGWPPVRNYRKNMMTQQKTSSGAESEKAGNFGGGAA

ES 2 364 152 T3

gi|17976835|emb|CAC85936.1| PAMAPAPKAQVVGWPPIRSFRKNTLAANSKPN--DEGSS-----S
 *. ** *****.*.*** :: :.* ** : :

Clone_ID_38286
 GAGLVKVSMDGAPYLKVDLKMYSYQDLSDALAKMFSSFTMGNYGAQGM
 gi|17976835|emb|CAC85936.1|
 NALYVKVSMDGAPYLKVDLKMYSYHELSSALEKMFSCFNMGQCGAPG-
 * *****.*.*** ** ** ** * **.*.***

Clone_ID_38286
 IDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRIM
 gi|17976835|emb|CAC85936.1| ---
 LSESKLIDLLNGSEYVPTYEDKGDWMLVGDVPWEMFVDSCKRLRIT
 :.. *****.*.***.*****.*****.*****.*****

Clone_ID_38286 KGSEAIGLAPRAMEKYCKNRS
 gi|17976835|emb|CAC85936.1| KASEAIGLAPRAMEK-SRSKN
 * *****
 :

- gi|55416169|gb|AAV50046.1| proteína inducida por auxina [cultivar de Saccharum hybrid]

Identidad: 70,4%

Clone_ID_38286 MIGQLMNLKATELCLGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQS
 gi|55416169|gb|AAV50046.1| -----SSVVTAAAAIQA
 :: :: : : : : *..* :*

Clone_ID_38286
 NKEGSVDLKNVSAVPKEKTTLKDPSKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNMNTQQ
 gi|55416169|gb|AAV50046.1| D-----PAEK----PRAP--KAQVVGWPPVRSFRKNIMSVQ
 : : : :.* ** : * * *****.*.***.*. *

Clone_ID_38286 --KTSSGAEESSEKAGNFGGGAAG-AGLVKVSMDGAPYLKVDLKMYSY--
 gi|55416169|gb|AAV50046.1|
 SDKGAGGSKDADKSSPPPAAGAAVGGAAFKVSLDGAPYLKVDLKMYSY
 * .*** * * * .***.*****

Clone_ID_38286 -KSYQDLSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSY
 gi|55416169|gb|AAV50046.1| YKSYQELSKALEKMFSS-TIGSCGSQGMNG-
 MNESKLVDLLNGSEYVPTY
 *****.*.*** ** * .*** .*****.*.***.*****.*

Clone_ID_38286
 EDKGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCKNRS
 gi|55416169|gb|AAV50046.1| EDKEGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEK-
 CKNRS
 .**

- Clon Ceres:1069818 Organismo:3847 Solapado:1 FL5:1 FL3:1

Identidad: 54,3%

Clone_ID_38286 MIGQLMNLKATELCLGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQSNKEGSVDLK

ES 2 364 152 T3

Clon Ceres_1069818 MAG--
LGFEETKLRLGLPGGSNEAEFAAAAVRSSGKRGYAETIDLVLKLEPASVAAPPEE

Clone_ID_38286 NVSAVPKEKTTLLKDPSKPPAKAQVVGWPP----
VRNYRKNNMTQQKTSSGAEASSEKAG
Clon Ceres_1069818 DDEEVADGVAEAQ-
PSPAAADGQLKRSPSQCSVVTAAQPDADPEKPRAPKAQAVGWPPVVR
 * * . . * * * * * * * .

Clone_ID_38286 NFG-----
GGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKMYSYQDLSDALAKMFSSFTMGN--
Clon Ceres_1069818
SFRRNMLAATAERGAALVKVSMDGAPYLRKVDMGTYKSXQELSKALEKMFSSFTIGNDG
* ** ***** ** *.* ** *****.***

Clone_ID_38286
YGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKGDGDMVLVGDPVWEMFVESCRLRIMKGSE
Clon Ceres_1069818 SQAQGMTG-
MNESKLVDLLNGSDYVPTYEDKGDGDMVLVGDPVWEMFVASCRLRIMKGSE
*****.*****.*** *.*.*.*****.*****.*****

Clone_ID_38286 AIGLAPRAMEKYCKNRS
Clon Ceres_1069818 AIGLAPRAMEK-CKSRS
***** ** **

- [gi|50918575|ref|XP_469684.1| proteína putativa con respuesta a la auxina \(con empalme alternativo\) \[Oryza sativa \(cultivar del grupo japonica\)\]](#) > [gi|30962267|emb|CAD91549.1| Proteína Aux /IAA \[Oryza sativa \(indica cultivar-group\)\]](#) > [gi|40539037|gb|AAR87294.1| proteína putativa con respuesta a la auxina \(con empalme alternativo\) \[Oryza sativa \(cultivar del grupo japonica\)\]](#)

Identidad: 56.7%

Clone_ID_38286 MIGQLMNLKATELCLGLPGG-
AEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQ
gil50918575[ref|XP_469684.1] MAGADVVG-TELRLGLPGGGGGAEEAAK---
AAKRGFEETIDLKCLKP

Clone_ID_38286 SN--KEGSVDLKNVSAVPKEK----TTLKDPSKPPA-KAQVVGWPPVRNY
gi|50918575|ref|XP_469684.1|
TAGMEEAAAGKAEAPAAEKAKRPAEAAAADA EKPPAPKAQAVGWPPVRSF

Clone_ID_38286 RKNMMTQQKTSSGAEEASSEKAGNFGGGAAG---
AGLVKVSMDGAPYLRK
gil|50918575|ref|XP_469684.1|
RRNIMTVQSVKSKKEEADKQQQPAANASGSNSSAFVKVSMDGAPYLRK

Clone_ID_38286
VDLKMYSYQDLSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSE
gij50918575|ref|XP_469684.1| VDLKMYNSYKDLSLALQKMFGTFTATGN-----N----MNEVNGSD
*****.***.*** ** ***.*** .. ** .***.***.

Clone_ID_38286
YVPSYEDKDGDWMLVGDPWEMFVESCKRLRIMKGSEIGLAPRAMEKYC
gij50918575|ref|XP_469684.1|
AVTTYEDKDGDWMLVGDPWQMFVESCKRLRIMKGSEIGLAPRAKDKY-
* ****

ES 2 364 152 T3

Clone_ID_38286 KNRS
gi|50918575|ref|XP_469684.1| KNKS

- gi|32396295|gb|AAP44405.1| proteína inducida por auxina 2 [Pinus taeda]

Identidad: 58,5%

Clone_ID_38286 -----MIGQLMNLKATELCLGLPGGAE-----
gi|32396295|gb|AAP44405.1|
MERFANDGDEHSLKETELRLGLPGVCESDTGLGQTRNGKRAFSEVMDSTK
*..** **** *..*

Clone_ID_38286 -----AVESPAKSAVGSKRG-FSETVDLMLNLQ-
gi|32396295|gb|AAP44405.1|
ASSFNDNKWIFPSVKCQPPTSAITETAACKGSQPGFSATPGQKIMMQG
*..**..**..**..**..**..*

Clone_ID_38286 -----SNKEGSVDLKNVSAVPKEKTTK-----DPS
gi|32396295|gb|AAP44405.1|
GCGAPQSWAGDNLKSTAPKDELHPKTPRGGPTEKTNAASQSQAATDPA
:..*..**..**..**..**..

Clone_ID_38286 KPPA-
KAQVVGWPPVRNYRKNMMTQQKTSSGAEEASSEKAGNFGGGAAGA
gi|32396295|gb|AAP44405.1| MAPAPKAQVVGWPPIRSFRKNTLAANSKPN--DEGSS-----SNA
** *****..**..**..**..**..**..**..*

Clone_ID_38286
GLVKVSMGAPYLRKVDLKMYSYQDLSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMID
gi|32396295|gb|AAP44405.1|
LYVKVSMGAPYLRKVDLKMYSYHELSSALEKMFSCFTMGQCGSPG---
*****..**..**..**..**..**..**..**..**..*

Clone_ID_38286
FMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKDGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKG
gi|32396295|gb|AAP44405.1| -
LSESKLIDLLNGSEYVPTYEDKDGDWMLVGDVPWEMFVDSCKRLRITKA
..****..**..**..**..**..**..**..**..**..**..**..**..*

Clone_ID_38286 SEAILAPRAMEKYCKNRS
gi|32396295|gb|AAP44405.1| SEAILAPRAMEK-SRSKN
*****

- gi|20257219|gb|AAM12952.1| proteína regulada por la auxina [Zinnia elegans]

Identidad: 51,7%

Clone_ID_38286 -----
gi|20257219|gb|AAM12952.1|
MPPPLLGVGDGLGNVSLMTSASTMESIFQKNAELTERNYLGLSDCSSFD

Clone_ID_38286 -----MIGQLMNLKATELCLGLPGG-----AEAVES--

ES 2 364 152 T3

gi|20257219|gb|AAM12952.1|
STAVSGISEVKRNNLNLKATELRGLPGSQSPERDVPDVLNSESLEKRP

Clone_ID 38286 -----PAKSAVGS-----KRGFSETVD---LMLNLQ-----SNK

gi|20257219|gb|AAM12952.1|
LFPLLPSKDGICSNSQKVFVSGNKRGFSDAIDEGKWMFGSSGTDSETSNM

Clone ID 38286 EGSVD-----LKNVS--AVPKEKT-----TLKDPSKPP-AKAQVV

gi|20257219|gb|AAM12952.1|
NGKISSGAQPVMIKDATSKVVTQEQTHATFGTNLNIVNTSNPPAAKAQVV

Clone_ID_38286
GWPPVBNYBKNMMTQOKTSSGAEEASSEKAGNEGGGAAGAGLVKVSMDGA

q|20257219|qb|AAM12952.1| GWPPVRSFRKNILATNSKTN-----DEV DGKPG---PGALFVKVSM DGA

Clone ID 38286 PYLRKVDLKMYKSYQDLSDALAKMFSSFTMGNYGAQGM--IDFMNESKLM

gi|20257219|gb|AAM12952.1|
PYLRKVDLRSYSTYQQLSSAIEKMFSCFTIGQCGSQGAPGRESLSKSLR

Clone_ID_38286
 NLLNSSEYVPSYEDKGDWMLVGDPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAP

gi|20257219|gb|AAM12952.1|
DLLHGSEYVLTYEDKDGDWMLVGDVPWDMFIGSCKBLKIMKGSDAIGLAP

Clone ID 38286 RAMEKYCKNRS

qil|20257219|qb|AAM12952.1| RAMEK-SKNRN

- [qi|29465672|qb|AAL92850.1| Proteína aux/IAA \[Vitis vinifera\]](#)

Identidad: 62.6%

Clone_ID_38286 -----
 gi|29465672|gb|AAL92850.1|
 MSPPLLGVGEEEGQSNVTILASSASMESVCQ|SSGLKERNYMG|SEQSSV

Clone ID 38286 ---MIG-----QLMNLKATELCGLPG---GAEA-----

gi|29465672|gb|AAL92850.1|
DSSAISTDSDGNKSSSLNLKATELRLGLPGFLSPGBEPFLCLLSSTKLDEK

Clone ID 38286 -----VESPAKSAV-GSKRGFSETVD-----LML

gi|29465672|gb|AAL92850.1|
PLEPLHPSKDLTYTSSQKTVVSGNKRGEADAMNGESEGKELANSEVNVML

Clone ID 38286 NLQS--NKE--GS-----VDLKNVSAVPKEK-----TTLKDPS

gi|29465672|gb|AAL92850.1|
SPRPSPNKENI GSQPAKMKEMASPKIVQEBPBATNETPPNHTGTGNNSS

Clone_ID_38286
KPPAKAQVVGWPPVRNYRKNNMTQOKTSSGAFFASSEKAGNEGGGAAGAG

q|29465672|qb|AAL92850.1| APATKAQVVGWPPIRSFRKN--TLATTSKNTEVDG--KAG-----PGAL

ES 2 364 152 T3

* .*****.* .***.* ** . * . * . * . * . *

5 Clone_ID_38286 LVKVSMDGAPYLRKVDLKMYSYQDLSDALAKMFSSFTMGNYGAQGM--I
gi|29465672|gb|AAL92850.1|
FVKVSMDGAPYLRKVDLRNYSAYQELSSALEKMFSCFTIGQYGSHPGAPGR

.*****.* .***.* ** . * . * . * . * . *

10 Clone_ID_38286
DFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKGDWMLVGDVPWEMFVESCRLRIMK
gi|29465672|gb|AAL92850.1|
EMLSESKLDLLHGSEYVLTIEDKGDWMLVGDVPWQMFETCKRLRIMK

... ***** . * . * . * . * . * . * . * . * . * . *

15 Clone_ID_38286 GSEAIGLAPRAMEKYCKNRS
gi|29465672|gb|AAL92850.1| SCDAILAPRAVEK-CKNRN

.*****.* ** . * . * . * . * . *

20

- gi|25989504|gb|AAM29182.1| Proteína aux/IAA [Solanum tuberosum]

25

Identidad: 48,5%

30 Clone_ID_38286 -----
gi|25989504|gb|AAM29182.1|
MSPPLLGVGEEGQSNVTLLASSTSLGSICKKGSALKERNYMGSLDCSSV

35 Clone_ID_38286 -----MIGQLMNLKATELCLGLPG-----GAEAVES-----
gi|25989504|gb|AAM29182.1|
DSCNISTSSSEDNNGCGLNLKATELRLGLPGSQSPERGEETCPVSSTKVDE

* .*****.* ** . * . * . * . * . *

40 Clone_ID_38286 -----PAKS-----AVGSKRGFSETVDLMLN--LQSN-----
gi|25989504|gb|AAM29182.1|
KLLFPLHPAKDTAFSVSQKTVVTGNKRGFSDTMDGFSEKFLSNSGVKSG

*** . * . * . * . * . * . * . *

45 Clone_ID_38286 --KEGS-----VDLKNVSAVPKEKTTLDKPSK-----PPAKAQVVGW
gi|25989504|gb|AAM29182.1|
DAKETSrvQPSKMKDANTQSTVPERPSAVNDASNRRAGSGAPATKAQVVGW

** * * . * . * . * . * . * . * . *

50 Clone_ID_38286
PPVRNYRKNMNTQQKTSSGAEASSEKAGNFGGGAAGLVKVSMDGAPY
gi|25989504|gb|AAM29182.1| PPIRSFRKNTLASASKNN--EEVDG-KAG-----SPALFIKVSMDGAPY

*** . * . * . * . * . * . * . *

55 Clone_ID_38286 LRVKVDLKMYSYQDLSDALAKMFSSFTMGNYGAQGM--IDFMNESKLMNL
gi|25989504|gb|AAM29182.1|
LRKVDLRTYSAYQELSSALETFSCFTIGQYGSHPGAPGKDMLSESKLDL

*****.* .***.* ** . * . * . * . * . *

60 Clone_ID_38286
LNSSEYVPSYEDKGDWMLVGDVPWEMFVESCRLRIMKGSEAIGLAPRA
gi|25989504|gb|AAM29182.1|
LHGSEYVLTIEDKGDWMLVGDVPWEMFIDTCKRLRIMKGSDAIGLAPRA

* . * . * . * . * . * . * . * . * . * . *

65 Clone_ID_38286 MEKYCKNRS
gi|25989504|gb|AAM29182.1| MEK-CRSRN

*** . * . *

ES 2 364 152 T3

- **Clon Ceres:959589 Organismo:3708 Solapado:0 FL5:1**

Identidad: 82,4%

Clone_ID_38286
MIGQLMNLKATELCLGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDMLMLNLSQNKESVLDKN
Clon Ceres_959589
MIGQLMNLNATELCLGLPGGTAKAVESPAKSSVRNKRGFSETMDLMLNLQC�KEETVDLNN
*****,*,,,,,,,,,,,,*,*****,* *****,****** ***,**,**

Clone_ID_38286
VSAVPKÉKTTLKDPSKPAPAKAQQVGWPPVRNYRKNMMTQQTSSGAESEASEKAGNFGGG
Clon Ceres_959589 ATAS-KEKTLLKDPAPAKAQQVGWPPVRNYRKNMMTQQTST-
GEESEASEKAGN-GGG

. * * * * * . * * * * * . * * * * * . * * * * * . * * * * * . * * * * * . * * * * *

[illegible]

Clone_ID_38286
LMNLLNSSEYVPSYEDKGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRMKGSEAIGLAPRAMEKYCK
Clon Ceres_959589 -----
::: : ::: ::: ::: ::: :

Clone_ID_38286	NRS
Clon Ceres_959589	---

- [gi|62242123|emb|CAI77628.1| Proteína aux/IAA \[Lycopersicon esculentum\]](#)

Identidad: 50,0%

Clone_ID_38286 -----MIGQLMNLKATELCLGLPGG-----
gi|62242123|emb|CAI77628.1|
MGLSDCSSLVSDCNISTSSDNGCGLNLKATELRGLPGSQSPERGEETC
* .***** *****

Clone_ID_38286 -----AEAVESPAKSAV-GSKRGFSETVDLMNLN-L
gil|62242123|emb|CAI77628.1|
PVISTKVDEKLLFPLHPSKDTAFSVSQKTVVSGNKRGFSDAMDGFGSEKGF
* * * * *

Clone_ID_38286 QSN-----KEGS-----VDLKNVSAVPKEKTTLKDPSK-----P
gi|62242123|emb|CAI77628.1|
LSNSGVKAGDTKETSRVQPPMKMDANTQSTVPERPSAVNDASNRAGSGAP
 ** *** * . ***.* . *

Clone_ID_38286
PAKAQVVGWPPVRNYRKNMNTQQKTSSGAEESSEKAGNFGGGAAGAGLV
gil62242123|emb|CAI77628.1| ATKAQVVGWPPIRSFRKNTLASASKNN--EEVDG-KAG-----SPALFI
*****.*.***. ** ***. .*. .

ES 2 364 152 T3

Clone_ID_38286
IDF

gi|62242123|emb|CAI77628.1
KVSM DGAPYL RKVDLR TC SAYQELSSALEKMFSCFTIGQYGSHGAPGKDM
***** .**.* ** ***** **.*.*.* *

Clone_ID_38286
MNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKGDWMLVGDVPWEMFVESCRLRIMKGS
gi|62242123|emb|CAI77628.1|
LSESKLKDLLHGSEYVLTIEDKGDWMLVGDVPWEMFIDTCKRLRIMKGS

Clone_ID_38286 EAIGLAPRAMEKYCKNRS
gi|62242123|emb|CAI77628.1| DAIGLAPRAMEK-CRSRN
***** *.*

- **Clon Ceres:953245 Organismo:3708 Solapado:0 FL5:1**

Identidad: 80,9%

Clone_ID_38286
MIGQLMNLKATELCLGLPGGAEEVESPASVAVGSKRGFSETVDLMLNLQSNKEGSVDLKN
Clon Ceres_953245
MIGQLMNLKATELCLSLPGGAETLDTPAKSAVGNKRGFSETXDLMLNLQSNKERAIIDLNN
***** ..*

Clone_ID_38286
VSAVPKĒKTTLKDPSKPAPAKQVVGWPPVRNYRKNMMTQQKTSSGAESEASEKAGNFGGG
Clon Ceres_953245 ATAS-KQKTLLKDPVKPAPAKQVVGWPPVRNYRKNIMTNQKTS-
GADEASSEKAGNGGGG

. * . ** ***** *****.***** **.****** **.

Clone_ID_38286
AAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKMYSYQDLSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIIDFMNESK
Clon Ceres_953245 ATGATLVKVS-----
*** *****

Clone_ID_38286
LMNLLNSSEYVPSYEDKGDWMLVGDPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCK
Clon Ceres_953245 -----
 ::: : ::: ::: ::: ::: :

Clone_ID_38286	NRS
Clon Ceres 953245	---

- [gi|50917147|ref|XP_468970.1|](#) proteína putativa con respuesta a la auxina [*Oryza sativa* (cultivar del grupo japónica)] >[gi|53370658|gb|AAU89153.1|](#) Proteína con respuesta a la auxina, putativa [*Oryza sativa* (cultivar del grupo japónica)] >[gi|41469496|gb|AAS07281.1|](#) proteína putativa con respuesta a la auxina [*Oryza sativa* (cultivar del grupo japónica)]

Identidad: 52,7%

ES 2 364 152 T3

5 gj|50917147|ref|XP_468970.1| MAG--LGFDETELRLGLPG---AGELAAARSSG---KRGFAETIDLKLKLQP
* * . . . * * * * * * * * * * * * * * * *

10 AAPAAVSGEEGAQEDKEDADAAAAAADEKMSMKRSASQSSVVTAEPPDK
* * ** ** *

15 gi|50917147|ref|XP_468970.1| PRAPKAQVVGWPPVRSFRKNVLAER-----CKAAA
* ***** .***..... . *

20 LVKVSMDGAPYLRKIDVAMYKSYPELSMAFQNMFTSFTIGKCGSHQQLKE
*****.*****.**.*.***.***.*.*.*.*

25 gil|50917147|ref|XP_468970.1 SNK-----
 LRDDLEYVPTYEDKDGDWMLVGDPWEMFVESCKRLRMKGSG
 * . . * . *****

30 g|50917147|ref|XP_468970.1| EALGLAPRAVER-CKS--
*****.*.* **

- 35 • Clon Ceres:284442 Organismo:311987 Solapado:1 FL5:1 FL3:1

40

45 Clon Ceres_284442 MAGADVDVG-TELRLGLPGGGAAAK-----
KDTIDLKLPTAGMEEAAAAA
* * ... *** ***** * . .*.** *. *.*

50 KAQVVGWPPVRNYRKNMMIQQKISSGAEESSEK
Clon Ceres_284442
RPEPAADKAKRPAEAPAADA EKPPAPKAQAVGWPPVRSYRRNAMTTVVQAVRSKKE--EE
 . * * * . * ***** ***** * * * *.

AGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLKRVLDKMYKS YQDLSDALARKMFSSFI MGNYGAQGM
Clon Ceres_284442 PEKQQQPAAANAFVKVSMDGAPYLKRVLDKTYSSYKDLSAALKKMF
-GNS---
* ** .***** * **.* ** ** * ** * ..

LLNSSEYVPSYEDKGDWMLVGDVPWEMFVESCRLRIMKGSEAIGLAP
Clon Ceres_284442 --
MNEGRLVDPAGDADDVVTTYEDKGDWMLVGDVPWEMFVESCRLRIMKSSEAIGLAP
.*. . . * *

Clon Ceres	284442	RTKDK-CKNKS

ES 2 364 152 T3

*. *.***.*

5

- gi|32396297|gb|AAP44406.1| proteína inducida por auxina 3 [Pinus taeda]

10

Identidad: 48,2%

15

Clone_ID_38286 ---MIG-----QLMNLKATELCLGLPGGAEAVESPAK
gi|32396297|gb|AAP44406.1| MSCSVGNMAMVLEKSGGNAQHEKRDSLDAETELKLGLPG---
VAAGAR

.*: :... *** ***** *:.*:

20

Clone_ID_38286 SAVGSKRGFSETVDLMLNLQ----SNKEGSVDLKNVS-AVPKEK---TT
gi|32396297|gb|AAP44406.1| QRICGKRSFSEAMESRNYTIPDEDITNTSTHEDLDKFKGPIVKEKQMAALS
QRICGKRSFSEAMESRNYTIPDEDITNTSTHEDLDKFKGPIVKEKQMAALS

.: ** ***: :.. ** ... : ** :

25

Clone_ID_38286 LKDPS---KPPAKAQVVGWPPVRNYRKNMMTQQKTSSGAEAEASSEKAGN
gi|32396297|gb|AAP44406.1| ANDPPRMGPPPPSKAQVVGWPPVRDFRK-----VRTVA-----

.** **.******.*. :. : *

30

Clone_ID_38286 FGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKMYSYQDLSDALAKMFSS-
FTMG
gi|32396297|gb|AAP44406.1| ---ASNSLYVKVSMDGAPYLRKVDLKLSTYHELTSALEKMFSCLIIMG

.: *. *****.*. :. : ** ***, **

35

Clone_ID_38286 NYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKGDWMLVGDPWEMFVES
gi|32396297|gb|AAP44406.1| KCGSL---
ALNESNMDLPNGSEYVPTYEDKGDWMLIGDVPWQMFVDS

.: *. :. ****.*. * *****.******.*.*.*

40

Clone_ID_38286 CKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCKNRS---
gi|32396297|gb|AAP44406.1| CQRMRIIMTASEAIGLAPRTMEN-CKNRRNVHP

..*** *****.*. ****

45

- gi|32396299|gb|AAP44407.1| proteína inducida por auxina 4 [Pinus taeda]

50

Identidad: 49,6%

55

Clone_ID_38286 ---MIG-----QLMN-----LKATELCLGLPGGAEAVESPAKSAV
gi|32396299|gb|AAP44407.1| MSCSVGGMKSSTGAQQENKCSLDIFAETELRLGLPG---
VAAGERQRI

.*: * * : *** ***** *: : :

60

Clone_ID_38286 GSKRGFSETVD-LMLNLQSNKEGSVDLKNVSAVPKEKTTLKDPSKP---P
gi|32396299|gb|AAP44407.1| CGKRSFSEAMESRNFISIPQEEAHKFHEPNLGTQKQMRPANDPPKMGPTP

.**.**: :. :. : *.: : .**.* *

65

Clone_ID_38286 AKAQVVGWPPVRNYRKNMMTQQKTSSGAEAEASSEKAGNFGGAAGAGLVK
gi|32396299|gb|AAP44407.1| PKAQIVGWPPVKDFRK-VRTIAASSS-----LYVK

.***.******.*. : * : ** :

ES 2 364 152 T3

Clone_ID_38286 VSMDGAPYLKVDLKMYSYQDLSDALAKMFSS-
FTMGNYGAQGMIDFMN
gi|32396299|gb|AAP44407.1| VSMDGAPYLKVDLKMYSTYHDLSSALENMFGLITMGKCGSSG----
|K

***** ,*,*** ** ,** ,***. *, *.. ...

Clone_ID_38286
ESKLMNLLNSSEYVPSYEDKGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGSEA
gi|32396299|gb|AAP44407.1|
ESNLMDEVNGSEYVATYEDKGDWMLVGDVPWQMFVDSCQVRVIMKASEA

```

**.*.*.*.* ***** .*****.*****.*****.***** *****

```

Clone_ID_38286 IGLAPRAMEKYCKNRS
gi|32396299|gb|AAP44407.1| IGLAPRAMEK-----

- Clon Ceres:1113630|609730 Organismo:3847 Solapado:1 FL5:1 FL3:1; Organismo:3847 Solapado:0 FL5:1

Identidad: 81,4%

Clone_ID_38286 MIGQLMNLKATELCLGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQS
Clon Ceres 1113630|609730 -----

..
 : : :
 : : :

Clone_ID_38286
NKEGSVDLKNVSAVPKEKTTLKDPSKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNMMTQQ
Clon Ceres 1113630|609730 -----

* * *	*	**	*	**
***	*	**	*	**

Clone_ID_38286
 KTSSGAEEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRLKVDLKMYSYQD
 Clon Ceres 1113630/609730 -----MDGAPYLRLKVDIKLYSYQE

• • • *****.*.*****.

Clone_ID_38286
LSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKDG
Clon Ceres_1113630|609730 LSDALAKMFSSFTIEKCGSQGMKDFMNET-----
NGSDYVPTYEDKDG

*****. . *.*** *****.* *.***.*****

Clone_ID_38286 WMLVGDVPWEMFVESCRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCKNRS
Clon Ceres 1113630|609730 WMLVGDVPWEMFVESCRLRIMKGSEAIGLAPRAVEK-CKNRS

*****. ** *****

- **qi|23343934|qb|AAN16886.1| Aux/IAA1 [Mirabilis jalapa]**

Identidad: 88,7%

Clone_ID_38286 MIGQLMNLKATELCGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQS
gil23343934|gb|AAN16886.1| -----

.....

ES 2 364 152 T3

Clone_ID_38286
NKEGSVDLKNVSAVPKEKTTLKDPSKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNMMTQQ
gi|23343934|gb|AAN16886.1| -----

:: :: : :: ::

Clone_ID_38286
KTSSGAEEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKMYKSYQD
gi|23343934|gb|AAN16886.1| -----KSYQD

: :: :: : :: *****

Clone_ID_38286
LSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKDGD
gi|23343934|gb|AAN16886.1|
LSDALGKMFSSFTLGNYGSQGMIDFMNESKLMIDLINGSYVPTYEDKDGD

***** ***** ***** ***** *****

Clone_ID_38286 WMLVGDPWEMFVESCRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCKNRS
gi|23343934|gb|AAN16886.1| WMLVGDPWEMFVESCRLRIMKGKEAAGLAPRAMEK-CKNRI

***** ***** ** ***** *

- gi|22531416|emb|CAD30274.1| Proteína IAA16 [Gossypium hirsutum]

Identidad: 48,3%

Clone_ID_38286 MIG-----QLMNLKATELCGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGS
gi|22531416|emb|CAD30274.1| MSENKRLLETAGGLNFEATELTGLPG-
EPRVTSDDGAKLGSKRGFS

* . : ..***** ***** * * . : *****

Clone_ID_38286 ETVDLMLNLQSNKEGSVDLKNVSAVPKEKTTLKDPSK-
PPAKAQVVGWPP
gi|22531416|emb|CAD30274.1| ETVDLKLG-DNNQE--VKLG-----HSLQEAASPVSKTQVVGWPP

***** * ..* * * * : : : ..* * * ..*****

Clone_ID_38286 VRNYRKNMMTQQKTSSGAEEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLR
gi|22531416|emb|CAD30274.1| VRGFAK-----RGKKSCKYVKVAVDGAPYLR

** : * : : * .. *****

Clone_ID_38286 KVDLKMYKSYQDLSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSS
gi|22531416|emb|CAD30274.1| KVDLEIYNSYQQLTSLEDMFSCFTIRNY-----LNE-KKIDQVNGI

***** ..* * * * * * * * : : * * * : *

Clone_ID_38286 EYVPSYEDKGDWMLVGDPWEMFVESCRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKY
gi|22531416|emb|CAD30274.1|
EYMPYEDKGDWMLVGDPWQMFVESCRLRLMKSSSEAVGLGLKTAPKY

** . * ..***** ..* * * * * * * * : : * * *

Clone_ID_38286 CKNRS
gi|22531416|emb|CAD30274.1| SSTN-

....

- gi|11131103|sp|O24542|AX22D_PHAU Proteína inducida por auxina 22D (Proteína inducida por ácido indol- 3-acético ARG13) >gi|7442239|pir|T10884 proteína inducida por auxina Aux22d - mung bean >gi|2224731|dbj|BAA20848.1| Aux22d [Vigna radiata]

ES 2 364 152 T3

5 Identidad: 51,6%

10 Clone_ID_38286 ---MIG---QLMNLKATELCGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDL
gi|11131103|sp|O24542|AX22D_PH MENS LGSYEKELNLKATELRLGLPGSDEPEKR--
ATARSNKRSSPE----

. * . : .***** ***** * . : . * . * . * . : .

15 Clone_ID_38286
MLNLQSNKEGSVDLKNVSAVPKEKTTLKDPSKPPAKAQVVGWPPVRNYRK
gi|11131103|sp|O24542|AX22D_PH ---ASDEE---SISNGSDVTKE-----
DNNVPPAKAQVVGWPPIRSRYK

:: : * . : * : * * * * * : * ***** : * * *

20 Clone_ID_38286
NMMTQQKTSSGAEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKM
gi|11131103|sp|O24542|AX22D_PH NNVQKK-----EEEESENGMY-----
VKVSMAGAPYLRKIDLKV

* . * . * * * * * : .***** ***** : * .

25 Clone_ID_38286
YKSYQDLSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSY
gi|11131103|sp|O24542|AX22D_PH YKSYPELLKALENMFK-CIFGEYSER-----EG-----
YNGSEYPTY

**** * . * . * . : * . : : * . : : * * * * . *

30 Clone_ID_38286
EDKGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCKNRS
gi|11131103|sp|O24542|AX22D_PH EDKGDWMLVGDVPWNMFVSSCKRLRIMKGSEAKGLG-----
CF---

***** : * . ***** * * : *

35

- gi|3642875|gb|AAC36584.1| proteína putativa relacionada con IAA [Pisum sativum]

40

Identidad: 57,5%

45

Clone_ID_38286 MIGQLMNLKATELCGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQS
gi|3642875|gb|AAC36584.1| VVSKRGFSETE-----SESESESEIT-----TVDLKLNLS

:: : * * : : * * : : : * * * *

50

Clone_ID_38286 NKEGSVDLKNVSAVPKEKTTLKDPS--KPPAKAQVVGWPPVRNYRKNNMT
gi|3642875|gb|AAC36584.1| -KEGAADPQLK---
PKEKSLLVSDSGTKPPAKAQVVGWPPVRSFRKNMFA

*** * . : *

55

Clone_ID_38286
QQKTSSGAEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKMYSY
gi|3642875|gb|AAC36584.1| GQKSIGGSEETTKKSS----DGSNAISFVKVSMDGAPYLRKIDLKMYKSY

** . * . * . : : * . : * * * * * * * * * * * * * *

60

Clone_ID_38286 QDLS DALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNES-KLMNLLNSSEYVPSYEDK
gi|3642875|gb|AAC36584.1| PELSDALAKMFNSITNGNCESQGIKDFMKESNKMMDLLNTSDY-----

.***** *

65

Clone_ID_38286 DGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCKNRS
gi|3642875|gb|AAC36584.1| -----

:: : :: : : : : :

ES 2 364 152 T3

- [gi|34550779|qb|AAQ74955.1](#) Gbiaa-Re [*Gossypium barbadense*]

Identidad: 47.1%

Clone_ID_38286 M I G Q L -----M N L K A T E L C L G L P G G A E A V S P A K S A V G S K R G F S E T V D L M
gi|34550779|gb|AAQ74955.1 M E G S V G Y D N D L N L R A T E L R L G L P G -----T E P V S I V R S N K R-----

 * * . ,*,***** ** . * * * . .

Clone_ID_38286
LNLQSNKEGSVDLKNVSAVPKEKTTLKDPSPKPAKAQVVGWPPVRNYRKN
gi|34550779|gb|AAQ74955.1| -SLQQVADDDCGVNGCRSDDQNETAP-----
PPPKAQIVGWPPPIRSYRKN

Clone_ID_38286
MMTQQKTSSGAEEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKM
Ygj|34550779|gb|AAQ74955.1| NIQTKKNES-----E-----GGGIY----VKVSMDGAPYLRKIDLK
IY
* . * * * * . * * * * * * * * * * * * * * * *

Clone_ID_38286
KSYQDLSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYE
gij|34550779|gb|AAQ74955.1| SGYPELLQAIENMFK-FTIGEYSER-----EG----YKGS DYAPTYE
* * . * . * * * * * * * * * * *

Clone_ID_38286 DKDGDWMLVGDVPWEMFVESCRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCKNRS
gij34550779|gb|AAQ74955.1| DKDGDWMLVGDVPWEMFITSCRLRIMKGSEARGLG-----CGV--
*****.***** ** * *

- [qi|5738162|qb|AAD50278.1| proteína inducida por auxina ali50 \[Glicina max\]](#)

Identidad: 52,4%

Clone_ID_38286 MIGQLMNLKATELCGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQS
gi|5738162|gb|AAD50278.1| -----

Clone_ID_38286
NKEGSVDLKNVSAVPKEKTTLKDPSKPAPAKQVVGWPPVRNYRKNMMTQQ
gi|5738162|gb|AAD50278.1| -----TNPPAKAQVVGWPPVRSYRKNMIAVQ

Clone_ID_38286
KTSSGAEEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLKVDLKMYSYQD
gi|5738162|gb|AAD50278.1| KVSN-EEVADNTTISTLAN--SGA-FVQVSMDGAPYLKVDLPMYKSYIR
* * * . ** *.***** *****

Clone_ID_38286
 LSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKDG
 Dgil5738162|gb|AAD50278.1|
 LISCLGQNVQLLHHGYLWGPRNDIFMNSKLMDLPPSSEYVPPHQNTDGD
 * * * * * *****

Clone ID 38286 WMLVGDPVPWEMFVESCKRLR-IMKGSEAIGLAPRAMEKYCKNRS-----

ES 2 364 152 T3

gi|5738162|gb|AAD50278.1|
WMLVGDPVPEMFVVVMQPPGEIMNGSETIGPCVQNIQKMQKQKGLAQYN

Clone_ID_38286
 qil5738162|gb|AAD50278.1| VLREIPYATGPMEDIISPTSATLWSGMILLVECVWCLAFCSYKDCVV

- gi|18071490|gb|AAL55414.1| AUX/IAA1 inducida por auxina [Antirrhinum majus]

Identidad: 45,8%

Clone_ID_38286 MIGQLMNLKATELCGLPGGAEAVESPAKSAVSGSKRGFSETVDLMLNLS
gi|18071490|gb|AAL554.14| -----KATELRGLPG-TDESEPQTSSSIKNN-----N

.. ..***** * . *
.....*

Clone_ID_38286
NKEGSVDLKNVSAVPKEKTTLKDPSKPPAKAQVVGWPPVRNRYKNNMTQQ
gil18071490|gb|AAL55414.1| NKRSSSEMQGS---
CQKSTQQEESIAPAKPAQVVGWPPVRSFRKNVMKAS
* * * * *
* * * * *

Clone_ID_38286
 KTSSGAEEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLKVDLKMYSYQD
 gj|18071490|gb|AAL55414.1| E-----SDGSGMF-----VKVSMDGAPYLKIDLFYNNYFD
 . * . * * .*****.*****. * *

Clone_ID_38286
LSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKDG
gij|18071490|gb|AAL55414.1| LKALENMFK-CTIGVYSER-----EG-----YNGSEFAPTYEDKDG
* **.* **.* * . . . * . . * * .*****

Clone_ID_38286 WMLVGDPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCKNRS
gij18071490[g]b|AAL55414.1| WMLVGDPWDMFITSCKRLRIMQS-----KLCC--
*****.*.*****. . . *

- Clon Ceres:631007 Organismo:3847 Solapado:1 FL5:1 FL3:1

Identidad: 95,8%

Clone_ID_38286
MIGQLMNLKATELCLGLPGGAEAVESPAKSAVSGSKRGFSETVDLMLNLSQNKESVDLKN
Clon Ceres_631007 -----

Clone_ID_38286
VSAVPKEKTTTLKDPSKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNMMTQQKTSSGAEEASSEKAGNFGGG
Clon Ceres_631007 -----
 .:.:.:..:..:..:

Clone_ID_38286
AAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKMYSYQDLSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESK
Clon Ceres_631007 -----MIDFMNESK
 * * * * *
 * * * * *

ES 2 364 152 T3

5 Clone_ID_38286
LMNLLNSSEYVPSYEDKGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCK
Clon Ceres_631007
LMDLLNSSEYVPSYEDKGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEK-CK

10 Clone_ID_38286 NRS
 Clon Ceres_631007 SRS

- gi|3043909|gb|AAC13260.1| IAA9 [*Lycopersicon esculentum*] >gi|7442228|pir||T05708 proteína inducida por auxina IAA9 - tomate (fragmento)

20

Identidad: 67,3%

25 Clone_ID_38286 MIGQLMNLKATELCLGLPGGAEAVESPAKSavgSKRGFSETVDLMLNLQS
gi|3043909|gb|AAC13260.1| -----
 ..:::. .: .: .: .: .: .

Clone_ID_38286
30 NKEGSVDLKNVSAVPKEKTLKDPSKPPAKAQVVGWPPVRNRYRKNMMTQQ
gi|3043909|gb|AAC13260.1| -----VRSFRKNVMTVQ

 :: ** .**** * *

35 Clone_ID_38286
KTSSGAEEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVLDLKMYSYQD
gi|3043909|gb|AAC13260.1| KNTTGAGEIS-----GTGTGAAFVKVSVGDGAPYLRKVLDLKMYSYQQ
* . * * * * . * . * * . * * * . * * * * * * * * * * * * * * * .

40 Clone_ID_38286
LSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKGD
gi|3043909|gb|AAC13260.1| LSDALGKMFSSFTIGNCGTQGXXDFMNESKLIDLLNGSDYVPTYE-----
***** **

Clone_ID_38286 WMLVGDPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCKNRS
gi|3043909|gb|AAC13260.1| -----
45

- [gi|16610207|dbj|BAB71765.1](#) Proteína IAA/AUX [*Physcomitrella patens*]

Identidad: 41,9%

Clone_ID_38286 -----
gi|16610207|dbj|BAB71765.1|
60 MNVSEGCSTLTGAQLKYSTDKSNMSYETVYRDAAVESPQREVSNEGSTL

Clone_ID_38286 -----
gi|16610207|dbj|BAB71765.1|
KEHDYFGLSEVLSSNSSSGKQPEKCCREELNLNESATTLQLGPPAAVKPS

Clone ID 38286

ES 2 364 152 T3

gi|16610207|dbj|BAB71765.1|
GQADGDDAHDEGAGPENPAKRSAHYHMQQESLADGRKAAAEMGSFKIQRKN

Clone_ID_38286 -----MIGQLMNLKATELCGLPGG-----
gi|16610207|dbj|BAB71765.1|
ILEEFRAMKAHAHMTKSPKTVQTMQHNMHVSYSGAQMAFGGAKNNGVKRV
::*: : :*:.

Clone_ID_38286 -AEAVESPAKSAVGSKRGFS-----ETVDLMLNLQSNK--
gi|16610207|dbj|BAB71765.1|
FSEAVVANHNAAASGVGVGVREGNDDVSRCEEMNGTEQLDLKVHLPKGMGM
.*.* : .* * * . *.* :.*.

Clone_ID_38286 -----EGSVDLKNVSAVP
gi|16610207|dbj|BAB71765.1|
ARMAPASGSPSFDNMQGPLNPFRRKSLVSKMPVPDGGDSSANASNDCANR
.:.*.*.

Clone_ID_38286
KEKTTLKDPKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNMNTQOKTSSGAEESSEKAG
gi|16610207|dbj|BAB71765.1|
KGMVASPSVQPPPAQNQTVGWPPVKNFNKMNTAPPASTPARACPSVQRK
* . . *.*. * .*****.*. * . *.*. * .

Clone_ID_38286
NFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLKVDLKMYSYQDLSDALAKMFSSFTMG
gi|16610207|dbj|BAB71765.1| GASTSSSGN-
LVKIYMDGVFPGRKVDLKTNDSDYDKLYSMLDMFQQYISG
..*.*. *.*. *.*. *.*. *.*. *.*. *.*. *

Clone_ID_38286 NYG-----AQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKGDGDMVLVDVPWE
gi|16610207|dbj|BAB71765.1|
QYCGGRSSSSGESHVWVASSRKLNFLEGSEYVLIYEDHEGDSMLVGDVPWE
.* . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . *

Clone_ID_38286 MFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCKNRS--
gi|16610207|dbj|BAB71765.1| LFVNAVKRLRIMKGSEQVNLAPKNADPTKVQVAVG
.*.*. *.*. *.*. *.*. *.*. *.*. *

- gi|16610209|dbj|BAB71766.1| Proteína IAA/AUX [Physcomitrella patens]

Identidad: 41,9%

Clone_ID_38286 -----
gi|16610209|dbj|BAB71766.1|
MKFSNEVHKSMNITEDCSALTGALLKYSTDKSNMNFETLYRDAAVESPO

Clone_ID_38286 -----
gi|16610209|dbj|BAB71766.1|
HEVSNESGSTLKEHDYFGLSEVSSSNSSSGKQPEKCCREELNLNESATTL

Clone_ID_38286 -----
gi|16610209|dbj|BAB71766.1|
QLGPPAAVKPSGHADGADAHDEGAGPENPAKRPAHHMQQESLADGRKAAA

Clone_ID_38286 -----MIGQLMNLKATELCGLPGGAEAVESPAKSAV

ES 2 364 152 T3

gi|16610209|dbj|BAB71766.1|
EMGSEFKIQRKNILEEFRAAMKAQAAMTKSPKPVHTMQHNMHASFSGAQMAF

Clone_ID_38286 G-----SKRGFSETV-----D
gij|16610209|dbj|BAB71766.1|
GGAKNNGVKRVFSEAVGGNHIAASGVGVGVREGNDVSRCEEMNGTEQLD

* ** ****.* *

Clone_ID_38286 LMLNLQSNK-----
 gj|16610209|dbj|BAB71766.1|
 LKVHLPKGMGMARMAPVSGGQNGSAWRNLSFDNMQGPLNPFRRKSLVSKM
 ..

Clone_ID_38286 -----EGSVDLKNVSAVPKEKTTLKDPSKPPAKAQVVGWPPVRNYRKMN
gi|16610209|dbj|BAB71766.1|
PVPDGGDSSANASNDNCANRKGMMVASPSVQPPPAQNQTGVGWPPVKNFNKMN
. * . * * * . ****.*****.*.*

Clone_ID_38286
MTQKKTSSGAEEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKMYK
gil16610209|dbj|BAB71766.1| TPAPPASTPARACPSVQRKGASTSSSGN-
LVKIYMDGVPFGRKVDLKTND

Clone_ID_38286 SYQDLSDALAKMFSSFTMGNYG-----AQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYV
gij|16610209|dbj|BAB71766.1|
SYDKLYSMLEDMFQQYISGQYCGGRSSSSGESHWVASSRKLNFLLEGSEYV
. * * ** . *** . * .. *. *. **

Clone_ID_38286
PSYEDKDGDWMLVGDPWEMFVESCRLRIMKGSEAGLAPRAMEKYCKN
gij|16610209|dbj|BAB71766.1|
LIYEDHEGDSMLVGDPWELFVNAVKRLRIMKGSEQVNLPKNADPTKVQ
... **... ***** . ***. . .

Clone_ID_38286 RS--
gi|16610209|dbj|BAB71766.1| VAVG

- gi|3043905|gb|AAC13258.1| IAA7 [*Lycopersicon esculentum*] >gi|7442227|pir||T05499 proteína inducida por auxina IAA7 - tomate (fragmento)

Identidad: 63.9%

Clone_ID_38286 MIGQLMNLKATELCLGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQS
gi|3043905|gb|AAC13258.1| -----

 ::: : : : :
 ::: : : : :

Clone_ID_38286
NKEGSVDLKNVSAVPKEKTTLKDPSKPAPAKQVVGWPPVRNYRKNMMTQQ
gi|3043905|gb|AAC13258.1| -----VRSFRKNMLSQK
 .. .: .. ** *****.

Clone_ID_38286 KTSSG-
AEEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSM DGAPYLRKVDLKMYSYQ
[gi|3043905|gb|AAC13258.1](#)| GNNNNNNNEEISEKD-----EKTIAFVKVSM DGAPYLRKVDLKMYSYQ
. * *** . *****

Clone_ID_38286
DLSDALAKMFESFTMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKDG

ES 2 364 152 T3

gi|3043905|gb|AAC13258.1| QLSHSLTNMFSSFTMGNYGSQGMIDFMNERKLMVDLNSSDYVPTYE-

5 .** ..*****.***** **..*****.***

Clone_ID_38286 DWMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCKNRS
gi|3043905|gb|AAC13258.1| -----
:: : :: : : : :

10

- gi|57639525|gb|AAW55630.1| Aux/IAA1 [Avena sativa]

15

Identidad: 52,8%

20

Clone_ID_38286 MIGQLMNLKATELCGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQS
gi|57639525|gb|AAW55630.1| -----
YRVSIGLPGNGGWCSGWGRGDDGGAANARASVQGRGETWV
:: : : ..**** .. : : * . : * : :

25

Clone_ID_38286 NKEGSVDLKNVSAVPKEKTTLDPSKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNMMTQQ
gi|57639525|gb|AAW55630.1| RRRSGRQGC GG GGRRE----
EEGAGPAAKAQVVGWPPIRSyrKNTMATS
: : : : * : : * ***** * * * * *

30

Clone_ID_38286 KTSSGAEEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKMYSYQD
gi|57639525|gb|AAW55630.1| LSAPRSKDEVEAKQAPVAG----
CLYVKVSMDGAPYLRKVDLKMYSYKND
: : : : * * * * * ***** * *

35

Clone_ID_38286 LSDALAKMFSSFTMGNYGAQG--MIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKD
gi|57639525|gb|AAW55630.1|
LSLELEKKFSCFTVGHGESNGKSGRDGLSDCRLMDPKSGAELVLTIEDKD
* *

40

Clone_ID_38286 GDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCKNRS
gi|57639525|gb|AAW55630.1| G-----
* : : : : : : :

45

- Clon Ceres:305454 Organismo:311987 Solapado:1 FL5:1 FL3:1

50

Identidad: 48,0%

55

Clone_ID_38286 MIGQLMNLKATELCGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQSN-----
-KEG
Clon Ceres_305454 MAGADVDVG-TELRLGLPGGG-----
60 ADAAKAAKRGFEDTIDLKLPKTAGMEEAAAAA
* * : : * * * * * : : * * * * * * * * * *

Clone_ID_38286 SVDLKNVSAVPKEK----TTLKDPSKPPA-
KAQVVGWPPVRNYRKNMMTQQKTSSGAEEA
65 Clon Ceres_305454
AAAAKPEPAAEKAKRPAEAPAAAEKPPAPKAQAVGWPPVRSYRRNVMTVQSVKSKKEEE
: : * * * * : : * * * * * * * * * * * * * * *

ES 2 364 152 T3

Clone_ID_38286
SSEKAGNFGGGAAGLVKVSMDGAPYLKVDLKMYSYQDLSDALAKMFSSFTMGNYGA
5 Clon Ceres_305454 PEKQSAANAGGNGSAFVKVSMDGAPYLKVDLKMYSX-----HGA
.....*.....* : : : : *

Clone_ID_38286
QGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIG
10 Clon Ceres_305454 -----LRCSE-----EDVQHLHHIREQHE--
: : : * : : : * : : :

Clone_ID_38286 LAPRAMEKYCKNRS
15 Clon Ceres_305454 -----
: :

- gi|12657617|dbj|BAB21575.1| miembro putativo de la familia de genes Aux/IAA [Cucumis sativus]

20

Identidad: 89,8%

25

Clone_ID_38286
MIGQLMNLKATELCLGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQS
30 gi|12657617|dbj|BAB21575.1| -----
: : : : : : : :

Clone_ID_38286
NKEGSVDLKNVSAVPKEKTTLKDPSKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNMMTQQ
35 gi|12657617|dbj|BAB21575.1| -----
: : : : : : :

Clone_ID_38286
KTSSGAEEASSEKAGNFGGGAAGLVKVSMDGAPYLKVDLKMYSYQD
40 gi|12657617|dbj|BAB21575.1| -----
: : : : : :

Clone_ID_38286
LSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKGD
45 gi|12657617|dbj|BAB21575.1| -----LTCEDKGD
: : : : : : : *

Clone_ID_38286 WMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCKNRS
gi|12657617|dbj|BAB21575.1| WMLVGDVPWEMFTESCRRLRIMKGSEAIGLAPRAMEK-CKNRN
***** . . ***** ** *

50

- gi|23343938|gb|AAN16888.1| Aux/IAA3 [Mirabilis jalapa]

55

Identidad: 89,8%

60

Clone_ID_38286 MIGQLMNLKATELCLGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQS
gi|23343938|gb|AAN16888.1| -----
: : : : : : : :

Clone_ID_38286
65 NKEGSVDLKNVSAVPKEKTTLKDPSKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNMMTQQ
gi|23343938|gb|AAN16888.1| -----
: : : : : : :

ES 2 364 152 T3

```

5      Clone_ID_38286
      KTSSGAEEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSM DGAPYLRKVDL KMYKSYQD
      gi|23343938|gb|AAN16888.1| -----
                                     :   :::   ::::

10     Clone_ID_38286
      LSDALAKMFSSFTMGNYGAQG MIDFMNESKL MLLNSSEYVPSYEDKDGD
      gi|23343938|gb|AAN16888.1| -----EDRDGD
                                   :   :::   :   **:***

15     Clone_ID_38286           WMLVG DVPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIG LAPRA MEKYCKNRS
      gi|23343938|gb|AAN16888.1| WMLVG DVPWEMFVN SCKRLRIMKGSEAIG LAPRA VEK-CKSRS
                                *****

```

- 20 • qj|23343940|qb|AAN16889.1| Aux/IAA4 [Mirabilis jalapa]

Identidad: 83,0%

30 Clone_ID_38286 MIGQLMNLKATELCLGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQS
 gi|23343940|gb|AAN16889.1| -----
 :: :: :: : : : :::

Clone_ID_38286
NKEGSVDLKNVSAVPKEKTTLKDPSKPAPAKQVVGWPPVRNYRKNMMTQQ
gi|23343940|gb|AAN16889.1| -----
 ::: : # : #

Clone_ID_38286
KTSSGAEEASSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKMYKSYQD
gi|23343940|gb|AAN16889.1| -----
:
:::
:

Clone_ID_38286
 LSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKDGD
 gi|23343940|gb|AAN16889.1| -----N---VLTYEDKDGD
 : : : : : : : * * :*****
 : : : : : : : :

Clone_ID_38286 WMLVGDVPWEMFVESCRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCKNRS
gi|23343940|gb|AAN16889.1| WMLVGDVPWEMFIDSKRLKIMKSSDAIGLAPRTMEK-SKSQ-
*****.....*****.*** *****.*** *

- Clon Ceres:720160 Organismo:3847 Solapado:0 FL5:1

Identidad: 61,0%

60 Clone_ID_38286 MIGQL-----MNLKATELCGLPGG----
AEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQSN
Clon Ceres_720160 MATMLTKEHGLNLKETELCGLPGGGGGGGGGEVETPRATG-
KRGFSETVDLKLNLHSK
* * .*** ***** * * . * * ***** **.*.

Clone_ID_38286
KEGSVDLKNVSAVPKEKTTLKDPSKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNMMTQOKTSSGAEEASS

ES 2 364 152 T3

Clon Ceres_720160 EDLNENLKNVS---KEKTLLKDPKPPAXA-----
 ::.:*****.*****.***** * :: : ::

5

Clone_ID_38286
 EKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKMYSYQDLSDALAKMFSSFTMGNYGAQG
 Clon Ceres_720160 -----
 : :: : : : : : : :

10

Clone_ID_38286
 MIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLA
 Clon Ceres_720160 -----
 :: : : : : : : : :

15

Clone_ID_38286 PRAMEKYCKNRS
 Clon Ceres_720160 -----
 :

20

- **Clon Ceres:643750 Organismo:3847 Solapado:0 FL5:1**

25

Identidad: 63,9%

30

Clone_ID_38286 ---MI---
 GQLMNLKATELCGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQSNKE
 Clon Ceres_643750 MTTMLTNEHGLSLNLKATELCGLPGGGSEVETPR--ATG-
 KRGFSETVDLKLNLQTKED
 * . * .***.*****.***. * .*****.*****....

35

Clone_ID_38286
 GSVDLKNVSAVPKEKTTLKDPSPKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNMMTQKQTSSGAEEASSEK
 Clon Ceres_643750 LNENLKNVS---KEKTLLKDP-----
 .:*****.*****.***** * : : :

40

Clone_ID_38286
 AGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRKVDLKMYSYQDLSDALAKMFSSFTMGNYGAQGM
 Clon Ceres_643750 -----
 : :: : : : : : : :

45

Clone_ID_38286
 DFMNESKLMNLLNSSEYVPSYEDKGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPR
 Clon Ceres_643750 -----
 : : : : : : : : :

50

Clone_ID_38286 AMEKYCKNRS
 Clon Ceres_643750 -----
 :

55

- **gi|51471876|gb|AAU04408.1| proteína inducida por auxina 22D [Citrus limon]**

60

Identidad: 44,3%

65

Clone_ID_38286 MIGQL-----MNLKATELCGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLM
 gi|51471876|gb|AAU04408.1| METSVPYENDLNLKATELRGLPGSDENEQQTRN----NKRS LPTDPD-
 -
 * .: .*****.***** * : : : : : : : : *

ES 2 364 152 T3

```

LNLSQSNKSGVLDKNVSAVPKEKTTLKDPSKPPAKAQVVGWPPVRNRYRKN
gi|51471876|gb|AAU04408.1|-----DLD----TKDKS---DEAASVAKAQVVGWPPIRSRYRKN
      . .      .** . . . . . . . *****.* ****

```

MMTQQKTSSGAEESSEKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLRLKVDLKMY
gi|51471876|gb|AAU04408.1| SLQQKKNEG-----ECAGIY-----VKVSMDGAPYLRLKIDLKLY
* ** * ** * ***** **

KSQYDLSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESKLMNLLNSSEYVPSYE
gi|51471876|gb|AAU04408.1| NG-----

Clone_ID_38286 DKGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCKNRS
gi|51471876|gb|AAU04408.1| -----
 .. . :.. :.. :

- Clon Ceres:701483 Organismo:311987 Solapado:0 FL5:1

Identidad: 42,9%

Clone_ID_38286 MIGQLMNLKATELCGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDMLNQLSN----
KEGSV
Clon Ceres_701483 MAGADV DVG-TELRLGLPGGG-----
ADAAKAARKGFEDTIDLKLPLTAGMEEEAAAAA
 * * ... **

Clone_ID_38286 DLKNVSAVPKEK----TTLKDPSKPPA-
KAQVVGWPPVRNYRKNMMTQQKTSSGAE EASS
Clon Ceres_701483
AAKPEPAAEKARPAEAPADA EKPPAPKAQAVGWPPVRSYRRNVMTVQSVKSKKEEEX
* * * * * . * * * * * * * * * * * * * * * * * * *

Clone_ID_38286
EKAGNFGGGAAGAGLVKVSMDGAPYLKVDLKMYSYQDLSDALAKMFSSFTMGNYGAQG
Clon Ceres_701483 KQQ----SAANAG-----
 .. ** *..

Clone_ID_38286
MIDFMNISKLMNLLNSSEYVPSYEDKGDWMLVGDPWEMFVESCRLRIMKGSEAIGLA
Clon Ceres_701483 -----
 ::: ::: . ::: ::: ::: ::: :::

Clone_ID_38286 PRAMEKYCKNRS
Clon Ceres_701483 -----

- **Clon Ceres:1114464 Organismo:3708 Solapado:0 FL5:1**

Identidad: 83,7%

ES 2 364 152 T3

5

10

15

20

25

- 30

35

40

45

50

55

60

- 65

239

ES 2 364 152 T3

```

5      Clone_ID_38286
      MIGQLMNLKATELCLGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQSNKEGSDLKN
      Clon Ceres_1612071  -----FFIMSMCIRIS-----TSFYCANQLVMLFWLIIGTPRVIKIYN
      :: :: :*:.. : : : : : * .. : *

10     Clone_ID_38286
      VSAVPKEKTTLKDPSKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNMMTQQKTSSGAEEASSEKAGNFGGG
      Clon Ceres_1612071  -----
      : : : : : :

15     Clone_ID_38286
      AAGAGLVKVSMGAPYLRKVDLKMYSYQDLSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESK
      Clon Ceres_1612071  -----MSFEMSFFFQDDNE-----HTNYSIDKPWKIFETAS
      :: : : : * : ** : : : : * : : : :

20     Clone_ID_38286
      LMNLLNSSEYVPSYEDKGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCK
      Clon Ceres_1612071  HIFRVSPHYVISYINMKFFFFMS----
      TRMFVESCKRLRIMKGKEAIGLAPRAVEK-CK
      : .. ** * : : : : ***** *****.* **

25     Clone_ID_38286      NRS
      Clon Ceres_1612071      NRS
      ***

30     •   Clon Ceres:1603678 Organismo:311989 Solapado:0 FL5:1

35     Identidad: 38,8%

40     Clone_ID_38286
      MIGQLMNLKATELCLGLPGGAEAVESPAKSAVGSKRGFSETVDLMLNLQSNKEGSDLKN
      Clon Ceres_1603678  -----MDTTFRLSSGGEDYGGEELELGLGLSSGAYASS-
      SNGAHSQVVGWPP
      :: :: : : * ** . : * ** . : : *

45     Clone_ID_38286
      VSAVPKEKTTLKDPSKPPAKAQVVGWPPVRNYRKNMMTQQKTSSGAEEASSEKAGNFGGG
      Clon Ceres_1603678  VKTYRMNSLLNQAKFSKNEEEKGVGGNDTSKKKNIDHENKADEVVAKES--
      -----
      * : : : : : ** : : ** : * : : :

50     Clone_ID_38286
      AAGAGLVKVSMGAPYLRKVDLKMYSYQDLSDALAKMFSSFTMGNYGAQGMIDFMNESK
      Clon Ceres_1603678  -EHSGFVKVNMDGLPIGRKVNLAHDCYETLAVALETMF-----
      .*.*** ** * ** : . : * : ** * : : : :

55     Clone_ID_38286
      LMNLLNSSEYVPSYEDKGDWMLVGDVPWEMFVESCKRLRIMKGSEAIGLAPRAMEKYCK
      Clon Ceres_1603678  ---LKACTSVTSIRRAKQ-----QRSRLLDGSSEF-----
      : : * : * . : : : : : * : * : : :

60     Clone_ID_38286      NRS
      Clon Ceres_1603678  ---

```

ES 2 364 152 T3

TABLA IV

5

Clone_ID_15650 -----
 Clon Ceres_22243
 MVLEDRKDGSSLPGRSGSFSKSSPSELDVVDPYKRISPPGSILDAEKVEKKPGGWRAVSF

10

Clone_ID_15650 -----MTDYN---YIDN---
 Clon Ceres_22243 ILGNETLERLGSIGLLANFMVYLTKVFHLEQVDAANVINIWSGFTNLTPLVGAYISDTYV
 :*: . **: .

15

Clone_ID_15650 -----MQGLITITLTASFPQLHPASCNSQDPLSCGGPNKLQIGVLLLGLCFL
 Clon Ceres_22243 GRFKTIAFASFATLLGLITITLTASFPQLHPASCNSQDPLSCGGPNKLQIGVLLLGLCFL
 : *****

20

Clone_ID_15650 SVGSGGIRPCSIPIFGVDQFDQRTEEGVKGVASFFNWYYMTFTVVLITQTVVVYIQDQVS
 Clon Ceres_22243 SVGSGGIRPCSIPIFGVDQFDQRTEEGVKGVASFFNWYYMTFTVVLITQTVVVYIQDQVS

25

Clone_ID_15650 WIIGFSIPTGLMALAVVMFFAGMKRYVYVKPEGSIFSGIAQVIVAARKKRKLKLP AEDDG
 Clon Ceres_22243 WIIGFSIPTGLMALAVVMFFAGMKRYVYVKPEGSIFSGIAQVIVAARKKRKLKLP AEDDG

30

Clone_ID_15650 TVTYYPDAIKSSVLSKLRHSNQFRCLDKAAVVI EGDLTPEGPPADKWRLCSVQEVEEVKC
 Clon Ceres_22243 TVTYYPDAIKSSVLSKLRHSNQFRCLDKAAVVI EGDLTPEGPPADKWRLCSVQEVEEVKC

Clone_ID_15650 LIRIVPIWSAGIISLAAMTTQGTFTVSQALKMDRNLGPKFEIPAGSLSVISLLTIGIFLP
 Clon Ceres_22243 LIRIVPIWSAGIISLAAMTTQGTFTVSQALKMDRNLGPKFEIPAGSLSVISLLTIGIFLP

35

Clone_ID_15650 FYDRVFPFMRITGHKSGITLLQRIGTGIVFTIFSMIVAGIVERMRRIRSINAGDPTGM
 Clon Ceres_22243 FYDRVFPFMRITGHKSGITLLQRIGTGIVFAIFSMIVAGIVERMRRIRSINAGDPTGM

40

Clone_ID_15650 TPMSVFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQIEFFNSQFPEHMRSIANSLSLSFAGSSYLSSFL
 Clon Ceres_22243 TPMSVFWLSPQLILMGLCEAFNIIGQIEFFNSQFPEHMRSIANSLSLSFAGSSYLSSFL

45

Clone_ID_15650 VTVVHKFSGGHDPRDWLNKNLNAGKLDYFYLLIAVLGVVNLVYFWYCARGYRYKVGLPIE
 Clon Ceres_22243 VTVVHKFSGGHDPRDWLNKNLNAGKLDYFYLLIAVLGVVNLVYFWYCARGYRYKVGLPIE

50

Clone_ID_15650 DFEEDKSSDDVEMTSKKSME
 Clon Ceres_22243 DFEEDKSSDDVEMTSKKSME

Porcentaje de identidad: 97,98%

55

60

65

TABLA V

Resumen y correlación de los resultados experimentales y análisis de nucleótidos

Nº de Informe ¹ (Nº ID. SEC.)	Ceres cDNA	ID del Clon	Nº Línea ME	Información de la secuencia y resultados experimentales	Informe del análisis ortólogo	Alineación por pares con Ortólogos
32 (1)	12422368	15650	ME03118	Tabla I-A	Tabla II-A	Tabla III-A
37 (3)	12578718	121073	ME01295	Tabla I-B	Tabla II-B	Tabla III-B
38 (5)	12335951	6288	ME02032	Tabla I-C	Tabla II-C	Tabla III-C
41 (7)	13487831	38286	MR00175	Tabla I-D	Tabla II-D	Tabla III-D
57 (9)	2702830			Tabla I-E		
60 (50)	13575971	3086056		Tabla I-F		
61 (63 and 65)	2997404			Tabla I-G		
62 (67)	13649807			Tabla I-H		
64 (91)	2706693			Tabla I-I		
(93)	12711144	4268909		Tabla I-J		
				Tabla I-K		

¹ Los números de informe pueden ir seguidos de identificadores numéricos adicionales que indiquen la versión del informe (p. ej. 32.1).

Referencias

Masucci JD and Schiefelbein JW. (1996) Hormones act downstream of TTG and GL2 to promote root hair outgrowth during epidermis development in the Arabidopsis root. *Plant Cell* 8: 1505-1517.

Nagpal P, Walker LM, Young JC, Asonawalda A, Timppte C, Estelle M, and Reed JW. (2000) AXR2 encodes a member of the Aux/IAA protein family. *Plant Physiology* 123: 563-573.

Schachtman DP, Reid RJ, and Ayling SM. (1998) Phosphorus uptake by plants: from soil to cell. *Plant Physiology* 116: 447-453.

Mori S. (1999) Iron acquisition by plants. *Curr Opin Plant Biol* 2: 250-253.

Raghothama KG. (1999) Phosphate acquisition. *Annu Rev Plant Physiol Plant Mol Biol* 50: 665-693.

Schmidt W. (1999) Mechanisms and regulation of reduction-based iron uptake in plants. *New Phytology* 141: 1-26.

Bonser AM, Lynch J, and Snapp S. (1996) Effect of phosphorus deficiency on growth angle of basal roots of *Phaseolus vulgaris* L. *New Phytology* 132: 281-288.

Romera FJ, Alcantara E, and de la Guardia MD. (1999) Ethylene production by Fe-deficient roots and its involvement in the regulation of Fe-deficiency stress responses by strategy I plants. *Ann Bot* 83: 51-55.

Landsberg EC. (1981) Fe stress induced transfer cell formation: regulated by auxin? *Plant Physiology* 67: S-100.

Schmidt W, Tittel J, and Schikora A. (2000) Role of hormones in the induction of Fe deficiency responses in Arabidopsis roots. *Plant Physiology* 122: 1109-1118.

Schmidt W and Schikora A. (2001) Different pathways are involved in phosphate and iron stress induced alterations of root epidermal cell development *Plant Physiol*, April 2001, Vol. 125, pp. 2078-2084.

Friml J. (2003) Auxin transport: shaping the plant. *Curr Opin Plant Biol* 6: 7-12.

Rawat S, Silim S, Kronzucker H, Siddiqi M, and Glass A (1999) AtAMT1 expression and NH₄⁺ uptake in roots of *Arabidopsis thaliana*: evidence for regulation by root glutamine levels. *Plant Journal* 19:143-152.

Referencias citadas en la descripción

La lista de referencias citada por el solicitante lo es solamente para utilidad del lector, no formando parte de los documentos de patente europeos. Aún cuando las referencias han sido cuidadosamente recopiladas, no pueden excluirse errores u omisiones y la OEP rechaza toda responsabilidad a este respecto.

Documentos de patente citado en la descripción

- EP 0511979 A [0007] • EP 0465875 A [0066]
- WO 9621737 A [0007] • EP 292435 A [0066]
- US 5689052 A [0015] • AU 1732188 A [0086]
- EP 120516 A [0064] • US 60564659 B [0136] [0137]
- WO 9506128 A [0066] • US 200514197 W [0137]
- EP 0513849 A [0066]

Bibliografía de patentes citada en la descripción

- **Salomon et al.** *EMBO J.*, 1984, vol. 3, 141 [0020] [0064]
- **Herrera-Estrella et al.** *EMBO J.*, 1983, vol. 2, 987 [0020] [0064]
- **Escudero et al.** *Plant J.*, 1996, vol. 10, 355 [0020]
- **Ishida et al.** *Nature Biotechnology*, 1996, vol. 14, 745 [0020]
- **May et al.** *Bio/Technology*, 1995, vol. 13, 486 [0020]
- **Armaleo et al.** *Current Genetics*, 1990, vol. 17, 97 [0020]
- **Wang; Goodman.** *Plant J.*, 1995, vol. 8, 37 [0020]
- **Smith; Waterman.** *Add. APL. Math.*, 1981, vol. 2, 482 [0020]
- **Needleman; Wunsch.** *J. Mol. Biol.*, 1970, vol. 48, 443 [0020]
- **Pearson; Lipman.** *Proc. Natl. Acad. Sci. (USA)*, 1988, vol. 85, 2444 [0020]
- **Koltonow et al.** *Plant Cell*, 1990, vol. 2, 1201 [0020]
- **Xu et al.** *Plant Mol. Biol.*, 1995, vol. 27, 237 [0020]
- **Yamamoto et al.** *Plant Cell*, 1991, vol. 3, 371 [0020]
- Hybridization with Nucleic Acid Probes. P. **Tijessen**. *Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology. Elsevier*, 1993 [0020]
- **Bonner et al.** *J. Mol. Biol.*, 1993, vol. 81, 123 [0020]
- **Swiedrych A et al.** *J Agric Food Chem*, 2002, vol. 50 (7), 2137-41 [0022]
- **Herskowitz.** *Nature*, 1987, vol. 329, 219-222 [0031] [0043]
- **Sambrook et al.** *Molecular Cloning: a laboratory manual. Cold Spring Harbor Laboratory Press*, 1989 [0035]
- **Caruthers et al.** *Nuc. Acids Res. Symp. Ser.*, 1980, vol. 7, 215-233 [0035]
- **Chow; Kempe.** *Nuc. Acids Res.*, 1981, vol. 9, 2807-2817 [0035]
- **Gelfand.** *PCR Technology, Principles and Applications for DNA Amplification. Stockton Press*, 1989 [0035]
- Transgenic plants. **Willmitzer**, L. *Biotechnology, A Multi-Volume Comprehensive Treatise. VCH*, 1993, vol. 2, 627-659 [0062]

- **Klein et al.** *Nature*, 1987, vol. 327, 773 [0063]
- Transgenic plants. **Willmitzer**, L. *Biotechnology, A Multi-Volume Comprehensive Treatise. VCH Weinheim*, 1993, vol. 2, 627-659 [0063]
- 5 • **Hoekema**. The Binary Plant Vector System Offsetdrukkerij Kanters B.V., *Alblasserdam*. 1985 [0064]
- **Fraley et al.** *Crit. Rev. Plant. Sci.*, vol. 4, 1-46 [0064]
- 10 • **An et al.** *EMBO J.*, 1985, vol. 4, 277-287 [0064]
- **McCormac et al.** *Mol. Biotechnol.*, 1997, vol. 8, 199 [0064]
- **Hamilton.** *Gene*, 1997, vol. 200, 107 [0064]
- 15 • **Hamilton**, CM. *Gene*, 1997, vol. 200, 107 [0064]
- **Müller et al.** *Mol. Gen. Genet.*, 1987, vol. 207, 171 [0064]
- 20 • **Komari et al.** *Plant J.*, 1996, vol. 10, 165 [0064]
- **Venkateswarlu et al.** *Biotechnology*, 1991, vol. 9, 1103 [0064]
- **Gleave**. AP., *Plant Mol. Biol.*, 1992, vol. 20, 1203 [0064]
- 25 • **Graves; Goldman.** *Plant Mol. Biol.*, 1986, vol. 7, 34 [0064]
- **Gould et al.** *Plant Physiology*, 1991, vol. 95, 426 [0064]
- 30 • **Chan et al.** *Plant Mol. Biol.*, 1993, vol. 22, 491-506 [0066]
- **Hiei et al.** *Plant J.*, 1994, vol. 6, 271-282 [0066]
- **Deng et al.** *Science in China*, 1990, vol. 33, 28-34 [0066]
- 35 • **Wilmink et al.** *Plant Cell Reports*, 1992, vol. 11, 76-80 [0066]
- **May et al.** *Bio/Technology*, 1995, vol. 13, 486-492 [0066]
- 40 • **Conner; Domisse.** *Int. J. Plant Sci.*, 1992, vol. 153, 550-555 [0066]
- **Ritchie et al.** *Transgenic Res.*, 1993, vol. 2, 252-265 [0066]
- **Fromm et al.** *Biotechnology*, 1990, vol. 8, 833-844 [0066]
- 45 • **Gordon-Kamm et al.** *Plant Cell*, 1990, vol. 2, 603-618 [0080]
- **Kozziel et al.** *Biotechnology*, 1993, vol. 11, 194-200 [0066]
- 50 • **Shillito et al.** *Bio/Technology*, 1989, vol. 7, 581 [0066]
- **Prioli; Söndahl.** *Bio/Technology*, 1989, vol. 7, 589 [0066]
- **Nehra et al.** *Plant J.*, 1994, vol. 5, 285-297 [0067]
- 55 • **Wan; Lemaux.** *Plant Physiol.*, 1994, vol. 104, 37-48 [0068]
- **Vasil et al.** *Bio/Technology*, 1993, vol. 11, 1553-1558 [0068]
- 60 • **Ritala et al.** *Plant Mol. Biol.*, 1994, vol. 24, 317-325 [0068]
- **Masucci JD; Schiefelbein JW.** Hormones act downstream of TTG and GL2 to promote root hair outgrowth during epidermis development in the Arabidopsis root. *Plant Cell*, 1996, vol. 8, 1505-1517 [0135]
- 65 • **Nagpal P; Walker LM; Young JC; Asonawalda A; Timppte C; Estelle M; Reed JW.** AXR2 encodes a member of the Aux/IAA protein family. *Plant Physiology*, 2000, vol. 123, 563-573 [0135]

• **Schachtman DP; Reid RJ; Ayling SM.** Phosphorus uptake by plants: from soil to cell. *Plant Physiology*, 1998, vol. 116, 447-453 [0135]

• **Mori S.** Iron acquisition by plants. *Curr Opin Plant Biol*, 1999, vol. 2, 250-253 [0135]

• **Raghothama KG.** Phosphate acquisition. *Annu Rev Plant Physiol Plant Mol Biol*, 1999, vol. 50, 665-693 [0135]

• **Schmidt W.** Mechanisms and regulation of reduction- based iron uptake in plants. *New Phytology*, 1999, vol. 141, 1-26 [0135]

• **Bonser AM; Lynch J; Snapp S.** Effect of phosphorus deficiency on growth angle of basal roots of *Phaseolus vulgaris* L. *New Phytology*, 1996, vol. 132, 281-288 [0135]

• Current Protocols In Molecular Biology. *John Wiley & Sons*, 1988, vol. 2 [0035]

• **Tingey et al.** *EMBO J.*, 1987, vol. 6, 1-9 [0037]

• **Edwards et al.** *Proc. Nat. Acad. Sci. USA*, 1990, vol. 87, 3459-3463 [0037]

• **Salina et al.** *Plant Cell*, 1992, vol. 4, 1485-1493

• **Donn et al.** *J. Mol. Appl. Genet.*, 1984, vol. 2, 549-562 [0040]

• **Offringa et al.** *EMBO J.*, 1990, vol. 9, 3077-84 [0048]

• **Kanevskii et al.** *Dokl. Akad. Nauk. SSSR*, 1990, vol. 312, 1505-1507

• **Jefferson.** *Plant Molec Biol. Rep.*, 1987, vol. 5, 387-405 [0050]

• **Ow et al.** *Science*, 1986, vol. 234, 856-859 [0050]

• **Goff et al.** *EMBO J.*, 1990, vol. 9, 2517-2522 [0050]

• **Shizuya et al.** *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1992, vol. 89, 8794-8797 [0053]

• **Hamilton et al.** *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 1996, vol. 93, 9975-9979 [0053]

• **Burke et al.** *Science*, 1987, vol. 236, 806-812 [0053]

• **Stenberg N. et al.** *Proc Natl Acad Sci U S A.*, 1990, vol. 87 (1), 103-7 [0053]

• **Bradshaw et al.** *Nucl Acids Res*, 1995, vol. 23, 4850-4856 [0053]

• **Frischauf et al.** *J. Mol Biol*, 1983, vol. 170, 827-842

• **Huynh et al.** *DNA Cloning: A practical Approach*, 1985, vol. 1 [0053]

• **Walden et al.** *Mol Cell Biol*, 1990, vol. 1, 175-194 [0053]

• **Weising et al.** *Ann. Rev. Genet.*, 1988, vol. 22, 421

• **Christou.** *Euphytica*, 1995, vol. 85 (1-3), 13-27 [0059]

• **Fromm et al.** *Proc. Natl Acad Sci. USA*, 1985, vol. 82, 5824 [0061]

• **Paszkowski et al.** *EMBO J.*, 1984, vol. 3, 2717 [0062]

• **Spencer et al.** *Theor. Appl. Genet.*, 1990, vol. 79, 625-631 [0068]

• **McCormick et al.** *Plant Cell Reports*, 1986, vol. 5, 81-84 [0070]

• Protoplasts Isolation and Culture. **Evans et al.** *Handbook of Plant Cell Culture*. MacMillan Publishing Company, 1983, 124-176 [0071]

• **Binding.** Regeneration of Plants, Plant Protoplasts. *CRC Press*, 1988, 21-73 [0071]

• **Klee et al.** *Ann. Rev. of Plant Phys.*, 1987, vol. 38, 467 [0071]

- **Hosoyama et al.** *Biosci. Biotechnol. Biochem.*, 1994, vol. 58, 1500 [0071]
- **Ghosh et al.** *J. Biotechnol.*, 1994, vol. 32, 1 [0071]
- 5 • **Bevan.** *Nuc. Acid Res.*, 1984, vol. 12, 8711-8721 [0079]
- **Horsch et al.** *Science*, 1985, vol. 227, 1229-1231 [0079]
- **Bevan et al.** *Ann. Rev. Genet.*, 1982, vol. 16, 357-384 [0079]
- 10 • **Rogers et al.** *Methods Enzymol.*, 1986, vol. 118, 627-641 [0079]
- **Hernalsteen et al.** *EMBO J*, 1984, vol. 3, 3039-3041 [0079]
- 15 • **Hooykass-Van Slogteren et al.** *Nature*, 1984, vol. 311, 763-764 [0079]
- **Grimsley et al.** *Nature*, 1987, vol. 325, 1677-179 [0079]
- **Boulton et al.** *Plant Mol. Biol.*, 1989, vol. 12, 31-40 [0079]
- 20 • **Gould et al.** *Plant Physiol.*, 1991, vol. 95, 426-434 [0079]
- **Paszkowski et al.** *EMBO J*, 1984, vol. 3, 2717-2722 [0080]
- 25 • **Potrykus et al.** *Molec. Gen. Genet.*, 1985, vol. 199, 169-177 [0080]
- **Fromm et al.** *Proc. Nat Acad. Sci. USA*, 1985, vol. 82, 5824-5828 [0080]
- **Shimamoto.** *Nature*, 1989, vol. 338, 274-276 [0080]
- 30 • **D'Halluin et al.** *Plant Cell*, 1992, vol. 4, 1495-1505 [0080]
- **Kaeppler et al.** *Plant Cell Reporter*, 1990, vol. 9, 415-418 [0080]
- 35 • **Klein et al.** *Proc. Nat. Acad. Sci. USA*, 1988, vol. 85, 4305-4309 [0080]
- **Hewitt, E. J.** Sand and Water Culture Methods Used in the Study of Plant Nutrition. Commonwealth Agricultural Bureaux, 1966 [0087]
- 40 • **Hewitt, E. J.** Plant Mineral Nutrition. English University. *Press*, 1975 [0087]
- **Moran; Porath.** Chlorophyll determination in intact tissues using N,N-dimethylformamide. *Plant Physiol.*, 1980, vol. 65, 478-479 [0100]
- 45 • **Moran.** Formulae for determination of chlorophyllous pigments extracted with N,N-dimethylformamide. *Plant Physiol.*, 1982, vol. 69, 1376-1381 [0101]
- **Romera FJ; Alcantara E; de la Guardia MD.** Ethylene production by Fe-deficient roots and its involvement in the regulation of Fe-deficiency stress responses by strategy I plants. *Ann Bot*, 1999, vol. 83, 51-55 [0135]
- 50 • **Landsberg EC.** Fe stress induced transfer cell formation: regulated by auxin?. *Plant Physiology*, vol. 67, S-100 [0135]
- **Schmidt W; Tittel J; Schikora A.** Role of hormones in the induction of Fe deficiency responses in Arabidopsis roots. *Plant Physiology*, 2000, vol. 122, 1109-1118 [0135]
- 55 • **Schmidt W; Schikora A.** Different pathways are involved in phosphate and iron stress induced alterations of root epidermal cell development. *Plant Physiol*, April 2001, vol. 125, 2078-2084 [0135]
- 60 • **Friml J.** Auxin transport: shaping the plant. *Curr Opin Plant Biol*, 2003, vol. 6, 7-12 [0135]
- **Rawat S; Silim S; Kronzucker H; Siddiqi M; Glass A.** AtAMT1 expression and NH₄⁺ uptake in roots of *Arabidopsis thaliana*: evidence for regulation by root glutamine levels. *Plant Journal*, 1999, vol. 19, 143-152 [0135]

REIVINDICACIONES

1. Utilización de un ácido nucleico para mejorar las características de eficiencia en el uso del nitrógeno de una planta transgénica, en comparación con una planta de tipo natural cultivada en las mismas condiciones, en la que el ácido nucleico incluye una molécula aislada de ácido nucleico que comprende:

(a) un ácido nucleico con una secuencia de nucleótido que codifique una secuencia de aminoácido que presente al menos una identidad de secuencia del 80% con la ID SEC. N° 2;

(b) un ácido nucleico que sea un complemento de una secuencia de nucleótido de acuerdo con el párrafo (a); en el que la secuencia del nucleótido y/o la secuencia del aminoácido desempeñan una función en la eficiencia del uso del nitrógeno.

2. Utilización de acuerdo con la reivindicación 1, en la que la molécula aislada de ácido nucleico codifica una secuencia de aminoácido que presenta al menos una identidad de secuencia del 85% con la ID SEC. N° 2.

3. Utilización de acuerdo con la reivindicación 2, en la que la molécula aislada de ácido nucleico codifica una secuencia de aminoácido que presenta al menos una identidad de secuencia del 90% con la ID SEC. N° 2.

4. Utilización de acuerdo con la reivindicación 3, en la que la molécula aislada de ácido nucleico codifica una secuencia de aminoácido que presenta al menos una identidad de secuencia del 95% con la ID SEC. N° 2.

5. Utilización de acuerdo con la reivindicación 4, en la que la molécula aislada de ácido nucleico codifica una secuencia de aminoácido que presenta al menos una identidad de secuencia del 96% con la ID SEC. N° 2.

6. Utilización de acuerdo con la reivindicación 5, en la que la molécula aislada de ácido nucleico codifica una secuencia de aminoácido que presenta al menos una identidad de secuencia del 97% con la ID SEC. N° 2.

7. Utilización de acuerdo con la reivindicación 6, en la que la molécula aislada de ácido nucleico codifica una secuencia de aminoácido que presenta al menos una identidad de secuencia del 98% con la ID SEC. N° 2.

8. Utilización de acuerdo con la reivindicación 7, en la que la molécula aislada de ácido nucleico codifica una secuencia de aminoácido que presenta al menos una identidad de secuencia del 99% con la ID SEC. N° 2.

9. Utilización de acuerdo con la reivindicación 8, en la que la molécula aislada de ácido presenta la secuencia de nucleótido de acuerdo con la ID SEC. N° 1.

10. Utilización de acuerdo con la reivindicación 1, en la que dicha secuencia de aminoácido comprende un polipéptido acorde con la secuencia de consenso recogida en la Tabla 11-A.

11. Utilización de acuerdo con la reivindicación 1, en la que dicha secuencia de aminoácido tiene una secuencia acorde con con la ID SEC. N° 2.

12. Utilización de un polipéptido para mejorar las características de eficiencia en el uso del nitrógeno de una planta transgénica en comparación con una planta natural cultivada en las mismas condiciones, en la que el polipéptido comprende un polipéptido aislado que comprende una secuencia de aminoácido que presenta al menos una identidad de secuencia del 80% con la ID SEC. N° 2.

13. Utilización de acuerdo con la reivindicación 12, en la que el polipéptido comprende una secuencia de aminoácido que presenta al menos una identidad de secuencia del 85% con la ID SEC. N° 2.

14. Utilización de acuerdo con la reivindicación 13, en la que el polipéptido comprende una secuencia de aminoácido que presenta al menos una identidad de secuencia del 90% con la ID SEC. N° 2.

15. Utilización de acuerdo con la reivindicación 14, en la que el polipéptido comprende una secuencia de aminoácido que presenta al menos una identidad de secuencia del 90% con la ID SEC. N° 2.

16. Utilización de acuerdo con la reivindicación 15, en la que el polipéptido comprende una secuencia de aminoácido que presenta al menos una identidad de secuencia del 96% con la ID SEC. N° 2.

17. Utilización de acuerdo con la reivindicación 16, en la que el polipéptido comprende una secuencia de aminoácido que presenta al menos una identidad de secuencia del 97% con la ID SEC. N° 2.

18. Utilización de acuerdo con la reivindicación 17, en la que el polipéptido comprende una secuencia de aminoácido que presenta al menos una identidad de secuencia del 98% con la ID SEC. N° 2.

ES 2 364 152 T3

19. Utilización de acuerdo con la reivindicación 18, en la que el polipéptido comprende una secuencia de aminoácido que presenta al menos una identidad de secuencia del 99% con la ID SEC. N° 2.

20. Utilización de acuerdo con la reivindicación 19, en la que el polipéptido comprende una secuencia de aminoácido incluida en la ID SEC. N° 2.

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

Figura 1: La acción de la sulfoxinina de metionina (MSX) en la inhibición de la asimilación del N

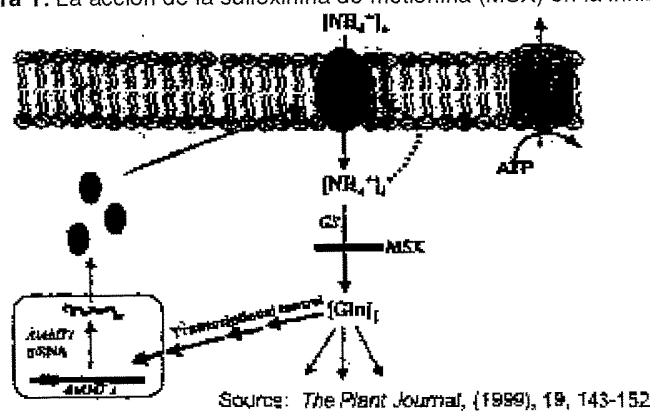
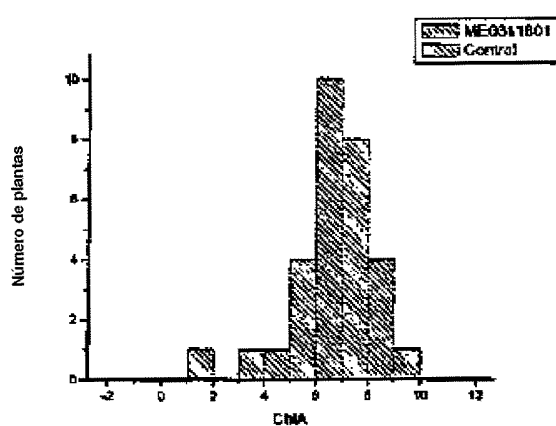


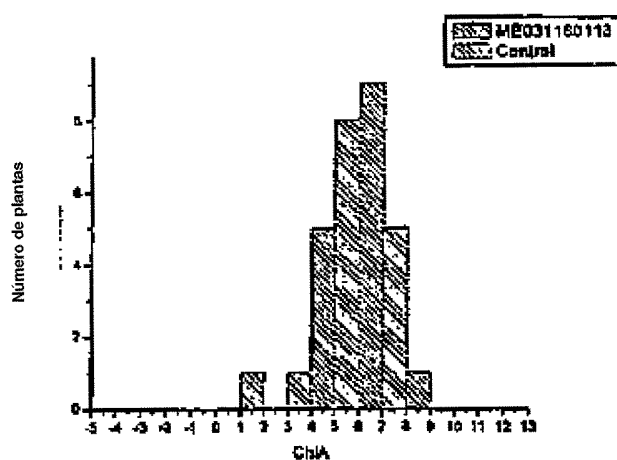
Figura 2A:



Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas

	ME0311601	Natural
Media	5.234532	3.956908
Varianza	0.523149058	2.977614
Observaciones	15	16
Hipótesis de diferencia de medias	0	
Df	20	
t Estad.	2.717872152	
P(T<=t) unilateral	0.006524514	
t Crítica unilateral	1.724718004	
P(T<=t) bilateral	0.013249029	
t Crítica bilateral	2.085962478	

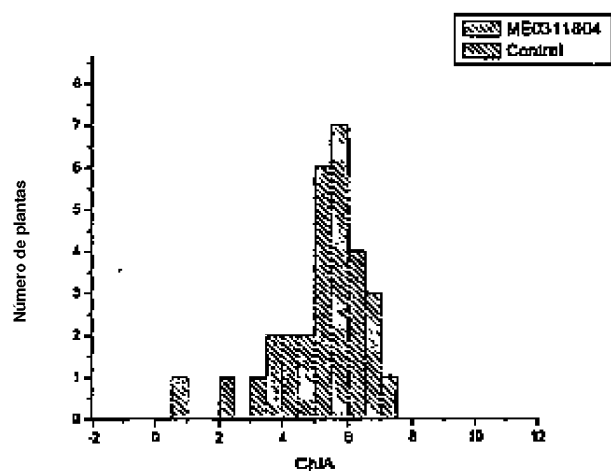
Figura 2B:



Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas

	ME031160113	Natural
Media	4.49333625	3.341614
Varianza	0.881510336	2.232849
Observaciones	16	16
Hipótesis de diferencia de medias	0	
Df	26	
t Estad.	2.610498577	
P(T<=t) unilateral	0.007529992	
t Crítica unilateral	1.708140189	
P(T<=t) bilateral	0.015059985	
t Crítica bilateral	2.05953711	

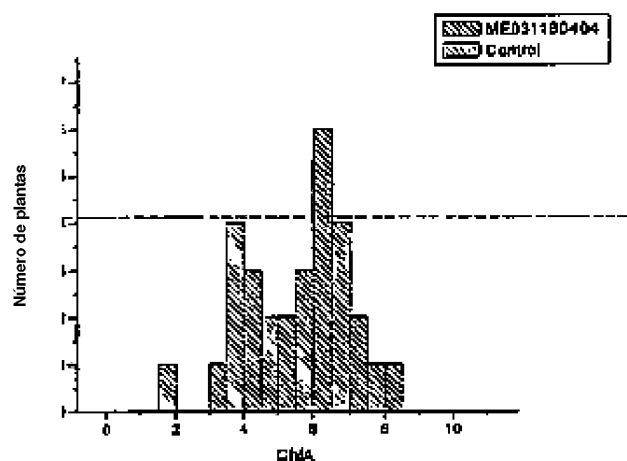
Figura 2C:



Test t:: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas

	ME03118-04	Natural
Media	3.5936475	3.279368
Varianza	1.328772682	1.84119
Observaciones	16	16
Hipótesis de diferencia de medias	0	
Df	29	
t Estad.	0.706077313	
P(T<=t) unilateral	0.242887119	
t Crítica unilateral	1.699127097	
P(T<=t) bilateral	0.485774238	
t Crítica bilateral	2.045230758	

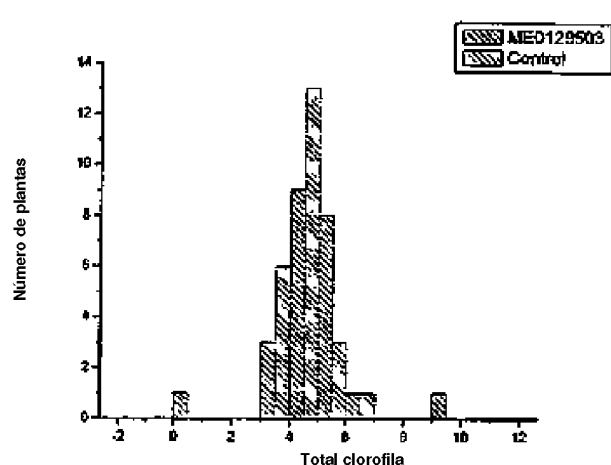
Figura 2D:



Test t:: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas

	ME03118-04-04	Natural
Media	4.036711875	3.127781
Varianza	1.023590733	1.700367
Observaciones	16	16
Hipótesis de diferencia de medias	0	
Df	28	
t Estad.	2.202878703	
P(T<=t) unilateral	0.018000291	
t Crítica unilateral	1.701130259	
P(T<=t) bilateral	0.036000583	
t Crítica bilateral	2.048409442	

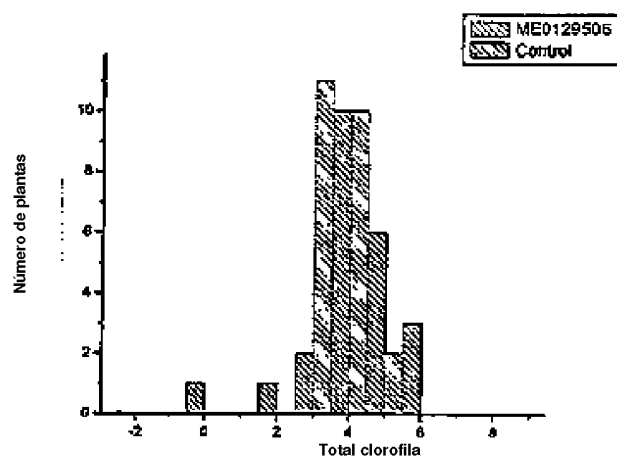
Figura 3A:



Test t:: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas

	ME01295-03	Control
Media	4.887079565	4.393664
Varianza	2.342093245	0.486821
Observaciones	23	23
Hipótesis de diferencia de medias	0	
Df	31	
t Estad.	1.408910692	
P(T<=t) unilateral	0.084700482	
t Crítica unilateral	1.695518677	
P(T<=t) bilateral	0.169400965	
t Crítica bilateral	2.039514564	

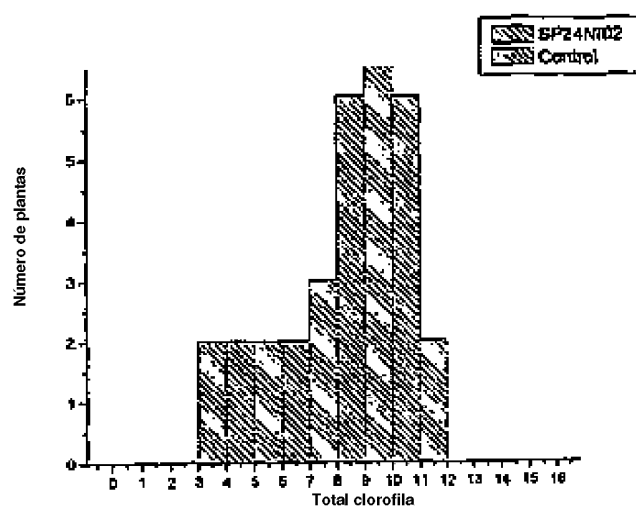
Figura 3B:



Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas

	ME01295-06	Control
Media	4.061457391	3.638791
Varianza	1.55673318	0.397889
Observaciones	23	23
Hipótesis de diferencia de medias	0	
Df	33	
t Estad.	1.449872821	
P(T<=t) unilateral	0.078286152	
t Crítica unilateral	1.692360456	
P(T<=t) bilateral	0.156572304	
t Crítica bilateral	2.03451691	

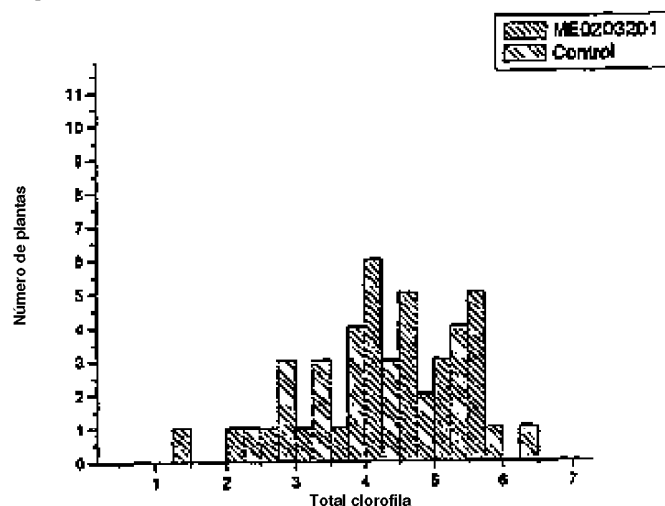
Figura 3C:



Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas

	SP24N102	Variable 2
Media	8.994429	7.528631
Varianza	3.964067	6.367482
Observaciones	16	16
Hipótesis de diferencia de medias	0	
Df	28	
t Estad.	1.824112	
P(T<=t) unilateral	0.039413	
t Crítica unilateral	1.70113	
P(T<=t) bilateral	0.078825	
t Crítica bilateral	2.048409	

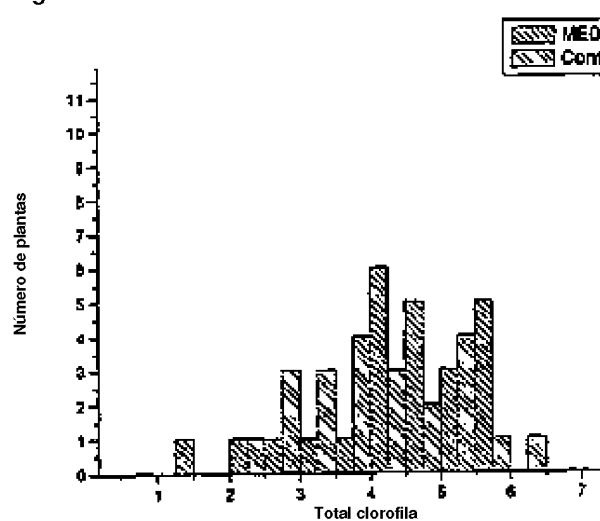
Figura 4A:



Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas

	ME0232-01	Control
Media	4.58965913	4.054807
Varianza	0.87390213	1.379765
Observaciones	23	23
Hipótesis de diferencia de medias	0	
Df	42	
t Estad.	1.869010268	
P(T<=t) unilateral	0.034302704	
t Crítica unilateral	1.681851289	
P(T<=t) bilateral	0.068605407	
t Crítica bilateral	2.016087341	

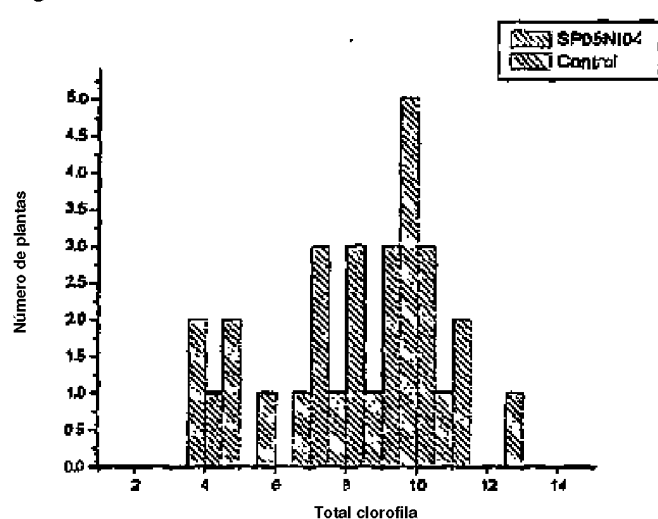
Figura 4B:



Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas

	ME020320-1	Control
Media	5.127941739	4.590376
Varianza	1.308988988	1.608095
Observaciones	23	23
Hipótesis de diferencia de medias	0	
Df	44	
t Estad.	1.500456469	
P(T<=t) unilateral	0.069165198	
t Crítica unilateral	1.680230071	
P(T<=t) bilateral	0.138330397	
t Crítica bilateral	2.0153675	

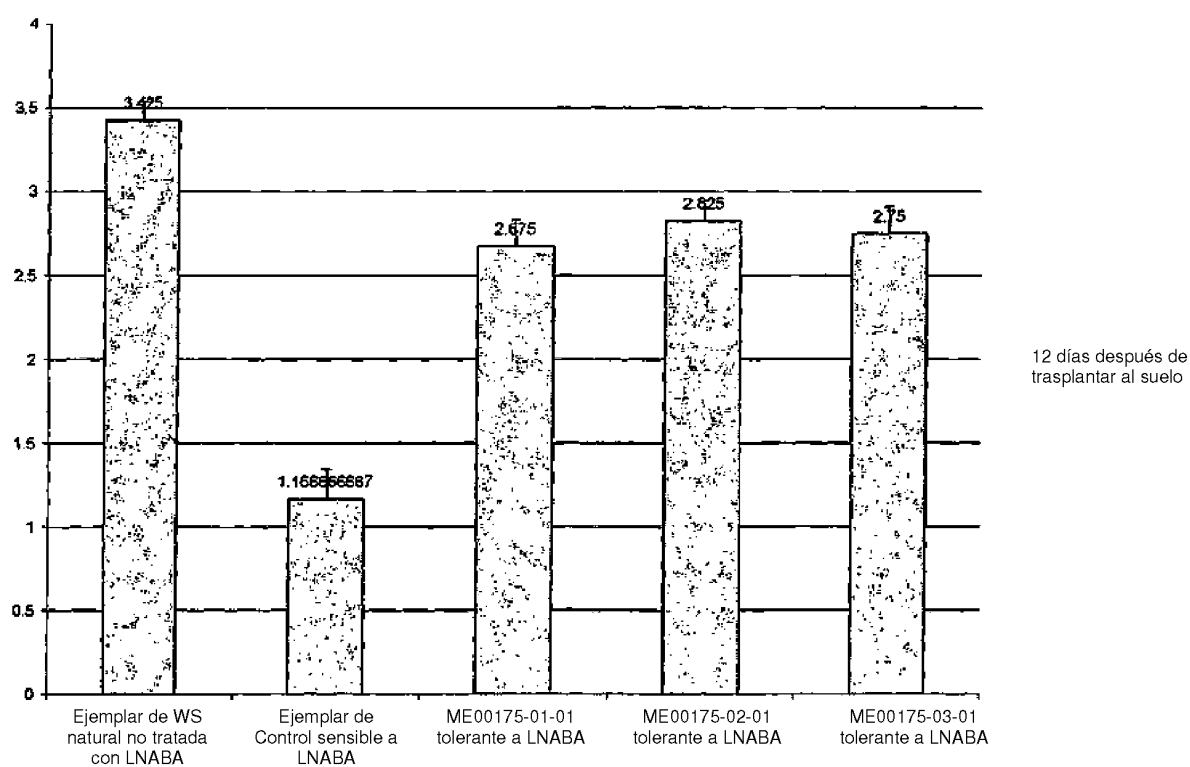
Figura 4C:



Test t: Dos muestras, asumiendo diferencia entre las Varianzas

	SP05NI04	Control
Media	9.057984	7.659252
Varianza	2.7287979	7.54709
Observaciones	15	15
Hipótesis de diferencia de medias	0	
Df	23	
t Estad.	1.689936813	
P(T<=t) unilateral	0.052276532	
t Crítica unilateral	1.713870006	
P(T<=t) bilateral	0.104551064	
t Crítica bilateral	2.068654794	

Figura 5:



ES 2 364 152 T3

LISTA DE SECUENCIAS

5 <110> Margolles-Clark, Emilio
Schneeberger, Richard
Magpantay, Gerard

10 <120> SECUENCIAS DE NUCLEÓTIDOS Y POLIPÉPTIDOS MODIFICADOS POR ELLAS, ÚTILES PARA LA
MODIFICACIÓN DE LAS CARACTERÍSTICAS DE EFICACIA DE UTILIZACIÓN DE NITRÓGENO EN
PLANTAS

<130> 2750-2143PUS2

15 <150> US 60/564,659
<151> 2004-04-23

<160> 219

20 <170> PatentIn version 3.3

<210> 1

25 <211> 1654
<212> ADN
<213> *Arabidopsis thaliana*

30 <220>
<221> carac_divers
<222> (1)..(496)
<223> Secuencia obtenida *in planta* utilizando el clon Ceres 15650 y el Ceres cDNA 12422368

35 <220>
<221> CDS
<222> (45)..(1535)

40

45

50

55

60

65

ES 2 364 152 T3

<400> 1

5	attatagaat atctaataat gaagaatcgg tttcaaaatt aata atg act gat tat	56
	Met Thr Asp Tyr	
	1	
10	aat tac att gac aac atg cag gga cta ata aca att aca ctc aca gca	104
	Asn Tyr Ile Asp Asn Met Gln Gly Leu Ile Thr Ile Thr Leu Thr Ala	
	5 10 15 20	
15	tcg ttt cct caa ctc cac cca gca tca tgc aac agc cag gac cca ctc	152
	Ser Phe Pro Gln Leu His Pro Ala Ser Cys Asn Ser Gln Asp Pro Leu	
	25 30 35	
20	agt tgc ggc ggt ccg aat aag ctc cag atc gga gtt ttg cta ttg gga	200
	Ser Cys Gly Gly Pro Asn Lys Leu Gln Ile Gly Val Leu Leu Leu Gly	
	40 45 50	
25	ctc tgt ttc ctc tcc gta ggg agt gga gga ata cga cct tgt agc atc	248
	Leu Cys Phe Leu Ser Val Gly Ser Gly Gly Ile Arg Pro Cys Ser Ile	
	55 60 65	
30	cct ttt ggg gtt gat cag ttt gac caa cga act gag gaa ggg gtt aaa	296
	Pro Phe Gly Val Asp Gln Phe Asp Gln Arg Thr Glu Glu Gly Val Lys	
	70 75 80	
35	gga gtg gcc agt ttc ttc aac tgg tat tac atg act ttc act gtg gtt	344
	Gly Val Ala Ser Phe Phe Asn Trp Tyr Tyr Met Thr Phe Thr Val Val	
	85 90 95 100	
40	ctg atc att acg cag acc gta gtt gtg tat atc cag gat caa gtc agt	392
	Leu Ile Ile Thr Gln Thr Val Val Val Tyr Ile Gln Asp Gln Val Ser	
	105 110 115	
45	tgg att atc ggt ttt agt atc cct acc gga ctc atg gct ctt gcg gtt	440
	Trp Ile Ile Gly Phe Ser Ile Pro Thr Gly Leu Met Ala Leu Ala Val	
	120 125 130	
50	gtt atg ttt ttt gcc gga atg aag cgt tat gtc tac gtt aaa cca gaa	488
	Val Met Phe Phe Ala Gly Met Lys Arg Tyr Val Tyr Val Lys Pro Glu	
	135 140 145	
55	gga agt ata ttc tct ggg atc gct caa gtt atc gtg gca gct cgt aag	536
	Gly Ser Ile Phe Ser Gly Ile Ala Gln Val Ile Val Ala Ala Arg Lys	
	150 155 160	
60	aag cga aag ctg aaa ctt ccg gcg gaa gat gac ggc act gtc acc tat	584
65		

ES 2 364 152 T3

5	Lys Arg Lys Leu Lys Leu Pro Ala Glu Asp Asp Gly Thr Val Thr Tyr 165 170 175 180	
10	tac gac cca gcc atc aag tct agc gtg tta tcc aag tta cac cgc agt Tyr Asp Pro Ala Ile Lys Ser Ser Val Leu Ser Lys Leu His Arg Ser 185 190 195	632
15	aac caa ttc agg tgt ctt gac aaa gcc gcg gtg gtt ata gaa ggt gac Asn Gln Phe Arg Cys Leu Asp Lys Ala Ala Val Val Ile Glu Gly Asp 200 205 210	680
20	cta aca ccc gag gga cct ccc gca gac aag tgg cgg tta tgc agc gtc Leu Thr Pro Glu Gly Pro Pro Ala Asp Lys Trp Arg Leu Cys Ser Val 215 220 225	728
25	caa gaa gtg gaa gaa gtg aag tgt ttg atc cga att gtt cct atc tgg Gln Glu Val Glu Glu Val Lys Cys Leu Ile Arg Ile Val Pro Ile Trp 230 235 240	776
30	tcg gcc gga ata atc tca ctc gcg gcc atg aca aca caa ggc act ttc Ser Ala Gly Ile Ile Ser Leu Ala Ala Met Thr Thr Gln Gly Thr Phe 245 250 255	824
35	acg gtc tct caa gct ttg aaa atg gat cga aac tta ggt cct aaa ttc Thr Val Ser Gln Ala Leu Lys Met Asp Arg Asn Leu Gly Pro Lys Phe 265 270 275	872
40	gag att ccg gct ggt tca ctc tcc gtc atc tct ctc ctc aca atc ggc Glu Ile Pro Ala Gly Ser Leu Ser Val Ile Ser Leu Leu Thr Ile Gly 280 285 290	920
45	atc ttt ctt ccc ttc tac gac cgc gtt ttt gta cca ttc atg cgg cga Ile Phe Leu Pro Phe Tyr Asp Arg Val Phe Val Pro Phe Met Arg Arg 295 300 305	968
50	atc acc ggc cat aaa tcc gga atc aca ctc ctc caa agg ata gga aca Ile Thr Gly His Lys Ser Gly Ile Thr Leu Leu Gln Arg Ile Gly Thr 310 315 320	1016
55	ggg atc gtt ttc acg atc ttt tct atg atc gtt gcg ggc att gtg gag Gly Ile Val Phe Thr Ile Phe Ser Met Ile Val Ala Gly Ile Val Glu 325 330 335 340	1064
60	cgt atg aga cgc ata cgc tcc atc aat gcc gga gat cca acg gga atg Arg Met Arg Arg Ile Arg Ser Ile Asn Ala Gly Asp Pro Thr Gly Met 345 350 355	1112
65	act cca atg tcg gtg ttt tgg ctt tcg ccg cag cta att ctc atg gga Thr Pro Met Ser Val Phe Trp Leu Ser Pro Gln Leu Ile Leu Met Gly 360 365 370	1160
70	cta tgt gaa gca ttc aat atc atc gga caa att gag ttc ttc aac agt Leu Cys Glu Ala Phe Asn Ile Ile Gly Gln Ile Glu Phe Phe Asn Ser 375 380 385	1208
75	cag ttt cca gag cac atg aga agt atc gct aat tct ctc ttc tct tta Gln Phe Pro Glu His Met Arg Ser Ile Ala Asn Ser Leu Phe Ser Leu 390 395 400	1256
80	tcg ttc gcc ggt tcg agc tac ctt agt agt ttc ctt gtg act gtc gtt Ser Phe Ala Gly Ser Tyr Leu Ser Ser Leu Val Thr Val Val 405 410 415 420	1304
85	cat aaa ttc tcc ggt ggg cat gat cgt ccg gat tgg cta aac aag aat His Lys Phe Ser Gly Gly His Asp Arg Pro Asp Trp Leu Asn Lys Asn 425 430 435	1352

ES 2 364 152 T3

```

ctc aac gcg gga aaa ttg gat tac ttc tat tat ctg att gcg gtt ttg      1400
Leu Asn Ala Gly Lys Leu Asp Tyr Phe Tyr Tyr Leu Ile Ala Val Leu
      440                      445                      450

5

ggg gtg gtt aat ctg gtt tac ttt tgg tat tgt gct cgg gga tac cgg      1448
Gly Val Val Asn Leu Val Tyr Phe Trp Tyr Cys Ala Arg Gly Tyr Arg
      455                      460                      465

10

tac aag gtc ggt tta ccg att gaa gac ttt gag gag gac aag tcc tcc      1496
Tyr Lys Val Gly Leu Pro Ile Glu Asp Phe Glu Glu Asp Lys Ser Ser
      470                      475                      480

15

gat gat gtt gag atg act tcc aag aaa tcg atg gaa tga tttaatatagac      1545
Asp Asp Val Glu Met Thr Ser Lys Lys Ser Met Glu
485                      490                      495

tattccttagg gacaacaaga agattgtcga tgttggttga ataattacta tgacaatgta      1605

20

tgtatcataa tatgtaagaa ctagaatata taataaattt ttaccttcc      1654

```

<210> 2

25 <211> 496

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

30 <400> 2

```

Met Thr Asp Tyr Asn Tyr Ile Asp Asn Met Gln Gly Leu Ile Thr Ile
1      5      10      15

35

Thr Leu Thr Ala Ser Phe Pro Gln Leu His Pro Ala Ser Cys Asn Ser
      20      25      30

40

Gln Asp Pro Leu Ser Cys Gly Gly Pro Asn Lys Leu Gln Ile Gly Val
      35      40      45

Leu Leu Leu Gly Leu Cys Phe Leu Ser Val Gly Ser Gly Gly Ile Arg
50      55      60

45

Pro Cys Ser Ile Pro Phe Gly Val Asp Gln Phe Asp Gln Arg Thr Glu
65      70      75      80

50

Glu Gly Val Lys Gly Val Ala Ser Phe Phe Asn Trp Tyr Tyr Met Thr
      85      90      95

Phe Thr Val Val Leu Ile Ile Thr Gln Thr Val Val Val Tyr Ile Gln
100      105      110

55

Asp Gln Val Ser Trp Ile Ile Gly Phe Ser Ile Pro Thr Gly Leu Met
115      120      125

60

Ala Leu Ala Val Val Met Phe Phe Ala Gly Met Lys Arg Tyr Val Tyr
130      135      140

Val Lys Pro Glu Gly Ser Ile Phe Ser Gly Ile Ala Gln Val Ile Val
145      150      155      160

65

```

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

Leu Asn Lys Asn Leu Asn Ala Gly Lys Leu Asp Tyr Phe Tyr Tyr Leu
 435 440 445

5

Ile Ala Val Leu Gly Val Val Asn Leu Val Tyr Phe Trp Tyr Cys Ala
 450 455 460

10

Arg Gly Tyr Arg Tyr Lys Val Gly Leu Pro Ile Glu Asp Phe Glu Glu
 465 470 475 480

15

Asp Lys Ser Ser Asp Asp Val Glu Met Thr Ser Lys Lys Ser Met Glu
 485 490 495

<210> 3
 <211> 519
 <212> DNA
 <213> *Arabidopsis thaliana*
 <220>
 <221> carac_divers
 <222> (1)..(519)
 <223> Clon Ceres 121073 y Ceres cDNA ID 12578718

30

<220>
 <221> CDS
 <222> (50)..(301)

35

<400> 3

aacaacttta aatctttaat agaaaaaaaa taagcaacta acaaaaaaaaa atg gag gcc 58
 Met Glu Ala
 1

40

gag aaa aca cca ccg acg acg aca aca acg acg gag aag aaa acg gag 106
 Glu Lys Thr Pro Pro Thr Thr Thr Thr Thr Thr Glu Lys Lys Thr Glu
 5 10 15

45

caa gtg aaa gac aac gac ttg ccg acc gat agc cct tac atg gct acg 154
 Gln Val Lys Asp Asn Asp Leu Pro Thr Asp Ser Pro Tyr Met Ala Thr
 20 25 30 35

50

ggt act ttg gaa gat tac aaa ttg aaa gct tat gga gcc gaa ggt cac 202
 Gly Thr Leu Glu Asp Tyr Lys Leu Lys Ala Tyr Gly Ala Glu Gly His
 40 45 50

55

caa gag cct act cct ggt ctt gga ggt ggc tcc acc gat gct cct act 250
 Gln Glu Pro Thr Pro Gly Leu Gly Gly Gly Ser Thr Asp Ala Pro Thr
 55 60 65

cct tct ggc gac gca ccc gcc gcc act acc acc gat gcg aaa gct ccg 298
 Pro Ser Gly Asp Ala Pro Ala Ala Thr Thr Thr Asp Ala Lys Ala Pro
 70 75 80

60

tga aaaaaagaaa gactataata atgaacaggt tttgtggatc gtoggaaaac 351
 aaaccataa ttgtagtatg ttcaataact gatccagctt cgtttcttaa cgtttttatg 411
 gtttaattaa aaatgtatgt gcgtctaata ctgaatgcta aagttogagt ttcgtatcaa 471

65

atgaagttgt aacgatttaa taattaatgt gaagcttatt tctttttg 519

ES 2 364 152 T3

<210> 4

<211> 83

<212> PRT

5 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 4

```

10      Met Glu Ala Glu Lys Thr Pro Pro Thr Thr Thr Thr Thr Thr Glu Lys
      1          5          10          15

      Lys Thr Glu Gln Val Lys Asp Asn Asp Leu Pro Thr Asp Ser Pro Tyr
      20          25          30

15      Met Ala Thr Gly Thr Leu Glu Asp Tyr Lys Leu Lys Ala Tyr Gly Ala
      35          40          45

20      Glu Gly His Gln Glu Pro Thr Pro Gly Leu Gly Gly Gly Ser Thr Asp
      50          55          60

      Ala Pro Thr Pro Ser Gly Asp Ala Pro Ala Ala Thr Thr Thr Asp Ala
25      65          70          75          80

      Lys Ala Pro

```

<210> 5

30 <211> 989

<212> DNA

<213> *Arabidopsis thaliana*

35 <220>

<221> carac_divers

<222> (1)..(989)

40 <223> Clon Ceres 6288 y Ceres cDNA ID 12335951

<220>

<221> CDS

45 <222> (95)..(802)

<400> 5

```

50      tccctgaaga aaattgaaag gagcttaata aacagaagcc gttctccttc actttcgttc      60
      ctctcacttc catacaacat ttgaaacctc agct atg cct aaa tca aag cga gat      115
                                Met Pro Lys Ser Lys Arg Asp
                                1          5

55      aga cca gtg act ttg tct aag acg aag aag aaa gga aga gag cat aag      163
      Arg Pro Val Thr Leu Ser Lys Thr Lys Lys Lys Gly Arg Glu His Lys
      10          15          20

      gag tgt att gtg aat gga att agg gag gct gtt gaa aaa tat tcc tct      211
      Glu Cys Ile Val Asn Gly Ile Arg Glu Ala Val Glu Lys Tyr Ser Ser
      25          30          35

60      gtc tat gtt ttc tct ttt gaa aac atg aga aat atc aaa ttc aag gag      259
      Val Tyr Val Phe Ser Phe Glu Asn Met Arg Asn Ile Lys Phe Lys Glu
      40          45          50          55

65      ttt agg cag cag ttt agg cac aat gga aag ttc ttc cta ggt tcg aac      307
      Phe Arg Gln Gln Phe Arg His Asn Gly Lys Phe Phe Leu Gly Ser Asn

```


ES 2 364 152 T3

	60	65	70	
5	aaa gtg atg cag gtt gct ctt ggt cgt tct gca gaa gat gaa ctc cgt Lys Val Met Gln Val Ala Leu Gly Arg Ser Ala Glu Asp Glu Leu Arg 75 80 85	355		
10	tct ggt atc tac aaa gtc tcc aag ctg ctt cgt ggt gat act gga ctt Ser Gly Ile Tyr Lys Val Ser Lys Leu Leu Arg Gly Asp Thr Gly Leu 90 95 100	403		
15	ctt gtt act gat atg cca aag gaa gaa gtc gaa agc tta ttt aac gct Leu Val Thr Asp Met Pro Lys Glu Glu Val Glu Ser Leu Phe Asn Ala 105 110 115	451		
20	tat gag gat tcc gac ttt tca agg acc gga agc att gca gta gaa acg Tyr Glu Asp Ser Asp Phe Ser Arg Thr Gly Ser Ile Ala Val Glu Thr 120 125 130 135	499		
25	gtt gaa ctg aag gaa ggt cct cta gaa cag ttc aca cat gag atg gaa Val Glu Leu Lys Glu Gly Pro Leu Glu Gln Phe Thr His Glu Met Glu 140 145 150	547		
30	cca ctt ctt cgg aag ctt gaa atg cct gta cga cta aac aaa ggt act Pro Leu Leu Arg Lys Leu Glu Met Pro Val Arg Leu Asn Lys Gly Thr 155 160 165	595		
35	gtg gag ttg gtc gct gac ttt gta gtt tgt gaa gaa gga aaa caa ctt Val Glu Leu Val Ala Asp Phe Val Val Cys Glu Glu Gly Lys Gln Leu 170 175 180	643		
40	tcg cca aaa tca gcc cac att ttg cgt cta ttg cga atg aag atg gct Ser Pro Lys Ser Ala His Ile Leu Arg Leu Leu Arg Met Lys Met Ala 185 190 195	691		
45	act ttc aag ctg aac ttg ctc tgc aga tgg agc cct agt gac ttt gag Thr Phe Lys Leu Asn Leu Leu Cys Arg Trp Ser Pro Ser Asp Phe Glu 200 205 210 215	739		
50	ctt tac aga gaa gat ctg tca gag ctt tac cga gaa gat ctc tca gac Leu Tyr Arg Glu Asp Leu Ser Glu Leu Tyr Arg Glu Asp Leu Ser Asp 220 225 230	787		
55	gtt gaa acc tct tag gaagccaaga ttttgactcc accctttaaa tttttcttaa Val Glu Thr Ser 235	842		
60	tatcatcact atcacatgga ttttatattg ttggcacatgg tttgcattca aatgttttaa	902		
65	gtcaaagttt tgcttgcttt acatatattg tagaatatca acttatcttc aagaaccccc	962		
	tatcctaata ttggcaaadc aatcttg	989		
50	<210> 6			
	<211> 235			
	<212> PRT			
55	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>			
	<400> 6			
60	Met Pro Lys Ser Lys Arg Asp Arg Pro Val Thr Leu Ser Lys Thr Lys 1 5 10 15			
65	Lys Lys Gly Arg Glu His Lys Glu Cys Ile Val Asn Gly Ile Arg Glu 20 25 30			

ES 2 364 152 T3

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

<210> 7

50 <211> 1195

<212> DNA

<213> *Arabidopsis thaliana*

55 <220>

<221> carac_diversas

<222> (1)..(1195)

<223> Clon Ceres 38286 y Ceres cDNA ID 13487831

60

<220>

<221> CDS

<222> (58)..(789)

65

ES 2 364 152 T3

<400> 7

	cttccccctct taccttttca gagagagaaa caatatattct aatctattac aagtaac	57
5	atg atc ggc caa ctt atg aac ctc aag gcc acg gag ctc tgt ctc ggc Met Ile Gly Gln Leu Met Asn Leu Lys Ala Thr Glu Leu Cys Leu Gly 1 5 10 15	105
10	ctc ccc ggc ggc gct gaa gca gtt gag agt cct gcc aaa tcg gcg gtg Leu Pro Gly Gly Ala Glu Ala Val Glu Ser Pro Ala Lys Ser Ala Val 20 25 30	153
15	gga agc aag aga ggc ttc tcc gaa acc gtt gat ctc atg ctc aat ctt Gly Ser Lys Arg Gly Phe Ser Glu Thr Val Asp Leu Met Leu Asn Leu 35 40 45	201
20	caa tct aac aaa gaa ggc tcc gtt gat ctc aaa aac gtt tct gct gtt Gln Ser Asn Lys Glu Gly Ser Val Asp Leu Lys Asn Val Ser Ala Val 50 55 60	249
25	ccc aag gag aag act acc ctt aaa gat cct tct aag cct cct gct aaa Pro Lys Glu Lys Thr Thr Leu Lys Asp Pro Ser Lys Pro Pro Ala Lys 65 70 75 80	297
30	gca caa gtg gtg gga tgg cca cct gtg agg aac tac agg aag aac atg Ala Gln Val Val Gly Trp Pro Pro Val Arg Asn Tyr Arg Lys Asn Met 85 90 95	345
35	atg act cag cag aag acc agt agt ggt gcg gag gag gcc agc agt gag Met Thr Gln Gln Lys Thr Ser Ser Gly Ala Glu Glu Ala Ser Ser Glu 100 105 110	393
40	aag gcc ggg aac ttt ggt gga gga gca gcc gga gcc ggc ttg gtg aag Lys Ala Gly Asn Phe Gly Gly Gly Ala Ala Gly Ala Gly Leu Val Lys 115 120 125	441
45	gtc tcc atg gac ggt gct cca tat ctg agg aaa gtt gac ctc aag atg Val Ser Met Asp Gly Ala Pro Tyr Leu Arg Lys Val Asp Leu Lys Met 130 135 140	489
50	tac aaa agc tac cag gat ctt tct gat gca ttg gcc aaa atg ttc agc Tyr Lys Ser Tyr Gln Asp Leu Ser Asp Ala Leu Ala Lys Met Phe Ser 145 150 155 160	537
55	tcc ttt act atg gga aac tat gga gca caa gga atg att gat ttc atg Ser Phe Thr Met Gly Asn Tyr Gly Ala Gln Gly Met Ile Asp Phe Met 165 170 175	585
60	aac gag agc aag cta atg aat ctg ctg aat agc tct gag tat gtg cca Asn Glu Ser Lys Leu Met Asn Leu Leu Asn Ser Ser Glu Tyr Val Pro 180 185 190	633
65	agc tac gag gac aaa gat ggt gac tgg atg ctc gtt ggc gat gtc cca Ser Tyr Glu Asp Lys Asp Gly Asp Trp Met Leu Val Gly Asp Val Pro 195 200 205	681
70	tgg gaa atg ttt gtc gag tct tgc aaa cgt ttg cgc att atg aag gga Trp Glu Met Phe Val Glu Ser Cys Lys Arg Leu Arg Ile Met Lys Gly 210 215 220	729
75	tct gaa gca att gga ctt gct ccg aga gca atg gag aag tac tgc aag Ser Glu Ala Ile Gly Leu Ala Pro Arg Ala Met Glu Lys Tyr Cys Lys 225 230 235 240	777
80	aac aga tct tga attaataaaa aaaaaaagaa gcatcaatga tcaacaatat Asn Arg Ser	829

ES 2 364 152 T3

```

gacgggttct tgatttttta tgtattttta tgattgtatg tggctatcac ctatatatgt      889
gtgttgtaat tttaaatact tgatgggtat atagggcagt attttaccag taagatgtgg      949
5  acaaacttgt aatgtgacca aaagagagga aacttcaata tctctgtggt tgtgtcatat    1009
   ttattgcccc acatgtgtct gtcgggttga tgatcaatca caacttgata tgtgcataca    1069
10  tataaatgtg tgtatgtagg tgtgtgtaca tgtacatgtg ttttgatccc tactctgcta    1129
   cttgtcgttt cttgtgtgtg ttatctaata gttttttccc aaaatgaata attcgttggt    1189
   atgttt                                           1195

```

15

<210> 8

<211> 243

20 <212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 8

25

```

Met Ile Gly Gln Leu Met Asn Leu Lys Ala Thr Glu Leu Cys Leu Gly
1           5           10           15

```

30

```

Leu Pro Gly Gly Ala Glu Ala Val Glu Ser Pro Ala Lys Ser Ala Val
          20           25           30

```

35

```

Gly Ser Lys Arg Gly Phe Ser Glu Thr Val Asp Leu Met Leu Asn Leu
          35           40           45

```

40

```

Gln Ser Asn Lys Glu Gly Ser Val Asp Leu Lys Asn Val Ser Ala Val
          50           55           60

```

45

```

Pro Lys Glu Lys Thr Thr Leu Lys Asp Pro Ser Lys Pro Pro Ala Lys
65           70           75           80

```

```

Ala Gln Val Val Gly Trp Pro Pro Val Arg Asn Tyr Arg Lys Asn Met
          85           90           95

```

50

```

Met Thr Gln Gln Lys Thr Ser Ser Gly Ala Glu Glu Ala Ser Ser Glu
          100          105          110

```

55

```

Lys Ala Gly Asn Phe Gly Gly Gly Ala Ala Gly Ala Gly Leu Val Lys
          115          120          125

```

```

Val Ser Met Asp Gly Ala Pro Tyr Leu Arg Lys Val Asp Leu Lys Met
          130          135          140

```

60

```

Tyr Lys Ser Tyr Gln Asp Leu Ser Asp Ala Leu Ala Lys Met Phe Ser
145          150          155          160

```

65

```

Ser Phe Thr Met Gly Asn Tyr Gly Ala Gln Gly Met Ile Asp Phe Met
          165          170          175

```

ES 2 364 152 T3

	Asn Glu Ser Lys Leu Met Asn Leu Leu Asn Ser Ser Glu Tyr Val Pro	
	180 185 190	
5	Ser Tyr Glu Asp Lys Asp Gly Asp Trp Met Leu Val Gly Asp Val Pro	
	195 200 205	
	Trp Glu Met Phe Val Glu Ser Cys Lys Arg Leu Arg Ile Met Lys Gly	
	210 215 220	
10	Ser Glu Ala Ile Gly Leu Ala Pro Arg Ala Met Glu Lys Tyr Cys Lys	
	225 230 235 240	
15	Asn Arg Ser	
	<210> 9	
	<211> 1638	
	<212> DNA	
20	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>	
	<220>	
	<221> CDS	
25	<222> (1)..(1638)	
	<223> Ceres cDNA ID 2702830	
	<400> 9	
30		
	atg gct tcc att gat gaa gaa agg tca ctt ctt gaa gtt gaa gaa tct 48	
	Met Ala Ser Ile Asp Glu Glu Arg Ser Leu Leu Glu Val Glu Glu Ser	
	1 5 10 15	
35	ctt ata cag gaa gaa gta aaa tta tat gct gaa gat ggt tca ata gat 96	
	Leu Ile Gln Glu Glu Val Lys Leu Tyr Ala Glu Asp Gly Ser Ile Asp	
	20 25 30	
40	att cat gga aac cca cca ttg aag cag aca aca gga aac tgg aaa gct 144	
	Ile His Gly Asn Pro Pro Leu Lys Gln Thr Thr Gly Asn Trp Lys Ala	
	35 40 45	
45	tgt cca ttc att ttt gca aac gaa tgc tgc gaa cgg ttg gct tat tat 192	
	Cys Pro Phe Ile Phe Ala Asn Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr	
	50 55 60	
50	gga att gcc aag aat ctc atc acg tac ttc aca aat gaa ttg cat gag 240	
	Gly Ile Ala Lys Asn Leu Ile Thr Tyr Phe Thr Asn Glu Leu His Glu	
	65 70 75 80	
55	act aat gtt tct gct gct aga cac gtc atg aca tgg caa gga aca tgt 288	
	Thr Asn Val Ser Ala Ala Arg His Val Met Thr Trp Gln Gly Thr Cys	
	85 90 95	
60	tac atc act cct ctt att gga gct tta ata gct gat gct tac tgg gga 336	
	Tyr Ile Thr Pro Leu Ile Gly Ala Leu Ile Ala Asp Ala Tyr Trp Gly	
	100 105 110	
65	aga tat tgg act att gct tgt ttc tct gcc att tat ttc acc gga atg 384	
	Arg Tyr Trp Thr Ile Ala Cys Phe Ser Ala Ile Tyr Phe Thr Gly Met	
	115 120 125	
65	gtt gca ttg aca ctc tca gct tca gtt ccg ggt ctt aag cca gcg gaa 432	
	Val Ala Leu Thr Leu Ser Ala Ser Val Pro Gly Leu Lys Pro Ala Glu	
	130 135 140	

ES 2 364 152 T3

5	tgc att ggc tct cta tgt cca cca gca aca atg gtt cag tct acg gtt	480
	Cys Ile Gly Ser Leu Cys Pro Pro Ala Thr Met Val Gln Ser Thr Val	
	145 150 155 160	
	tta ttt tca ggg ctt tac ctt atc gct ctt ggc act gga gga atc aaa	528
	Leu Phe Ser Gly Leu Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys	
10	cca tgt gtc tca tcc ttt ggt gct gat cag ttt gat aag acc gat cca	576
	Pro Cys Val Ser Ser Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Lys Thr Asp Pro	
	180 185 190	
	agc gaa cga gtc aga aaa gct tct ttc ttt aac tgg ttt tac ttc act	624
	Ser Glu Arg Val Arg Lys Ala Ser Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Phe Thr	
20	atc aac att ggt gct ttt gtt tca tct act gtt cta gtt tgg att caa	672
	Ile Asn Ile Gly Ala Phe Val Ser Ser Thr Val Leu Val Trp Ile Gln	
	210 215 220	
	gag aat tat gga tgg gaa tta gga ttc ttg ata cct acc gtg ttc atg	720
	Glu Asn Tyr Gly Trp Glu Leu Gly Phe Leu Ile Pro Thr Val Phe Met	
25	gga ctt gct act atg agt ttc ttc ttt ggc acg ccg ctt tat aga ttt	768
	Gly Leu Ala Thr Met Ser Phe Phe Phe Gly Thr Pro Leu Tyr Arg Phe	
	245 250 255	
	cag aaa ccg aga ggt agc ccg att act agc gtc tgc caa gtt ctt gta	816
	Gln Lys Pro Arg Gly Ser Pro Ile Thr Ser Val Cys Gln Val Leu Val	
35	gcc gca tac cgt aaa tcg aat ctc aag gtc cct gaa gac tcc acg gac	864
	Ala Ala Tyr Arg Lys Ser Asn Leu Lys Val Pro Glu Asp Ser Thr Asp	
	275 280 285	
	gaa gga gat gca aac act aac ccg tgg aag cta tgt acc gtg act caa	912
	Glu Gly Asp Ala Asn Thr Asn Pro Trp Lys Leu Cys Thr Val Thr Gln	
45	gtc gaa gaa gtt aag att ctg tta cgt ttg gtc ccc att tgg gcc tca	960
	Val Glu Glu Val Lys Ile Leu Leu Arg Leu Val Pro Ile Trp Ala Ser	
	305 310 315 320	
	gga atc atc ttc tca gtt ctc cat tca cag att tac act ctc ttt gtt	1008
	Gly Ile Ile Phe Ser Val Leu His Ser Gln Ile Tyr Thr Leu Phe Val	
50	caa caa gga cgg tgc atg aaa cga acc atc ggc tta ttc gaa atc cct	1056
	Gln Gln Gly Arg Cys Met Lys Arg Thr Ile Gly Leu Phe Glu Ile Pro	
	340 345 350	
	ccc gca act ctc ggg atg ttc gac act gca agt gtt ctc ata tct gtc	1104
	Pro Ala Thr Leu Gly Met Phe Asp Thr Ala Ser Val Leu Ile Ser Val	
60	cca atc tat gac cgc gtc atc gtt ccc tta gtg aga cgg ttc aca ggc	1152
	Pro Ile Tyr Asp Arg Val Ile Val Pro Leu Val Arg Arg Phe Thr Gly	
	370 375 380	
	tta gct aaa gga ttc acc gag cta caa aga atg ggg att ggt ctt ttt	1200
	Leu Ala Lys Gly Phe Thr Glu Leu Gln Arg Met Gly Ile Gly Leu Phe	
65	gtc tct gtt ttg agc ttg aca ttt gca gct atc gtt gag acg gtt cgg	1248
	Val Ser Val Leu Ser Leu Thr Phe Ala Ala Ile Val Glu Thr Val Arg	
	385 390 395 400	

ES 2 364 152 T3

	405	410	415	
5	tta cag tta gct aga gat ctt gat cta gtg gaa agt gga gac att gtt Leu Gln Leu Ala Arg Asp Leu Asp Leu Val Glu Ser Gly Asp Ile Val 420 425 430	1296		
10	cca tta aac atc ttt tgg caa atc cct cag tac ttt tta atg ggc act Pro Leu Asn Ile Phe Trp Gln Ile Pro Gln Tyr Phe Leu Met Gly Thr 435 440 445	1344		
15	gct gga gtt ttc ttc ttt gtt ggg agg att gag ttt ttc tat gag caa Ala Gly Val Phe Phe Phe Val Gly Arg Ile Glu Phe Phe Tyr Glu Gln 450 455 460	1392		
20	tct cca gat tca atg aga agc ttg tgt agt gct tgg gct ctt ctc act Ser Pro Asp Ser Met Arg Ser Leu Cys Ser Ala Trp Ala Leu Leu Thr 465 470 475 480	1440		
25	act aca cta gga aac tac ttg agc tcg ttg atc att acc ctt gtg gcg Thr Thr Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Ser Leu Ile Ile Thr Leu Val Ala 485 490 495	1488		
30	tat ttg agc gga aaa gat tgt tgg att cct tca gac aac att aac aat Tyr Leu Ser Gly Lys Asp Cys Trp Ile Pro Ser Asp Asn Ile Asn Asn 500 505 510	1536		
35	gga cat ctt gat tac ttc ttc tgg ctt ttg gtc agt ctt gga tct gtt Gly His Leu Asp Tyr Phe Phe Trp Leu Leu Val Ser Leu Gly Ser Val 515 520 525	1584		
40	aac ata cct gtt ttt gtc ttc ttc tct gtg aaa tat act cat atg aag Asn Ile Pro Val Phe Val Phe Phe Ser Val Lys Tyr Thr His Met Lys 530 535 540	1632		
45	ggt tga Val 545	1638		
50	<210> 10 <211> 545 <212> PRT <213> <i>Arabidopsis thaliana</i>			
55	<400> 10			
60	Met Ala Ser Ile Asp Glu Glu Arg Ser Leu Leu Glu Val Glu Glu Ser 1 5 10 15			
65	Leu Ile Gln Glu Glu Val Lys Leu Tyr Ala Glu Asp Gly Ser Ile Asp 20 25 30			
70	Ile His Gly Asn Pro Pro Leu Lys Gln Thr Thr Gly Asn Trp Lys Ala 35 40 45			
75	Cys Pro Phe Ile Phe Ala Asn Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr 50 55 60			
80	Gly Ile Ala Lys Asn Leu Ile Thr Tyr Phe Thr Asn Glu Leu His Glu 65 70 75 80			
85	Thr Asn Val Ser Ala Ala Arg His Val Met Thr Trp Gln Gly Thr Cys			

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

5 Pro Ala Thr Leu Gly Met Phe Asp Thr Ala Ser Val Leu Ile Ser Val
 355 360 365
 10 Leu Ala Lys Gly Phe Thr Glu Leu Gln Arg Met Gly Ile Gly Leu Phe
 385 390 395 400
 15 Val Ser Val Leu Ser Leu Thr Phe Ala Ala Ile Val Glu Thr Val Arg
 405 410 415
 20 Leu Gln Leu Ala Arg Asp Leu Asp Leu Val Glu Ser Gly Asp Ile Val
 420 425 430
 25 Pro Leu Asn Ile Phe Trp Gln Ile Pro Gln Tyr Phe Leu Met Gly Thr
 435 440 445
 30 Ala Gly Val Phe Phe Phe Val Gly Arg Ile Glu Phe Phe Tyr Glu Gln
 450 455 460
 35 Thr Thr Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Ser Leu Ile Ile Thr Leu Val Ala
 485 490 495
 40 Tyr Leu Ser Gly Lys Asp Cys Trp Ile Pro Ser Asp Asn Ile Asn Asn
 500 505 510
 45 Gly His Leu Asp Tyr Phe Phe Trp Leu Leu Val Ser Leu Gly Ser Val
 515 520 525
 50 Asn Ile Pro Val Phe Val Phe Phe Ser Val Lys Tyr Thr His Met Lys
 530 535 540
 55 <210> 11
 <211> 545
 <212> PRT
 <213> *Arabidopsis thaliana*
 60 Met Ala Ser Ile Asp Glu Glu Arg Ser Leu Leu Glu Val Glu Glu Ser
 1 5 10 15
 65 Leu Ile Gln Glu Glu Val Lys Leu Tyr Ala Glu Asp Gly Ser Ile Asp
 20 25 30

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

5	Val Glu Glu Val Lys Ile Leu Leu Arg Leu Val Pro Ile Trp Ala Ser 305 310 315 320
10	Gly Ile Ile Phe Ser Val Leu His Ser Gln Ile Tyr Thr Leu Phe Val 325 330 335
15	Gln Gln Gly Arg Cys Met Lys Arg Thr Ile Gly Leu Phe Glu Ile Pro 340 345 350
20	Pro Ala Thr Leu Gly Met Phe Asp Thr Ala Ser Val Leu Ile Ser Val 355 360 365
25	Pro Ile Tyr Asp Arg Val Ile Val Pro Leu Val Arg Arg Phe Thr Gly 370 375 380
30	Leu Ala Lys Gly Phe Thr Glu Leu Gln Arg Met Gly Ile Gly Leu Phe 385 390 395 400
35	Val Ser Val Leu Ser Leu Thr Phe Ala Ala Ile Val Glu Thr Val Arg 405 410 415
40	Leu Gln Leu Ala Arg Asp Leu Asp Leu Val Glu Ser Gly Asp Ile Val 420 425 430
45	Pro Leu Asn Ile Phe Trp Gln Ile Pro Gln Tyr Phe Leu Met Gly Thr 435 440 445
50	Ala Gly Val Phe Phe Phe Val Gly Arg Ile Glu Phe Phe Tyr Glu Gln 450 455 460
55	Ser Pro Asp Ser Met Arg Ser Leu Cys Ser Ala Trp Ala Leu Leu Thr 465 470 475 480
60	Thr Thr Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Ser Leu Ile Ile Thr Leu Val Ala 485 490 495
65	Tyr Leu Ser Gly Lys Asp Cys Trp Ile Pro Ser Asp Asn Ile Asn Asn 500 505 510
	Gly His Leu Asp Tyr Phe Phe Trp Leu Leu Val Ser Leu Gly Ser Val 515 520 525
	Asn Ile Pro Val Phe Val Phe Phe Ser Val Lys Tyr Thr His Met Lys 530 535 540
	Val 545

ES 2 364 152 T3

<210> 12

<211> 590

<212> PRT

5 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 12

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

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	515	520	525
5	Leu Ser Ser Leu Ile Leu Thr Leu Val Ala Tyr Phe Thr Ala Leu Gly 530 535 540		
10	Gly Lys Asp Gly Trp Val Pro Asp Asp Leu Asn Lys Gly His Leu Asp 545 550 555 560		
15	Tyr Phe Phe Trp Leu Leu Val Ser Leu Gly Leu Val Asn Ile Pro Val 565 570 575		
20	Tyr Ala Leu Ile Cys Val Lys His Thr Lys Lys Lys Ala Leu 580 585 590		
25	<210> 13 <211> 585 <212> PRT <213> <i>Arabidopsis thaliana</i> <400> 13		
30	Met Gly Ser Ile Glu Glu Glu Ala Arg Pro Leu Ile Glu Glu Gly Leu 1 5 10 15		
35	Ile Leu Gln Glu Val Lys Leu Tyr Ala Glu Asp Gly Ser Val Asp Phe 20 25 30		
40	Asn Gly Asn Pro Pro Leu Lys Glu Lys Thr Gly Asn Trp Lys Ala Cys 35 40 45		
45	Pro Phe Ile Leu Gly Asn Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Gly 50 55 60		
50	Ile Ala Gly Asn Leu Ile Thr Tyr Leu Thr Thr Lys Leu His Gln Gly 65 70 75 80		
55	Asn Val Ser Ala Ala Thr Asn Val Thr Thr Trp Gln Gly Thr Cys Tyr 85 90 95		
60	Leu Thr Pro Leu Ile Gly Ala Val Leu Ala Asp Ala Tyr Trp Gly Arg 100 105 110		
65	Tyr Trp Thr Ile Ala Cys Phe Ser Gly Ile Tyr Phe Ile Gly Met Ser 115 120 125		
	Ala Leu Thr Leu Ser Ala Ser Val Pro Ala Leu Lys Pro Ala Glu Cys 130 135 140		
	Ile Gly Asp Phe Cys Pro Ser Ala Thr Pro Ala Gln Tyr Ala Met Phe 145 150 155 160		
	Phe Gly Gly Leu Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro		

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

Ile Gly Leu Phe Val Ser Val Leu Cys Met Ala Ala Ala Ala Ile Val
435 440 445

5
Glu Ile Ile Arg Leu His Met Ala Asn Asp Leu Gly Leu Val Glu Ser
450 455 460

10
Gly Ala Pro Val Pro Ile Ser Val Leu Trp Gln Ile Pro Gln Tyr Phe
465 470 475 480

15
Ile Leu Gly Ala Ala Glu Val Phe Tyr Phe Ile Gly Gln Leu Glu Phe
485 490 495

20
Phe Tyr Asp Gln Ser Pro Asp Ala Met Arg Ser Leu Cys Ser Ala Leu
500 505 510

25
Ala Leu Leu Thr Asn Ala Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Ser Leu Ile Leu
515 520 525

30
Thr Leu Val Thr Tyr Phe Thr Thr Arg Asn Gly Gln Glu Gly Trp Ile
530 535 540

35
Ser Asp Asn Leu Asn Ser Gly His Leu Asp Tyr Phe Phe Trp Leu Leu
545 550 555 560

40
Ala Gly Leu Ser Leu Val Asn Met Ala Val Tyr Phe Phe Ser Ala Ala
565 570 575

45
Arg Tyr Lys Gln Lys Lys Ala Ser Ser
580 585

<210> 14
<211> 585
<212> PRT
<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 14

50
Met Gly Ser Ile Glu Glu Glu Ala Arg Pro Leu Ile Glu Glu Gly Leu
1 5 10 15

55
Ile Leu Gln Glu Val Lys Leu Tyr Ala Glu Asp Gly Ser Val Asp Phe
20 25 30

60
Asn Gly Asn Pro Pro Leu Lys Glu Lys Thr Gly Asn Trp Lys Ala Cys
35 40 45

65
Pro Phe Ile Leu Gly Asn Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Gly
50 55 60

70
Ile Ala Gly Asn Leu Ile Thr Tyr Leu Thr Thr Lys Leu His Gln Gly
65 70 75 80

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Ile Trp Ala Ser Gly Ile Ile Phe Ser Ala Val Tyr Ala Gln Met Ser	355	360	365
5	Thr Met Phe Val Gln Gln Gly Arg Ala Met Asn Cys Lys Ile Gly Ser	370	375	380
10	Phe Gln Leu Pro Pro Ala Ala Leu Gly Thr Phe Asp Thr Ala Ser Val	385	390	395
15	Ile Ile Trp Val Pro Leu Tyr Asp Arg Phe Ile Val Pro Leu Ala Arg	405	410	415
20	Lys Phe Thr Gly Val Asp Lys Gly Phe Thr Glu Ile Gln Arg Met Gly	420	425	430
25	Ile Gly Leu Phe Val Ser Val Leu Cys Met Ala Ala Ala Ala Ile Val	435	440	445
30	Glu Ile Ile Arg Leu His Met Ala Asn Asp Leu Gly Leu Val Glu Ser	450	455	460
35	Gly Ala Pro Val Pro Ile Ser Val Leu Trp Gln Ile Pro Gln Tyr Phe	465	470	475
40	Ile Leu Gly Ala Ala Glu Val Phe Tyr Phe Ile Gly Gln Leu Glu Phe	485	490	495
45	Phe Tyr Asp Gln Ser Pro Asp Ala Met Arg Ser Leu Cys Ser Ala Leu	500	505	510
50	Ala Leu Leu Thr Asn Ala Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Ser Leu Ile Leu	515	520	525
55	Thr Leu Val Thr Tyr Phe Thr Thr Arg Asn Gly Gln Glu Gly Trp Ile	530	535	540
60	Ser Asp Asn Leu Asn Ser Gly His Leu Asp Tyr Phe Phe Trp Leu Leu	545	550	555
65	Ala Gly Leu Ser Leu Val Asn Met Ala Val Tyr Phe Phe Ser Ala Ala	565	570	575
	Arg Tyr Lys Gln Lys Lys Ala Ser Ser	580	585	
<210> 15				
<211> 586				
<212> PRT				
<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>				

ES 2 364 152 T3

<400> 15

5	Met Gly Ser Ile Glu Glu Ala Arg Pro Leu Ile Glu Glu Gly Leu	1 5 10 15
10	Ile Leu Gln Glu Val Lys Leu Tyr Ala Glu Asp Gly Ser Val Asp Phe	20 25 30
15	Asn Gly Asn Pro Pro Leu Lys Glu Lys Thr Gly Asn Trp Lys Ala Cys	35 40 45
20	Pro Phe Ile Leu Gly Asn Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Gly	50 55 60
25	Ile Ala Gly Asn Leu Ile Thr Tyr Leu Thr Thr Lys Leu His Gln Gly	65 70 75 80
30	Asn Val Ser Ala Ala Thr Asn Val Thr Thr Trp Gln Gly Thr Cys Tyr	85 90 95
35	Leu Thr Pro Leu Ile Gly Ala Val Leu Ala Asp Ala Tyr Trp Gly Arg	100 105 110
40	Tyr Trp Thr Ile Ala Cys Phe Ser Gly Ile Tyr Phe Ile Gly Met Ser	115 120 125
45	Ala Leu Thr Leu Ser Ala Ser Val Pro Ala Leu Lys Pro Ala Glu Cys	130 135 140
50	Ile Gly Asp Phe Cys Pro Ser Ala Thr Pro Ala Gln Tyr Ala Met Phe	145 150 155 160
55	Phe Gly Gly Leu Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro	165 170 175
60	Cys Val Ser Ser Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Asp Thr Asp Ser Arg	180 185 190
65	Glu Arg Val Arg Lys Ala Ser Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Phe Ser Ile	195 200 205
	Asn Ile Gly Ala Leu Val Ser Ser Ser Leu Leu Val Trp Ile Gln Glu	210 215 220
	Asn Arg Gly Trp Gly Leu Gly Phe Gly Ile Pro Thr Val Phe Met Gly	225 230 235 240
	Leu Ala Ile Ala Ser Phe Phe Phe Gly Thr Pro Leu Tyr Arg Phe Gln	245 250 255
	Lys Pro Gly Gly Ser Pro Ile Thr Arg Ile Ser Gln Val Val Val Ala	260 265 270

ES 2 364 152 T3

	Ser Phe Arg Lys Ser Ser Val Lys Val Pro Glu Asp Ala Thr Leu Leu	
	275	280 285
5	Tyr Glu Thr Gln Asp Lys Asn Ser Ala Ile Ala Gly Ser Arg Lys Ile	
	290	295 300
10	Glu His Thr Asp Asp Cys Gln Tyr Leu Asp Lys Ala Ala Val Ile Ser	
	305	310 315 320
15	Glu Glu Glu Ser Lys Ser Gly Asp Tyr Ser Asn Ser Trp Glu Asp Leu	
		325 330 335
20	Cys Thr Val Thr Gln Val Glu Glu Leu Lys Ile Leu Ile Arg Met Phe	
		340 345 350
25	Pro Ile Trp Ala Ser Gly Ile Ile Phe Ser Ala Val Tyr Ala Gln Met	
		355 360 365
30	Ser Thr Met Phe Val Gln Gln Gly Arg Ala Met Asn Cys Lys Ile Gly	
		370 375 380
35	Ser Phe Gln Leu Pro Pro Ala Ala Leu Gly Thr Phe Asp Thr Ala Ser	
		385 390 395 400
40	Val Ile Ile Trp Val Pro Leu Tyr Asp Arg Phe Ile Val Pro Leu Ala	
		405 410 415
45	Arg Lys Phe Thr Gly Val Asp Lys Gly Phe Thr Glu Ile Gln Arg Met	
		420 425 430
50	Gly Ile Gly Leu Phe Val Ser Val Leu Cys Met Ala Ala Ala Ala Ile	
		435 440 445
55	Val Glu Ile Ile Arg Leu His Met Ala Asn Asp Leu Gly Leu Val Glu	
		450 455 460
60	Ser Gly Ala Pro Val Pro Ile Ser Val Leu Trp Gln Ile Pro Gln Tyr	
		465 470 475 480
65	Phe Ile Leu Gly Ala Ala Glu Val Phe Tyr Phe Ile Gly Gln Leu Glu	
		485 490 495
70	Phe Phe Tyr Asp Gln Ser Pro Asp Ala Met Arg Ser Leu Cys Ser Ala	
		500 505 510
75	Leu Ala Leu Leu Thr Asn Ala Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Ser Leu Ile	
		515 520 525
80	Leu Thr Leu Val Thr Tyr Phe Thr Thr Arg Asn Gly Gln Glu Gly Trp	

ES 2 364 152 T3

	530	535	540
5	Ile Ser Asp Asn Leu Asn Ser Gly His Leu Asp Tyr Phe Phe Trp Leu 545 550 555 560		
10	Leu Ala Gly Leu Ser Leu Val Asn Met Ala Val Tyr Phe Phe Ser Ala 565 570 575		
15	Ala Arg Tyr Lys Gln Lys Lys Ala Ser Ser 580 585		
	<210> 16		
	<211> 568		
	<212> PRT		
20	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>		
	<400> 16		
25	Met Phe Lys Ile Leu Thr Thr Lys Ile Gln Ser Phe Phe Cys Leu Asn 1 5 10 15		
30	Ile Ser Gly Gly Thr Glu Asp Gly Ser Ile Asp Ile Tyr Gly Asn Pro 20 25 30		
35	Pro Ser Lys Lys Lys Thr Gly Asn Trp Lys Ala Cys Pro Phe Ile Leu 35 40 45		
40	Gly Asn Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Gly Ile Ala Lys Asn 50 55 60		
45	Leu Ile Thr Tyr Tyr Thr Ser Glu Leu His Glu Ser Asn Val Ser Ala 65 70 75 80		
50	Ala Ser Asp Val Met Ile Trp Gln Gly Thr Cys Tyr Ile Thr Pro Leu 85 90 95		
55	Ile Gly Ala Val Ile Ala Asp Ser Tyr Trp Gly Arg Tyr Trp Thr Ile 100 105 110		
60	Ala Ser Phe Ser Ala Ile Tyr Phe Ile Gly Met Ala Leu Leu Thr Leu 115 120 125		
65	Ser Ala Ser Leu Pro Val Leu Lys Pro Ala Ala Cys Ala Gly Val Ala 130 135 140		
	Ala Ala Leu Cys Ser Pro Ala Thr Thr Val Gln Tyr Ala Val Phe Phe 145 150 155 160		
	Thr Gly Leu Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro Cys 165 170 175		
	Val Ser Ser Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Asp Thr Asp Pro Arg Glu		

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

Gln Asp Phe Val Ala Met Ser Ile Phe Trp Gln Ile Pro Gln Tyr Ile
 450 455 460
 5
 Leu Met Gly Ile Ala Glu Val Phe Phe Phe Ile Gly Arg Val Glu Phe
 465 470 475 480
 10
 Phe Tyr Asp Glu Ser Pro Asp Ala Met Arg Ser Val Cys Ser Ala Leu
 485 490 495
 15
 Ala Leu Leu Asn Thr Ala Val Gly Ser Tyr Leu Ser Ser Leu Ile Leu
 500 505 510
 20
 Thr Leu Val Ala Tyr Phe Thr Ala Leu Gly Gly Lys Asp Gly Trp Val
 515 520 525
 25
 Pro Asp Asp Leu Asn Lys Gly His Leu Asp Tyr Phe Phe Trp Leu Leu
 530 535 540
 30
 Val Ser Leu Gly Leu Val Asn Ile Pro Val Tyr Ala Leu Ile Cys Val
 545 550 555 560
 35
 Lys His Thr Lys Lys Lys Ala Leu
 565
 <210> 17
 <211> 159
 <212> PRT
 <213> *Brassica napus*
 40 <400> 17
 Met Gly Ser Ile Glu Glu Glu Ser Pro Leu Ile Glu Glu Gly Leu Ile
 1 5 10 15
 45
 Ser Gln Glu Pro Lys Leu Tyr Ala Gln Asp Gly Ser Val Asp Leu His
 20 25 30
 50
 Gly Asn Pro Pro Leu Lys Glu Lys Thr Gly Asn Trp Lys Ala Cys Pro
 35 40 45
 55
 Phe Ile Leu Gly Asn Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Gly Ile
 50 55 60
 60
 Ala Gly Asn Leu Ile Thr Tyr Leu Thr Thr Lys Leu His Gln Gly Asn
 65 70 75 80
 65
 Val Ser Ala Ala Arg Asn Val Thr Thr Trp Gln Gly Thr Cys Tyr Leu
 85 90 95
 70
 Thr Pro Leu Ile Gly Ala Val Leu Ala Asp Ala Tyr Trp Gly Arg Tyr
 100 105 110

ES 2 364 152 T3

Trp Thr Ile Ala Cys Phe Ser Gly Ile Tyr Phe Ile Gly Met Ser Ala
115 120 125

5 Leu Thr Leu Ser Ala Ser Val Pro Ala Leu Lys Pro Ala Glu Cys Ile
130 135 140

10 Gly Gly Phe Cys Pro Ser Ala Thr Pro Ala Gln Tyr Ala Met Phe
145 150 155

<210> 18
 15 <211> 559
 <212> PRT
 <213> *Prunus dulcis*

20 <220>
 <221> carac_divers
 <222> (46)..(46)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de de forma natural.

25 <400> 18

Met Gly Ser Leu Glu Glu Glu Arg Ser Leu Leu Glu Asp Gly Leu Ile
1 5 10 15

30 Gln Asp Glu Thr Asn Gly Leu Tyr Thr Gly Asp Gly Ser Val Asp Ile
20 25 30

35 Thr Gly Lys Pro Val Leu Lys Gln Ser Thr Gly Asn Trp Xaa Ala Cys
35 40 45

40 Pro Phe Ile Leu Gly Thr Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Phe Tyr Gly
50 55 60

45 Ile Ser Thr Asn Leu Val Thr Tyr Leu Thr His Lys Leu His Glu Gly
65 70 75 80

Asn Val Ser Ala Ala Arg Asn Val Thr Thr Trp Ser Gly Thr Cys Tyr
85 90 95

50 Leu Thr Pro Leu Ile Gly Ala Val Leu Ala Asp Ala Tyr Trp Gly Arg
100 105 110

55 Tyr Trp Thr Ile Ala Ile Phe Ser Thr Ile Tyr Phe Ile Gly Met Cys
115 120 125

60 Thr Leu Thr Ile Ser Ala Ser Val Pro Ala Leu Lys Pro Pro Gln Cys
130 135 140

Val Asp Ser Val Cys Pro Ser Ala Ser Pro Ala Gln Tyr Gly Val Phe
145 150 155 160

65 Phe Phe Gly Leu Tyr Leu Ile Ala Leu Arg Thr Gly Gly Ile Lys Pro
165 170 175

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	435		440		445
5	Glu Met Lys Arg Leu Gln Leu Ala Thr Glu Leu Gly Leu Val Asp Lys				
	450		455		460
10	Glu Val Ala Val Pro Leu Ser Ile Phe Trp Gln Ile Pro Gln Tyr Phe				
	465		470		475 480
15	Leu Leu Gly Ala Ala Glu Ile Phe Thr Phe Ile Gly Gln Leu Glu Phe				
		485		490	495
20	Phe Tyr Asp Gln Ser Ser Asp Ala Met Arg Ser Leu Cys Ser Ala Leu				
		500		505	510
25	Ser Ala Ser Asp Asp Phe Ile Gly Lys Leu Ser Glu Leu Phe Asp Ser				
		515		520	525
30	Asp Ile Val Thr Tyr Phe Thr Thr Gln Gly Gly Lys Ala Gly Trp Ile				
		530		535	540
35	Pro Asp Asn Leu Asn Asp Gly His Leu Asp Tyr Phe Ser Gly Ser				
	545		550		555
	<210> 19				
	<211> 235				
	<212> PRT				
	<213> <i>Glicina max</i>				
40	<400> 19				
	Met Phe Pro Ile Trp Ala Thr Gly Ile Ile Phe Ala Ala Val Tyr Ala				
	1		5		10 15
45	Gln Met Ser Thr Leu Phe Val Glu Gln Gly Thr Met Met Asn Thr Cys				
		20		25	30
50	Ile Gly Ser Phe Lys Leu Pro Pro Ala Ser Leu Ser Ile Phe Asp Val				
		35		40	45
55	Ile Ser Val Val Leu Trp Val Pro Leu Tyr Asp Arg Ile Ile Val Pro				
		50		55	60
60	Ile Leu Arg Lys Phe Thr Gly Lys Glu Arg Gly Leu Ser Met Leu Gln				
		65		70	75 80
65	Arg Met Gly Ile Gly Leu Phe Ile Ser Val Leu Cys Met Leu Ala Ala				
		85		90	95
	Ala Val Val Glu Ile Met Arg Leu Gln Leu Ala Arg Glu Leu Asp Leu				
		100		105	110
	Val Asp Lys Pro Val Asp Val Pro Leu Ser Val Leu Trp Gln Ile Pro				

ES 2 364 152 T3

	115	120	125
5	Gln Tyr Phe Phe Leu Gly Ala Ala Glu Val Phe Thr Phe Val Gly Gln 130 135 140		
10	Leu Glu Phe Leu Tyr Asp Gln Ser Pro Tyr Gly Met Lys Thr Leu Gly 145 150 155 160		
15	Thr Ala Leu Thr Leu Leu Asn Phe Ser Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Ser 165 170 175		
20	Phe Ile Leu Thr Met Val Thr Tyr Phe Thr Thr Leu Asp Gly Lys Pro 180 185 190		
25	Gly Trp Ile Pro Asp Asn Leu Asn Lys Gly His Leu Asp Tyr Phe Phe 195 200 205		
30	Leu Leu Leu Ala Gly Leu Ser Phe Leu Asn Met Ser Leu Tyr Ile Val 210 215 220		
35	Ala Ala Lys Arg Tyr Lys Gln Lys Lys Ala Cys 225 230 235		
40	<210> 20 <211> 213 <212> PRT <213> <i>Glicina max</i> <220> <221> carac_divers <222> (205)..(205) <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza		
45	<220> <221> carac_divers <222> (212)..(212) <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza		
50	<400> 20 Val Glu Gln Gly Thr Met Met Asn Thr Asn Phe Gly Ser Phe Arg Ile 1 5 10 15		
55	Pro Pro Ala Ser Leu Ser Ser Phe Asp Val Ile Ser Val Ile Phe Trp 20 25 30		
60	Val Pro Val Tyr Asp Arg Ile Ile Val Pro Ile Ala Arg Lys Phe Thr 35 40 45		
65	Gly Lys Glu Arg Gly Phe Ser Glu Leu Gln Arg Met Gly Ile Gly Leu 50 55 60		
	Phe Ile Ser Val Leu Cys Met Ser Ala Ala Ala Ile Val Glu Ile Val 65 70 75 80		

ES 2 364 152 T3

[illegible]

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	355	360	365
5	Ser Thr Met Phe Val Glu Gln Gly Thr Met Met Asp Thr Ser Val Gly		
	370	375	380
10	Ser Phe Lys Ile Pro Ala Ala Ser Leu Ser Thr Phe Asp Val Ile Ser		
	385	390	395
15	Val Ile Phe Trp Val Pro Val Tyr Asp Arg Phe Ile Val Pro Ile Ala		
		405	410
			415
20	Arg Lys Phe Thr Gly Lys Glu Arg Gly Phe Ser Glu Leu Gln Arg Met		
		420	425
			430
25	Gly Ile Gly Leu Phe Ile Ser Val Leu Cys Met Ser Ala Ala Ala Ile		
		435	440
			445
30	Val Glu Ile Lys Arg Leu Gln Leu Ala Lys Glu Leu Asp Leu Val Asp		
	450	455	460
35	Lys Ala Val Pro Val Pro Leu Thr Ile Phe Leu Gln Ile Pro Gln Tyr		
	465	470	475
			480
40	Phe Leu Leu Gly Ala Ala Glu Val Phe Thr Phe Val Gly Gln Leu Glu		
		485	490
			495
45	Phe Phe Tyr Asp Gln Ser Pro Asp Ala Met Arg Ser Leu Cys Ser Ala		
		500	505
			510
50	Leu Ser Leu Leu Thr Thr Ser Leu Gly Asn Tyr Leu Ser Ser Phe Ile		
		515	520
			525
55	Leu Thr Val Val Leu Tyr Phe Thr Thr Arg Gly Gly Asn Pro Gly Trp		
	530	535	540
60	Ile Pro Asp Asn Leu Asn Lys Gly His Leu Asp Tyr Phe Ser Gly Leu		
	545	550	555
			560
65	Ala Gly Leu Ser Phe Leu Asn Met Phe Leu Tyr Ile Val Ala Ala Lys		
		565	570
			575
70	Arg Tyr Lys Ser Lys Lys Ala Ser		
		580	
75	<210> 22		
	<211> 580		
	<212> PRT		
	<213> <i>Lycopersicon esculentum</i>		

ES 2 364 152 T3

<400> 22

5	Met Lys Tyr Leu Phe Ser Lys Asn Gly Gly Leu Leu Glu Asp Glu Asn 1 5 10 15
10	Ser Gly Leu Tyr Thr Arg Asp Gly Ser Val Asp Ile Lys Gly Asn Pro 20 25 30
15	Val Leu Lys Ser Glu Thr Gly Asn Trp Arg Ala Cys Pro Phe Ile Leu 35 40 45
20	Gly Asn Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Gly Ile Ala Ala Asn 50 55 60
25	Leu Val Thr Tyr Leu Thr Lys Lys Leu His Glu Gly Asn Val Ser Ala 65 70 75 80
30	Ala Arg Asn Val Thr Thr Trp Gln Gly Thr Cys Tyr Ile Thr Pro Leu 85 90 95
35	Ile Gly Ala Val Leu Ala Asp Ala Tyr Trp Gly Arg Tyr Trp Thr Ile 100 105 110
40	Ala Thr Phe Ser Thr Ile Tyr Phe Ile Gly Met Cys Thr Leu Thr Leu 115 120 125
45	Ser Ala Ser Val Pro Ala Phe Lys Pro Pro Gln Cys Val Gly Ser Val 130 135 140
50	Cys Pro Ser Ala Ser Pro Ala Gln Tyr Ala Ile Phe Phe Phe Gly Leu 145 150 155 160
55	Tyr Leu Ile Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro Cys Val Ser Ser 165 170 175
60	Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Asp Thr Asp Pro Lys Glu Arg Val Lys 180 185 190
65	Lys Gly Ser Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Phe Ser Ile Asn Ile Gly Ala 195 200 205
70	Leu Ile Ser Ser Ser Leu Ile Val Trp Ile Gln Glu Asn Ala Gly Trp 210 215 220
75	Gly Leu Gly Phe Gly Ile Pro Ala Val Phe Met Gly Ile Ala Ile Ala 225 230 235 240
80	Ser Phe Phe Phe Gly Thr Pro Leu Tyr Arg Phe Gln Lys Pro Gly Gly 245 250 255
85	Ser Pro Leu Thr Arg Met Cys Gln Val Leu Val Ala Val Phe His Lys 260 265 270

ES 2 364 152 T3

	Trp	Asn	Leu	Ser	Val	Pro	Asp	Asp	Ser	Thr	Leu	Leu	Tyr	Glu	Thr	Pro
			275					280					285			
5	Asp	Lys	Ser	Ser	Ala	Ile	Glu	Gly	Ser	Arg	Lys	Leu	Leu	His	Thr	Asp
	290						295					300				
10	Glu	Leu	Arg	Cys	Leu	Asp	Lys	Ala	Ala	Val	Val	Ser	Asp	Asn	Glu	Leu
	305					310					315					320
15	Thr	Thr	Gly	Asp	Tyr	Ser	Asn	Ala	Trp	Arg	Leu	Cys	Thr	Val	Thr	Gln
					325					330					335	
20	Val	Glu	Glu	Leu	Lys	Ile	Leu	Ile	Arg	Met	Phe	Pro	Ile	Trp	Ala	Thr
				340					345					350		
25	Gly	Ile	Val	Phe	Ser	Ala	Val	Tyr	Ala	Gln	Met	Ser	Thr	Met	Phe	Val
			355					360					365			
30	Glu	Gln	Gly	Met	Val	Met	Asp	Thr	Ala	Val	Gly	Ser	Phe	Lys	Ile	Pro
	370						375					380				
35	Ala	Ala	Ser	Leu	Ser	Thr	Phe	Asp	Thr	Ile	Ser	Val	Ile	Val	Trp	Val
	385					390					395					400
40	Pro	Val	Tyr	Asp	Lys	Ile	Leu	Val	Pro	Ile	Ala	Arg	Arg	Phe	Thr	Gly
				405						410					415	
45	Ile	Glu	Arg	Gly	Phe	Ser	Glu	Leu	Gln	Arg	Met	Gly	Ile	Gly	Leu	Phe
				420					425					430		
50	Leu	Ser	Met	Leu	Cys	Met	Ser	Ala	Ala	Ala	Ile	Val	Glu	Ile	Arg	Arg
			435					440					445			
55	Leu	Gln	Leu	Ala	Arg	Asp	Leu	Gly	Leu	Val	Asp	Glu	Ala	Val	Ser	Val
	450						455					460				
60	Pro	Leu	Ser	Ile	Phe	Trp	Gln	Ile	Pro	Gln	Tyr	Phe	Ile	Leu	Gly	Ala
	465					470					475					480
65	Ala	Glu	Ile	Phe	Thr	Phe	Ile	Gly	Gln	Leu	Glu	Phe	Phe	Tyr	Asp	Gln
				485					490					495		
70	Ser	Pro	Asp	Ala	Met	Arg	Ser	Leu	Cys	Ser	Ala	Leu	Ser	Leu	Leu	Thr
				500					505					510		
75	Thr	Ala	Leu	Gly	Asn	Tyr	Leu	Ser	Ser	Phe	Ile	Leu	Thr	Val	Val	Thr
			515					520					525			
80	Ser	Ile	Thr	Thr	Arg	Gly	Gly	Lys	Pro	Gly	Trp	Ile	Pro	Asn	Asn	Leu
	530						535					540				

ES 2 364 152 T3

	Asn Gly Gly His Leu Asp Tyr Phe Phe Trp Leu Leu Ala Ala Leu Ser	
	545	550 555 560
5	Phe Phe Asn Leu Val Ile Tyr Val Phe Leu Cys Gln Met Tyr Lys Ser	
		565 570 575
10	Lys Lys Ala Ser	
		580
	<210> 23	
	<211> 297	
15	<212> PRT	
	<213> <i>Nepenthes alata</i>	
20	<400> 23	
	Asp Gln Phe Asp Asp Thr Asp Pro Arg Glu Lys Ile Lys Lys Gly Ser	
	1	5 10 15
25	Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Phe Ser Val Asn Ile Gly Ala Leu Ile Ser	
		20 25 30
30	Ser Ser Leu Ile Val Trp Val Gln Glu Asn Leu Gly Trp Ala Leu Gly	
		35 40 45
35	Phe Gly Ile Pro Ala Ile Ser Met Gly Ile Ala Ile Ala Ser Phe Phe	
		50 55 60
40	Ser Gly Thr Ala Leu Tyr Arg Leu Gln Lys Pro Gly Gly Ser Pro Leu	
		65 70 75 80
45	Thr Arg Met Cys Gln Val Leu Val Ala Ser Phe Arg Lys Ser Lys Leu	
		85 90 95
50	Ala Leu Pro Glu Asp Ser Asn Leu Leu Tyr Glu Thr Ser Asp Glu Asn	
		100 105 110
55	Ser Val Ile Glu Gly Gly Arg Lys Leu Glu His Thr Asn Asp Leu Lys	
		115 120 125
60	Cys Leu Asp Lys Ala Ala Val Val Ser Asp Lys Glu Ile Lys Cys Glu	
		130 135 140
65	Asp Phe Ser Asn Pro Trp Arg Leu Cys Thr Val Thr Gln Ile Glu Glu	
		145 150 155 160
70	Leu Lys Ile Leu Ile Arg Met Phe Pro Ile Trp Ala Thr Gly Ile Val	
		165 170 175
75	Phe Ser Ala Ile Tyr Ala Gln Met Ser Thr Met Phe Val Glu Gln Gly	
		180 185 190

ES 2 364 152 T3

	Glu Val Met Asp Arg Thr Ile Gly Ser Phe Thr Ile Pro Ala Ala Ser	195	200	205
5	Leu Ser Met Phe Asp Thr Ile Ser Val Ile Phe Trp Val Pro Val Tyr	210	215	220
10	Asp Lys Ile Leu Val Pro Leu Ala Arg Lys Ser Thr Gly Lys Gln Arg	225	230	235
15	Gly Phe Ser Glu Leu Gln Arg Met Gly Ile Gly Leu Phe Ile Ser Ile	245	250	255
20	Leu Ser Met Ala Ala Ala Ala Leu Val Glu Met Lys Arg Leu Gln Leu	260	265	270
25	Ile Phe Trp Gln Ile Pro Pro Tyr Phe	290	295	
30	<210> 24			
	<211> 584			
	<212> PRT			
	<213> <i>Oryza sativa</i>			
35	<400> 24			
40	Met Asp Ser Ser Tyr Gln His Asp Lys Pro Leu Leu Asp Glu Glu Asn	1	5	10
45	Ser Ser Gln Val Thr Leu Glu Tyr Thr Gly Asp Gly Ser Val Cys Ile	20	25	30
50	Arg Gly His Pro Ala Leu Arg Lys His Thr Gly Asn Trp Lys Gly Ser	35	40	45
55	Ser Leu Ala Ile Val Phe Ser Phe Cys Ser Tyr Leu Ala Phe Thr Ser	50	55	60
60	Ile Val Lys Asn Leu Val Ser Tyr Leu Thr Lys Val Leu His Glu Thr	65	70	75
65	Asn Val Ala Ala Ala Arg Asp Val Ala Thr Trp Ser Gly Thr Ser Tyr	85	90	95
70	Leu Ala Pro Leu Val Gly Ala Phe Leu Ala Asp Ser Tyr Leu Gly Lys	100	105	110
75	Tyr Cys Thr Ile Leu Ile Phe Cys Thr Ile Phe Ile Ile Gly Leu Met	115	120	125

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

Leu Ile Leu Val Pro Val Tyr Glu Arg Val Leu Val Pro Val Phe Arg
 405 410 415
 5
 Lys Phe Thr Gly Arg Ala Asn Gly Ile Thr Pro Leu Gln Arg Met Gly
 420 425 430
 10
 Ile Gly Leu Phe Phe Ser Met Leu Ser Met Val Ser Ala Ala Leu Val
 435 440 445
 15
 Glu Ser Asn Arg Leu Arg Ile Ala Gln Asp Glu Gly Leu Val His Arg
 450 455 460
 20
 Lys Val Ala Val Pro Met Ser Ile Leu Trp Gln Gly Pro Gln Tyr Phe
 465 470 475 480
 25
 Leu Ile Gly Val Gly Glu Val Phe Ser Asn Ile Gly Leu Thr Glu Phe
 485 490 495
 30
 Phe Tyr Gln Glu Ser Pro Asp Ala Met Arg Ser Leu Cys Leu Ala Phe
 500 505 510
 35
 Ser Leu Ala Asn Val Ser Ala Gly Ser Tyr Leu Ser Ser Phe Ile Val
 515 520 525
 40
 Ser Leu Val Pro Val Phe Thr Ala Arg Glu Gly Ser Pro Gly Trp Ile
 530 535 540
 45
 Pro Asp Asn Leu Asn Glu Gly His Leu Asp Arg Phe Phe Trp Met Met
 545 550 555 560
 50
 Ala Gly Leu Cys Phe Leu Asn Met Leu Ala Phe Val Phe Cys Ala Met
 565 570 575
 55
 Arg Tyr Lys Cys Lys Lys Ala Ser
 580
 <210> 25
 <211> 156
 <212> PRT
 <213> *Triticum aestivum*
 60
 Ile Tyr Phe Ile Gly Met Ser Val Leu Thr Leu Ser Ala Ser Val Pro
 1 5 10 15
 65
 Met Leu Met Pro Pro Ser Cys Glu Gly Ala Ile Cys Pro Glu Ala Ser
 20 25 30
 70
 Pro Leu Gln Tyr Thr Val Phe Phe Leu Gly Leu Tyr Leu Ile Ala Leu
 35 40 45

ES 2 364 152 T3

Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro Cys Val Ser Ser Phe Gly Ala Asp Gln
 50 55 60
 5
 Phe Asp Asp Thr Asp Pro Ala Glu Arg Ile Gln Lys Gly Ser Phe Phe
 65 70 75 80
 10
 Asn Trp Phe Tyr Phe Ser Ile Asn Ile Gly Ala Leu Ile Ser Ser Ser
 85 90 95
 15
 Phe Leu Val Trp Val Gln Asp Asn Leu Gly Trp Gly Leu Gly Phe Gly
 100 105 110
 20
 Ile Pro Thr Val Phe Met Gly Leu Ala Ile Ile Ser Phe Phe Ala Gly
 115 120 125
 25
 Thr Ser Leu Tyr Arg Phe Gln Lys Pro Gly Gly Ser Pro Ile Thr Arg
 130 135 140
 30
 Val Cys Gln Val Val Ala Ala Thr Leu Arg Lys Trp
 145 150 155
 <210> 26
 <211> 147
 <212> PRT
 <213> *Triticum aestivum*
 35
 <400> 26
 40
 Met Asp Ala Ala Glu Glu Thr Arg Leu Leu Leu Gln Glu Asp Gly Asp
 1 5 10 15
 45
 Gln Asp Ala Ser Leu Tyr Thr Gly Asp Gly Ser Val Asp Ile Lys Gly
 20 25 30
 50
 Arg Pro Ala Thr Arg Arg Asp Thr Gly Asn Trp Arg Ala Cys Val Phe
 35 40 45
 55
 Ile Leu Gly Asn Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Gly Ile Ala
 50 55 60
 60
 Lys Asn Leu Val Thr Tyr Leu Lys Ile Lys Leu His Gln Gly Asn Leu
 65 70 75 80
 65
 Glu Ala Ala Arg Asn Val Thr Thr Trp Gln Gly Thr Cys Tyr Leu Ser
 85 90 95
 70
 Pro Leu Ile Gly Ala Ile Leu Ala Asp Ser Tyr Trp Gly Lys Tyr Trp
 100 105 110
 75
 Thr Ile Ala Val Phe Ser Ser Ile Tyr Phe Ile Gly Leu Ala Val Leu
 115 120 125

ES 2 364 152 T3

```

    Thr Leu Ser Ala Ser Leu Pro Ala Leu Gln Pro Pro Ser Cys Leu Gly
      130                      135                      140

5
    Thr Val Cys
      145

<210> 27
10 <211> 151
    <212> PRT
    <213> Triticum aestivum

15 <220>
    <221> carac_divers
    <222> (114)..(115)
20 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

    <220>
    <221> carac_divers
25 <222> (131)..(131)
    <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

<400> 27

30      Lys Ile Leu Val Arg Met Phe Pro Val Trp Ala Thr Thr Ile Val Phe
        1              5              10              15

35      Ser Ala Val Tyr Ala Gln Met Ser Thr Met Phe Val Glu Gln Gly Met
          20              25              30

40      Val Leu Asp Pro Thr Ile Gly Ser Phe Lys Ile Pro Pro Ala Ser Leu
          35              40              45

      Ser Thr Phe Asp Val Val Ser Val Ile Ile Trp Val Pro Ile Tyr Asp
        50              55              60

45      Ser Ile Leu Val Pro Ile Ala Arg Arg Phe Thr Gly Lys Glu Arg Gly
        65              70              75              80

50      Phe Ser Glu Leu Gln Arg Met Gly Ile Gly Leu Val Ile Ser Ile Leu
          85              90              95

55      Ala Met Ser Ala Ala Ala Val Leu Glu Ile Lys Arg Leu Ala Ile Ala
          100             105             110

      Arg Xaa Xaa His Leu Val Asp Gln Asn Val Pro Val Pro Leu Ser Ile
          115             120             125

60      Leu Trp Xaa Ile Pro Gln Tyr Phe Leu Val Gly Ala Ser Glu Val Phe
          130             135             140

65      Thr Phe Ile Gly Ala Pro Glu
          145             150

```

ES 2 364 152 T3

<210> 28

<211> 592

<212> PRT

5 <213> *Zea mays*

<400> 28

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

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Met	Arg	Ser	Leu	Cys	Ser	Ala	Leu	Ala	Leu	Ile	Thr	Val	Ser	Leu	Gly	
			515					520					525				
5	Asn	Tyr	Ile	Ser	Ser	Ile	Ile	Leu	Thr	Leu	Val	Ser	Tyr	Ile	Thr	Thr	
		530					535					540					
10	Gln	Gly	Gly	Asp	Pro	Gly	Trp	Ile	Pro	Asp	Asn	Leu	Asn	Glu	Gly	His	
	545					550				555						560	
15	Leu	Asp	Arg	Phe	Phe	Trp	Leu	Ile	Ala	Gly	Ile	Ser	Phe	Val	Asn	Leu	
					565					570					575		
20	Ile	Val	Tyr	Met	Gly	Cys	Ala	Val	Arg	Tyr	Arg	Tyr	Lys	Lys	Ala	Ser	
				580					585					590			
	<210> 29																
	<211> 574																
	<212> PRT																
25	<213> <i>Zea mays</i>																
	<400> 29																
30	Met	Glu	Ala	Ala	Ala	Asp	Glu	Glu	Arg	Pro	Leu	Ile	Gln	Tyr	Leu	Ala	
	1				5					10					15		
35	Pro	Glu	Asp	Asp	Glu	Ala	Ser	Ser	Arg	Tyr	Thr	Ser	Asp	Gly	Thr	Leu	
				20					25					30			
40	Asp	Ile	Asn	Asn	Gln	Arg	Ala	Leu	Lys	Lys	Ser	Thr	Gly	Asn	Trp	Arg	
			35					40					45				
45	Ala	Cys	Phe	Met	Ile	Leu	Gly	Thr	Glu	Phe	Ala	Glu	Cys	Leu	Ala	Phe	
		50					55					60					
50	Tyr	Ala	Thr	Ala	Lys	Asn	Leu	Val	Thr	Tyr	Leu	Thr	Ala	Glu	Leu	Gly	
	65					70				75						80	
55	Glu	Ser	Asn	Ile	Asp	Ala	Ala	Thr	Asn	Val	Ser	Thr	Ser	Ile	Gly	Ser	
					85				90						95		
60	Cys	Tyr	Leu	Thr	Pro	Leu	Ile	Gly	Ala	Phe	Leu	Ala	Asp	Thr	Tyr	Trp	
				100					105					110			
65	Gly	Arg	Tyr	Lys	Thr	Met	Ile	Val	Phe	Leu	Leu	Leu	Tyr	Ile	Val	Gly	
			115					120					125				
70	Met	Leu	Thr	Leu	Thr	Ala	Ser	Ala	Trp	Leu	Pro	Leu	Ala	Met	Glu	Asp	
		130					135					140					
75	Asp	Ser	Pro	Asn	Asn	Ser	Gly	Leu	Arg	Arg	Ala	Thr	Ala	Tyr	Leu	Gly	
	145					150					155					160	

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	420	425	430
5	Val Val Val Met Val Tyr Ala Ala Leu Leu Glu Gly Arg Arg Leu Ala 435 440 445		
10	Leu Ala Arg Ala Asn Met Pro Ala Met Asn Ile Ala Trp Gln Ala Pro 450 455 460		
15	Met Phe Ala Val His Gly Ala Ala Ala Val Phe Ala Thr Val Gly Val 465 470 475 480		
20	Leu Glu Phe Phe Tyr Asp Gln Ser Pro Asp Gly Met Lys Ser Leu Gly 485 490 495		
25	Asn Ala Leu Ala Leu Leu Ser Met Ala Ala Gly Ser Tyr Phe Asn Ser 500 505 510		
30	Leu Ala Leu Ser Thr Val Gly Val Ile Thr Ala Ser Gly Gly Glu Arg 515 520 525		
35	Gly Trp Leu Pro Asp Asp Leu Asn Lys Gly His Met Asp Tyr Phe Phe 530 535 540		
40	Trp Met Met Ala Ala Leu Gly Thr Leu Asn Leu Leu His Phe Leu His 545 550 555 560		
45	Tyr Cys Asn Arg Arg Tyr Thr Gly Asn Asn Asn Thr Thr Ser 565 570		
50	<210> 30 <211> 381 <212> PRT <213> <i>Zea mays</i> <400> 30		
55	Met Ala Gly Ala Glu Arg Ala Glu Ala Val Ala Leu Glu Gln Gly Leu 1 5 10 15		
60	Leu Asp Pro Glu Glu Ser Asn Gln Val Val Tyr Thr Gly Asp Gly Ser 20 25 30		
65	Val Asp Phe Ser Gly Asn Pro Val Val Lys Glu Arg Thr Gly Arg Trp 35 40 45		
70	Lys Ala Cys Pro Phe Ile Leu Gly Asn Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala 50 55 60		
75	Tyr Tyr Gly Ile Ser Thr Asn Leu Val Thr Tyr Leu Thr Lys Lys Leu 65 70 75 80		
80	His Ala Gly Asn Ala Ser Ala Ala Ser Ser Val Thr Thr Trp Ser Gly		

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

Met Phe Pro Val Trp Ala Thr Thr Ile Val Phe Ser Ala Val Tyr Ala
355 360 365

5

Gln Met Ser Thr Met Phe Val Glu Thr Arg Asp Gly Ala
370 375 380

10 <210> 31
<211> 570
<212> PRT
<213> *Zea mays*

15 <400> 31

Met Glu Glu Gly Gly Glu His Thr Ser Leu Leu Val Lys Asp Asp Ala
1 5 10 15

20 Ser Cys His Gly Glu Glu Thr Gln Ser Leu Leu Glu Ala Asn Leu Gly
20 25 30

25 Pro Gln Leu Lys Ser Lys Cys Ser Asp Trp Arg Ala Pro Ala Leu Ile
35 40 45

30 Leu Gly Leu Glu Cys Leu Glu Ser Met Ala Phe Asn Gly Ile Ala Thr
50 55 60

35 Asn Leu Val Val Tyr Leu Arg Ser Val Leu His Gly Gly Ile Ala Ser
65 70 75 80

Ser Ala Ala Thr Val Ser Leu Trp Tyr Gly Thr Ser Phe Phe Val Pro
85 90 95

40 Ile Leu Gly Ala Ala Ile Ala Asp Thr Cys Leu Gly Asn Tyr Lys Thr
100 105 110

45 Ile Leu Ile Ser Leu Ile Met Tyr Leu Phe Gly Ile Val Leu Ile Thr
115 120 125

50 Val Ala Thr Phe Met Pro Ser Thr Ser Val Leu Cys Asp Val Ser Ser
130 135 140

55 Cys Leu Ser Ser Asn Gly Thr Gln Thr Met Ile Phe Phe Ala Gly Leu
145 150 155 160

Tyr Leu Thr Ala Val Gly Cys Gly Gly Val Arg Ser Ala Leu Leu Pro
165 170 175

60 Phe Gly Ala Asn Gln Phe Asn Asn Glu Asn Ser Leu Asp Ile Lys Lys
180 185 190

65 Arg Arg Asn Phe Phe Ser Leu Phe Tyr Ile Cys Val Ile Phe Gly Val
195 200 205

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Phe	Phe	His	Gly	Gln	Ala	Pro	Asp	Ser	Met	Lys	Ser	Ile	Leu	Thr	Ala	
					485					490					495		
5																	
	Phe	Ala	Leu	Leu	Thr	Thr	Ala	Leu	Gly	Asn	Tyr	Leu	Ser	Ser	Ala	Ile	
				500					505					510			
10																	
	Ile	Thr	Leu	Ile	Ala	Gly	Val	Thr	Arg	Val	Trp	His	Ser	Pro	Gly	Trp	
			515					520					525				
15																	
	Ile	Pro	Asp	Asp	Leu	Asn	Lys	Gly	His	Leu	Asp	Tyr	Tyr	Tyr	Trp	Cys	
		530					535					540					
20																	
	Leu	Thr	Thr	Leu	Ser	Leu	Val	Asn	Phe	Val	Val	Tyr	Leu	Tyr	Phe	Ala	
	545					550					555					560	
25																	
	Ser	Lys	Tyr	Lys	Leu	Lys	Lys	Val	Val	Cys							
					565					570							
30																	
	<210> 32																
	<211> 455																
	<212> PRT																
	<213> <i>Zea mays</i>																
	<400> 32																
35																	
	Met	Thr	Val	Leu	Thr	Ala	Ser	Ala	Leu	Leu	Pro	Leu	Leu	Met	Gly	Ala	
	1				5					10					15		
40																	
	Ser	Tyr	Ser	Arg	Ser	Ala	His	Arg	Leu	Ser	Ala	Tyr	Leu	Gly	Leu	Tyr	
				20					25					30			
45																	
	Leu	Ala	Ala	Leu	Gly	Thr	Gly	Gly	Ile	Lys	Pro	Cys	Val	Cys	Ala	Leu	
			35					40					45				
50																	
	Gly	Ala	Asp	Gln	Phe	Asp	Ala	Ser	Asp	Pro	Val	Glu	Arg	Arg	Ala	Lys	
		50					55					60					
55																	
	Gly	Ser	Phe	Phe	Asn	Trp	Tyr	Tyr	Phe	Ser	Ile	Asn	Ile	Gly	Ser	Leu	
	65				70						75					80	
60																	
	Leu	Ser	Ala	Thr	Val	Val	Val	Trp	Val	Gln	Asp	Asn	Val	Gly	Trp	Gly	
					85				90						95		
65																	
	Val	Gly	Phe	Ala	Ile	Pro	Thr	Leu	Leu	Met	Leu	Ser	Gly	Leu	Val	Leu	
				100					105					110			
70																	
	Phe	Val	Ala	Gly	Arg	Lys	Val	Tyr	Arg	Tyr	Gln	Arg	Val	Gly	Gly	Ser	
			115					120					125				
75																	
	Pro	Leu	Thr	Arg	Ala	Ser	Gln	Val	Val	Val	Ala	Ala	Val	Arg	Asn	Tyr	
		130					135					140					

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

Gly His Leu Asp Tyr Phe Phe Trp Phe Met Ala Val Leu Gly Val Val
 420 425 430

5

Asn Leu Leu His Phe Leu His Cys Ser Val Arg Tyr Arg Gly Ser Ser
 435 440 445

10

Asn Asn Ser Thr Tyr Ser Ser
 450 455

<210> 33

15 <211> 593

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

20 <400> 33

Met Ala Glu Val Thr Val Val Arg Ala Glu Arg Glu Glu Glu Ser Thr
 1 5 10 15

25

Leu Glu Gln Gly Leu Leu Ala Ile Pro Glu Glu Ser Asn Gln Leu Thr
 20 25 30

30

Tyr Thr Gly Asp Gly Ser Val Asp Phe Ser Gly Asn Pro Val Val Lys
 35 40 45

35

Glu Arg Thr Gly Arg Trp Arg Ala Cys Pro Phe Ile Leu Gly Asn Glu
 50 55 60

40

Cys Cys Glu Arg Leu Ala Tyr Tyr Gly Ile Ser Thr Asn Leu Val Thr
 65 70 75 80

45

Tyr Leu Thr Lys Lys Leu His Asp Gly Asn Ala Ser Ala Ala Ser Asn
 85 90 95

50

Val Thr Ala Trp Gln Gly Thr Cys Tyr Leu Thr Pro Leu Ile Gly Ala
 100 105 110

55

Ile Leu Ala Asp Ala Tyr Trp Gly Arg Tyr Trp Thr Ile Ala Thr Phe
 115 120 125

60

Ser Thr Ile Tyr Phe Ile Gly Met Ala Val Leu Thr Leu Ser Ala Ser
 130 135 140

65

Val Pro Thr Phe Met Pro Pro Pro Cys Glu Gly Ser Phe Cys Pro Pro
 145 150 155 160

Ala Asn Pro Leu Gln Tyr Thr Val Phe Phe Leu Gly Leu Tyr Leu Ile
 165 170 175

Ala Leu Gly Thr Gly Gly Ile Lys Pro Cys Val Ser Ser Phe Gly Ala
 180 185 190

ES 2 364 152 T3

	Asp	Gln	Phe	Asp	Asp	Thr	Asp	Pro	Val	Glu	Arg	Ile	Gln	Lys	Gly	Ser	
		195						200					205				
5																	
	Phe	Phe	Asn	Trp	Phe	Tyr	Phe	Ser	Ile	Asn	Ile	Gly	Ala	Leu	Ile	Ser	
		210						215				220					
10																	
	Ser	Ser	Phe	Leu	Val	Trp	Val	Gln	Asp	Asn	Ile	Gly	Trp	Gly	Ile	Gly	
		225				230					235					240	
15																	
	Phe	Gly	Ile	Pro	Thr	Ile	Phe	Met	Gly	Leu	Ala	Ile	Ile	Ser	Phe	Phe	
					245					250					255		
20																	
	Ser	Gly	Thr	Ser	Leu	Tyr	Arg	Phe	Gln	Lys	Pro	Gly	Gly	Ser	Pro	Ile	
				260					265					270			
25																	
	Thr	Arg	Val	Cys	Gln	Val	Val	Val	Ala	Ser	Phe	Arg	Lys	Trp	Asn	Val	
			275					280					285				
30																	
	His	Val	Pro	Glu	Asp	Ser	Ser	Arg	Leu	Tyr	Glu	Leu	Pro	Asp	Gly	Ala	
		290					295					300					
35																	
	Ser	Ala	Ile	Glu	Gly	Ser	Arg	Gln	Leu	Glu	His	Thr	Asp	Glu	Leu	Arg	
		305				310					315					320	
40																	
	Cys	Leu	Asp	Lys	Ala	Ala	Thr	Ile	Thr	Asp	Leu	Asp	Val	Lys	Ala	Asp	
					325					330					335		
45																	
	Ser	Phe	Thr	Asn	Pro	Trp	Arg	Ile	Cys	Thr	Val	Thr	Gln	Val	Glu	Glu	
				340					345					350			
50																	
	Leu	Lys	Ile	Leu	Val	Arg	Met	Phe	Pro	Val	Trp	Ala	Thr	Thr	Ile	Val	
			355					360					365				
55																	
	Phe	Ser	Ala	Val	Tyr	Ala	Gln	Met	Ser	Thr	Met	Phe	Val	Glu	Gln	Gly	
		370					375					380					
60																	
	Met	Met	Leu	Asp	Thr	Ser	Val	Gly	Pro	Phe	Lys	Ile	Pro	Pro	Ala	Ser	
		385				390					395					400	
65																	
	Leu	Ser	Thr	Phe	Asp	Val	Val	Ser	Val	Ile	Ile	Trp	Val	Pro	Leu	Tyr	
					405					410					415		
70																	
	Asp	Ser	Ile	Leu	Val	Pro	Ile	Ala	Arg	Arg	Phe	Thr	Gly	Asn	Pro	Arg	
				420					425					430			
75																	
	Gly	Phe	Thr	Glu	Leu	Gln	Arg	Met	Gly	Ile	Gly	Leu	Val	Ile	Ser	Ile	
			435					440					445				
80																	
	Phe	Ser	Met	Ala	Ala	Ala	Ala	Val	Leu	Glu	Ile	Lys	Arg	Leu	Asp	Ile	

ES 2 364 152 T3

	450		455		460
5	Ala Arg Ala Glu His Leu Val Asp Gln Asn Val Pro Val Pro Leu Asn	465	470	475	480
10	Ile Cys Trp Gln Ile Pro Gln Tyr Phe Leu Val Gly Ala Ser Glu Val	485	490	495	
15	Phe Thr Phe Val Gly Ser Leu Glu Phe Phe Tyr Asp Gln Ser Pro Asp	500	505	510	
20	Ala Met Arg Ser Leu Cys Ser Ala Leu Gln Leu Val Thr Thr Ala Leu	515	520	525	
25	Gly Asn Tyr Leu Ser Ala Phe Ile Leu Thr Leu Val Ala Tyr Phe Thr	530	535	540	
30	Thr Arg Gly Gly Asn Pro Gly Trp Ile Pro Asp Asn Leu Asn Gln Gly	545	550	555	560
35	His Leu Asp Tyr Phe Phe Trp Leu Leu Ala Gly Leu Ser Phe Leu Asn	565	570	575	
40	Phe Val Ile Tyr Val Ile Cys Ala Asn Lys Tyr Lys Ser Lys Lys Ala	580	585	590	
45	Ala				
50	<210> 34				
55	<211> 576				
60	<212> PRT				
65	<213> <i>Oryza sativa</i>				
70	<400> 34				
75	Met Ala Ala Ile Glu Glu Glu Arg Pro Leu Leu Pro Leu Gln Ser Gln	1	5	10	15
80	Asp Val Gly Ser Glu Tyr Thr Arg Asp Gly Ser Val Asp Ile Asn Lys	20	25	30	
85	Glu Pro Ala Leu Lys His Ser Thr Gly Asn Trp Arg Ala Cys Phe Leu	35	40	45	
90	Ile Leu Gly Val Glu Phe Cys Glu Asn Met Thr Tyr Phe Val Ile Ser	50	55	60	
95	Arg Asn Leu Val Thr Phe Leu Thr Thr Val Leu His Glu Ser Lys Val	65	70	75	80
100	Asp Ala Ala Arg Asn Val Ser Ala Trp Val Gly Ala Cys Phe Leu Thr				

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Phe	Ala	Val	Asn	Gly	Gln	Met	Ser	Ser	Thr	Phe	Ile	Glu	Gln	Gly	Met	
			355					360					365				
5																	
	Ala	Met	Asp	Asn	His	Val	Gly	Ser	Phe	Ala	Ile	Pro	Pro	Ala	Ser	Leu	
		370					375					380					
10																	
	Thr	Ile	Ile	Ala	Val	Leu	Ser	Val	Leu	Val	Leu	Val	Pro	Val	Tyr	Glu	
	385					390					395					400	
15																	
	Ile	Ile	Ser	Val	Pro	Leu	Val	Lys	His	Phe	Thr	Gly	Gln	Asp	Lys	Gly	
					405					410					415		
20																	
	Phe	Ser	His	Ala	Gln	Arg	Ile	Gly	Ile	Gly	Leu	Ser	Leu	Ser	Met	Ile	
				420					425					430			
25																	
	Met	Met	Val	Tyr	Ala	Ala	Leu	Leu	Glu	Met	Lys	Arg	Leu	Ala	Ile	Val	
			435					440					445				
30																	
	Gln	Ser	Ser	Gly	Leu	Ala	Asp	His	Asn	Val	Ala	Ala	Pro	Met	Ser	Ile	
		450					455					460					
35																	
	Leu	Trp	Gln	Thr	Pro	Ala	Tyr	Phe	Leu	Gln	Gly	Val	Ser	Glu	Ile	Phe	
	465					470					475					480	
40																	
	Ser	Cys	Ile	Gly	Met	Ser	Gln	Phe	Phe	Tyr	Asp	Gln	Ala	Pro	Asp	Ser	
					485					490					495		
45																	
	Met	Lys	Ser	Val	Cys	Ala	Ala	Leu	Gly	Gln	Leu	Ala	Ile	Ala	Ser	Gly	
				500					505					510			
50																	
	Ala	Tyr	Phe	Asn	Thr	Phe	Val	Leu	Gly	Ala	Val	Ala	Val	Ile	Thr	Thr	
			515					520					525				
55																	
	Ser	Ser	Gly	Ala	Pro	Gly	Trp	Ile	Pro	Asp	Asn	Leu	Asn	Glu	Gly	His	
		530					535					540					
60																	
	Leu	Asp	Tyr	Phe	Phe	Trp	Met	Met	Ala	Thr	Leu	Ser	Leu	Leu	Asn	Leu	
	545					550				555						560	
65																	
	Ala	Met	Phe	Val	Tyr	Ser	Ser	Thr	Arg	His	Arg	Glu	Asn	Thr	Ala	Ser	
					565					570					575		
<210> 35																	
<211> 578																	
<212> PRT																	
<213> <i>Oryza sativa</i>																	
<400> 35																	
Met	Glu	Ala	Ala	Asp	Glu	Glu	Arg	Ala	Pro	Leu	Leu	Gln	Pro	Gln	Pro		
1				5					10					15			

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Gln	Val	Ala	Asp	His	Arg	Ile	Lys	His	Thr	Asp	Gln	Phe	Arg	Phe	Leu	
	290						295					300					
5	Asp	Lys	Ala	Ala	Ile	Val	Val	Thr	Pro	Ser	Ser	Leu	Ser	Gly	Glu	Lys	
	305					310					315					320	
10	Gly	Asn	Val	Ala	Ala	Ala	Ala	Ala	Pro	Val	Ser	Arg	Trp	Arg	Gln	Cys	
					325				330						335		
15	Thr	Val	Thr	Gln	Val	Glu	Glu	Val	Lys	Met	Leu	Val	Arg	Met	Cys	Pro	
				340					345					350			
20	Ile	Trp	Ala	Cys	Leu	Val	Leu	Phe	Phe	Ser	Val	Ser	Ser	Gln	Met	Ser	
			355					360					365				
25	Ser	Thr	Leu	Val	Glu	Gln	Gly	Thr	Ala	Met	Asp	Asn	Arg	Val	Gly	Pro	
	370						375					380					
30	Phe	Thr	Ile	Pro	Pro	Ala	Ser	Leu	Ala	Thr	Phe	His	Ser	Ile	Gly	Val	
	385					390					395					400	
35	Leu	Leu	Trp	Ile	Pro	Val	Tyr	Asp	Val	Ala	Leu	Val	Pro	Leu	Ala	Arg	
					405					410					415		
40	Arg	Ala	Thr	Gly	Lys	Pro	Lys	Gly	Ile	Thr	Gln	Leu	Gln	Arg	Ile	Gly	
				420					425					430			
45	Val	Gly	Leu	Ala	Val	Ala	Ala	Leu	Ile	Met	Ala	Tyr	Ser	Ala	Leu	Val	
			435					440					445				
50	Glu	Glu	Arg	Arg	Leu	Ala	Ala	Ala	Arg	Ala	Gly	Ala	Ala	Arg	Thr	Ser	
	450					455						460					
55	Ile	Leu	Trp	Gln	Val	Pro	Ala	Gln	Leu	Met	His	Gly	Met	Ala	Val	Val	
	465					470					475					480	
60	Phe	Thr	Ser	Ile	Gly	Lys	Ser	Glu	Phe	Phe	Tyr	Asp	Gln	Ala	Pro	Arg	
					485					490					495		
65	Ser	Met	Arg	Ser	Met	Cys	Thr	Ala	Leu	Gly	Gln	Leu	Ala	Ile	Ala	Ala	
				500					505					510			
70	Gly	Asn	Tyr	Leu	Ser	Ala	Phe	Leu	Leu	Ala	Val	Val	Ala	Ser	Ala	Thr	
			515					520					525				
75	Thr	Arg	Gly	Gly	Asp	Pro	Gly	Trp	Ile	Pro	Asp	Asp	Leu	Asn	Lys	Gly	
	530						535					540					
80	His	Leu	Asp	Tyr	Phe	Phe	Trp	Leu	Met	Ala	Ala	Leu	Leu	Leu	Leu	Asp	
	545					550					555					560	

ES 2 364 152 T3

Leu Leu Leu Phe Val Phe Cys Ala Met Arg Tyr Lys Gly Ser Thr Ala
 565 570 575

5 Ala Ser

<210> 36
 <211> 566
 10 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*

15 <400> 36

Met Glu Ala Gly Ala Ala Asp Glu Glu Thr Pro Leu Ile Gln Gln Leu
 1 5 10 15

20 Pro Pro Glu Glu Gln Cys Ser Gln Tyr Thr Cys Asp Gly Thr Val Asn
 20 25 30

25 Ser Asp Lys Lys Pro Ala Leu Lys Gln Ser Thr Gly His Trp Arg Ala
 35 40 45

30 Cys Phe Phe Ile Leu Gly Ala Gln Phe Ala Glu Thr Leu Cys Phe Phe
 50 55 60

Met Val Ser Lys Asn Leu Val Met Tyr Leu Thr Ser Ala Leu His Glu
 65 70 75 80

35 Ser Asn Ile Asp Ala Ala Gln Ser Val Ser Ile Trp Ile Gly Thr Ser
 85 90 95

40 Phe Phe Thr Pro Leu Ile Gly Ala Phe Leu Ala Asp Thr Tyr Trp Gly
 100 105 110

45 Arg Tyr Trp Thr Thr Val Ile Ser Leu Phe Ile Ile Ile Ile Gly Met
 115 120 125

50 Leu Ile Val Thr Val Ser Ser Ser Pro Leu Phe Leu Asn Ser Ser Tyr
 130 135 140

Tyr Asn Trp Asn Ile Cys Arg Ala Thr Val Tyr Thr Gly Leu Tyr Leu
 145 150 155 160

55 Thr Ala Val Gly Ser Gly Cys Met Lys Pro Cys Ile Pro Ala Phe Gly
 165 170 175

60 Ala Asp Gln Phe Asp Ser Ala Asp Pro Val Glu Arg Leu Ala Lys Gly
 180 185 190

65 Ser Phe Phe Asn Trp Tyr Tyr Phe Ser Met Asn Val Gly Ser Leu Leu
 195 200 205

ES 2 364 152 T3

	Ser	Thr	Thr	Leu	Leu	Val	Trp	Val	Val	Ala	Asn	Ile	Gly	Trp	Ser	Val	
	210						215					220					
5																	
	Gly	Phe	Ala	Ile	Pro	Met	Leu	Leu	Ser	Gly	Phe	Gly	Leu	Ala	Leu	Phe	
	225					230					235					240	
10																	
	Phe	Ala	Gly	Arg	Lys	Val	Tyr	Arg	Tyr	Lys	Lys	Gln	Gly	Gly	Ser	Pro	
					245					250					255		
15																	
	Leu	Thr	Arg	Val	Ser	Gln	Val	Val	Val	Ala	Ala	Val	Arg	Asn	His	Arg	
				260					265					270			
20																	
	Leu	Lys	Leu	Pro	Asp	Asp	Ser	Ser	Leu	Leu	His	Glu	Val	Ser	Lys	Val	
			275					280					285				
25																	
	Thr	Glu	Asp	Asp	Tyr	Arg	Thr	Gln	Leu	Thr	Thr	Gln	Phe	Arg	Phe	Phe	
		290					295					300					
30																	
	Asp	Lys	Ala	Ala	Ile	Leu	Ser	Asp	Glu	Ile	Ser	Pro	Ala	Gln	Trp	Ser	
	305					310					315					320	
35																	
	Pro	Trp	Arg	Leu	Cys	Thr	Val	Ser	Gln	Val	Glu	Glu	Leu	Lys	Ile	Leu	
					325				330						335		
40																	
	Leu	Arg	Met	Phe	Pro	Val	Trp	Val	Ser	Met	Val	Val	Phe	Phe	Val	Val	
				340					345					350			
45																	
	Thr	Ala	Gln	Ile	Thr	Ser	Thr	Leu	Ile	Glu	Gln	Gly	Met	Ala	Met	Asp	
			355					360					365				
50																	
	Gly	Arg	Val	Gly	Pro	Phe	Thr	Leu	Pro	Ala	Ala	Ser	Ile	Ala	Thr	Phe	
		370					375					380					
55																	
	Asp	Val	Ile	Ser	Val	Leu	Val	Trp	Val	Pro	Val	Tyr	Asp	Thr	Val	Leu	
	385					390					395					400	
60																	
	Val	Pro	Leu	Ala	Arg	Arg	Val	Thr	Gly	Lys	Asp	Arg	Gly	Ile	Ser	His	
					405					410					415		
65																	
	Leu	Gln	Arg	Ile	Gly	Val	Gly	Leu	Ala	Leu	Ala	Ala	Val	Ala	Met	Ala	
				420					425					430			
70																	
	Tyr	Ser	Ala	Val	Val	Glu	Ala	Arg	Arg	Leu	Gly	Thr	Ala	Pro	Ala	Pro	
			435					440					445				
75																	
	Val	Ser	Ile	Met	Trp	Gln	Ala	Pro	Ser	Tyr	Leu	Val	Leu	Gly	Val	Ala	
		450					455					460					
80																	
	Glu	Ala	Phe	Ser	Val	Ile	Gly	Met	Met	Glu	Phe	Phe	Tyr	Glu	Gln	Ser	

ES 2 364 152 T3

	465		470		475		480									
5	Pro	Glu	Ser	Met	Lys	Ser	Leu	Cys	Thr	Ala	Leu	Gly	Gln	Leu	Ala	Ile
					485					490					495	
10	Ala	Val	Ala	Asn	Tyr	Leu	Asn	Ser	Gly	Val	Leu	Val	Val	Val	Ala	Ala
				500					505					510		
15	Ala	Thr	Thr	Arg	Gly	Gly	Gly	Ala	Gly	Trp	Ile	Pro	Asp	Asn	Leu	Asp
				515				520					525			
20	Glu	Gly	His	Leu	Asp	Tyr	Phe	Phe	Trp	Met	Met	Ala	Val	Val	Ser	Val
		530					535					540				
25	Leu	Asn	Leu	Leu	His	Phe	Leu	His	Cys	Ser	Ile	Arg	Tyr	Arg	Ala	Asn
	545					550					555					560
30	Asn	Asn	Thr	Leu	Ser	Ser										
					565											
	<210> 37															
	<211> 601															
	<212> PRT															
	<213> <i>Oryza sativa</i>															
	<400> 37															
35	Met	Ala	Asn	Glu	Glu	Gln	Arg	Gln	Trp	Met	Asp	Gly	Glu	Phe	Gly	Cys
	1				5					10					15	
40	Gln	Pro	Val	Ala	Asn	Ile	Phe	Phe	Asp	Phe	Leu	Asp	Leu	Pro	Gly	Glu
				20					25					30		
45	Ile	His	His	Cys	Asn	Phe	Phe	Ser	Phe	Tyr	Asp	Leu	Phe	Cys	Ser	Ser
				35				40					45			
50	Asp	Glu	Glu	Glu	Gly	Pro	Tyr	Thr	Gly	Asn	Gly	Ser	Val	Asp	Val	Lys
		50					55					60				
55	Gly	Asn	Pro	Ala	Ser	Lys	Thr	His	Thr	Gly	Lys	Trp	Lys	Ala	Cys	Tyr
	65					70					75				80	
60	Ser	Ile	Leu	Gly	Gly	Glu	Phe	Cys	Gly	Ala	Leu	Ala	Tyr	Tyr	Ala	Val
					85					90					95	
65	Gly	Thr	Asn	Leu	Val	Ser	Tyr	Leu	Thr	Lys	Val	Gln	Gly	Gln	Ser	Asn
				100					105					110		
	Val	Thr	Ala	Ala	Ser	Asn	Ile	Ala	Ala	Trp	Gln	Gly	Asn	Cys	Tyr	Leu
			115					120				125				
	Thr	Thr	Ile	Leu	Gly	Ala	Phe	Leu	Ala	Asp	Ser	Tyr	Trp	Gly	Arg	His

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Asn	His	Val	Ala	Ala	Ala	Phe	Ala	Leu	Pro	Pro	Ala	Ser	Leu	Thr	Thr	
					405					410					415		
5																	
	Phe	Thr	Cys	Val	Cys	Ile	Leu	Val	Leu	Ala	Pro	Thr	Tyr	Asp	Arg	Val	
				420					425					430			
10																	
	Leu	Met	Pro	Ala	Val	Ser	Arg	Leu	Thr	Gly	Val	Lys	Arg	Gly	Leu	Ser	
			435					440					445				
15																	
	Glu	Leu	His	Arg	Ile	Gly	Val	Gly	Met	Val	Phe	Ala	Val	Leu	Ala	Leu	
	450					455						460					
20																	
	Ala	Ala	Ala	Ala	Ala	Val	Glu	Thr	Ala	Arg	Leu	Arg	Ser	Val	Glu	Ala	
	465					470				475					480		
25																	
	Asp	Ala	Pro	Ala	Val	Ser	Ile	Leu	Trp	Gln	Ala	Pro	Gln	Tyr	Val	Leu	
				485					490						495		
30																	
	Val	Gly	Val	Ala	Lys	Val	Phe	Gly	Val	Val	Gly	Tyr	Ile	Glu	Phe	Ala	
				500				505						510			
35																	
	Tyr	Glu	Gln	Ser	Pro	Asp	Ala	Met	Arg	Ser	Leu	Cys	Gln	Ala	Cys	Ser	
			515				520						525				
40																	
	Leu	Ile	Met	Val	Thr	Pro	Gly	Ser	Tyr	Leu	Leu	Ser	Ala	Met	Leu	Thr	
	530						535					540					
45																	
	Ile	Ile	Ser	Ser	Val	Thr	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	His	Gly	Gly	Trp	Ile	
	545					550					555					560	
50																	
	Pro	Glu	Asn	Leu	Asn	Glu	Gly	His	Leu	Asp	Arg	Phe	Phe	Trp	Leu	Met	
				565					570						575		
55																	
	Ala	Ala	Leu	Gln	Leu	Ile	Asn	Leu	Ile	Ala	Phe	Val	Cys	Cys	Ala	Ala	
				580				585					590				
60																	
	Thr	Tyr	Lys	Arg	Lys	Leu	Pro	Thr	Thr								
			595				600										
	<210> 38																
65	<211> 591																
	<212> PRT																
	<213> <i>Oryza sativa</i>																
70	<400> 38																
	Met	Arg	Gly	Asn	Leu	Arg	Glu	Gln	Lys	Val	Tyr	His	Met	Glu	Gly	Ala	
	1				5				10					15			
75																	
	Asp	Glu	Glu	Arg	Pro	Leu	Ile	His	His	Leu	Pro	Pro	Gln	Glu	Gln	Cys	
				20				25					30				

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Tyr	Arg	Ile	Gln	His	Thr	Thr	Arg	Phe	Arg	Phe	Leu	Asp	Lys	Ala	Ala	
	305					310					315					320	
5	Ile	Pro	Ser	Asp	Ser	Asp	Asp	Asn	Ser	Pro	Val	Gln	Pro	Asp	Pro	Trp	
					325					330					335		
10	Arg	Leu	Cys	Thr	Val	Ser	Gln	Val	Glu	Glu	Leu	Lys	Met	Leu	Leu	Arg	
				340					345					350			
15	Val	Phe	Pro	Val	Trp	Ala	Ser	Leu	Leu	Val	Phe	Phe	Val	Val	Thr	Ala	
			355					360					365				
20	Gln	Met	Ser	Ser	Thr	Leu	Ile	Glu	Gln	Ser	Ala	Ala	Met	Asp	Gly	Arg	
		370					375					380					
25	Val	Gly	Pro	Phe	Thr	Val	Pro	Pro	Ala	Ser	Leu	Ala	Thr	Phe	Asn	Val	
	385					390					395					400	
30	Val	Ala	Val	Leu	Ile	Trp	Val	Pro	Val	Tyr	Asp	Ala	Val	Leu	Val	Pro	
					405					410					415		
35	Leu	Ala	Arg	Arg	Ala	Thr	Gly	Asn	Asp	Arg	Gly	Leu	Ser	His	Leu	Gln	
				420					425					430			
40	Arg	Ile	Gly	Val	Gly	Leu	Ala	Leu	Ser	Ala	Val	Ala	Met	Ala	Tyr	Ser	
			435					440					445				
45	Ala	Gln	Val	Glu	Arg	Arg	Arg	Arg	Arg	Pro	Ala	Ala	Glu	Glu	Glu	Ala	
		450					455					460					
50	Met	Ser	Ile	Met	Trp	Gln	Ala	Pro	Cys	Tyr	Leu	Val	Leu	Gly	Met	Ala	
	465					470					475					480	
55	Glu	Val	Phe	Thr	Ser	Ile	Gly	Met	Leu	Glu	Phe	Phe	Tyr	Glu	Arg	Ser	
					485					490					495		
60	Pro	Gly	Ser	Met	Lys	Ser	Leu	Gly	Thr	Ser	Leu	Ala	His	Leu	Ala	Val	
				500					505					510			
65	Ala	Thr	Ala	Asn	Tyr	Leu	Asn	Ser	Gly	Val	Leu	Gly	Val	Val	Val	Ala	
			515					520					525				
70	Ala	Thr	Thr	Arg	Gly	Gly	Gly	Ala	Gly	Trp	Ile	Pro	Asp	Asn	Leu	Asp	
		530					535					540					
75	Glu	Gly	His	Leu	Asp	Tyr	Phe	Phe	Trp	Met	Met	Ala	Leu	Val	Arg	Ser	
	545					550					555					560	
80	Asp	Trp	Ala	Ser	Ala	Ala	Gly	Gln	Thr	Gly	Gly	Asp	Leu	Met	Pro	Gln	
					565					570					575		

ES 2 364 152 T3

Glu Ser Ile Ala Gly Asp Gly Ser Gly Val Asn Leu Glu Ile Arg
580 585 590

5 <210> 39
<211> 551
<212> PRT
10 <213> *Oryza sativa*
<400> 39

15 Met Glu Ala Ser Asp Glu Asp Arg Pro Leu Ile His His Leu Pro Pro
1 5 10 15

20 Gln Glu Gln Cys Ser Lys Tyr Thr Cys Asp Gly Thr Val Asn Ile Asp
20 25 30

25 Ser Val Glu Phe Thr Glu Cys Ile Cys Phe Tyr Gly Val Ser Lys Asn
35 40 45

30 Leu Val Thr Tyr Leu Thr Ser Val Leu His Glu Ser Asn Val Asn Ala
50 55 60

35 Ala Gln Ser Val Ser Ile Trp Ile Gly Ser Cys Phe Phe Thr Pro Leu
65 70 75 80

40 Ile Gly Ala Phe Leu Ala Asp Thr Tyr Trp Gly Arg Tyr Trp Thr Val
85 90 95

45 Val Met Ser Ile Leu Val Ile Ile Leu Gly Met Ile Val Leu Thr Val
100 105 110

50 Ser Ala Ser Pro Leu Phe Leu Asn Ala Ser Phe Tyr Asn Gly Gly Ile
115 120 125

55 Ser Arg Leu Thr Val Tyr Leu Gly Leu Tyr Leu Phe Ala Leu Gly Thr
130 135 140

60 Gly Gly Ile Lys Pro Asn Ile Pro Ala Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp
145 150 155 160

65 Gly Ala Asp Pro Val Glu Arg Val Thr Lys Gly Ser Phe Phe Asn Trp
165 170 175

70 Tyr Tyr Phe Ser Ile Asn Val Gly Ser Leu Leu Ser Ser Thr Val Val
180 185 190

75 Val Trp Val Gln Asp Asn Ile Gly Trp Ser Val Gly Phe Ala Gly Pro
195 200 205

80 Met Leu Leu Leu Gly Phe Gly Leu Ala Met Phe Ile Ala Gly Arg Arg
210 215 220

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

485

490

495

5 Ala Ala Thr Ala Arg Gly Gly Gly Ala Gly Trp Ile Pro Asp Lys Leu
500 505 510

10 Asp Glu Gly His Leu Asp Tyr Phe Phe Trp Met Met Ala Ala Leu Ser
515 520 525

15 Val Leu Asn Leu Leu Gln Phe Leu His Cys Ser Ile Arg Phe Arg Gly
530 535 540

15 Asn Asn Thr Leu Ser Ser Ser
545 550

<210> 40
<211> 569
20 <212> PRT
<213> *Oryza sativa*

25 <400> 40

30 Met Gly Met Glu Ser Gly Asp Ala Gln Leu Pro Leu Leu His His Gln
1 5 10 15

Ala Ser Ala Ser Asn Gln His Tyr Thr Lys Pro Pro Phe Asn Trp Lys
20 25 30

35 Ala Pro Ala Leu Ile Leu Ala Phe Glu Phe Leu Glu Ser Ile Ala Tyr
35 40 45

40 Ala Gly Ile Ser Leu Asn Leu Val Val Tyr Leu Gly Thr Val Leu His
50 55 60

Gly Thr Thr Ala Ser Asn Ala Ala Asn Val Asp Thr Trp Asn Gly Thr
65 70 75 80

45 Thr Phe Leu Thr Pro Val Leu Gly Ala Phe Leu Ala Asp Thr Tyr Trp
85 90 95

50 Gly Lys Tyr Lys Thr Ile Ala Ile Ser Thr Val Phe Tyr Leu Ile Gly
100 105 110

55 Leu Leu Val Ile Thr Ala Ser Ala Val Ile Pro Ser Leu Gln Pro Ala
115 120 125

60 Pro Cys Asn Gly Ser Ser Cys Pro Pro Ala Thr Gly Phe Gln Tyr Phe
130 135 140

Val Phe Phe Thr Ala Leu Tyr Leu Ile Ser Val Gly Thr Gly Gly Val
145 150 155 160

65 Lys Ser Ala Leu Leu Pro Phe Gly Ala Asp Gln Tyr Asn Asp Ser Asn

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Val	Ala	Ala	Val	Leu	Glu	Thr	Trp	Arg	Leu	Arg	Ser	Val	Arg	Asp	Gly	
				435				440					445				
5	Gly	Asn	Leu	Ser	Ile	Ala	Trp	Gln	Leu	Pro	Gln	Phe	Val	Ile	Leu	Ala	
		450					455					460					
10	Cys	Ser	Asp	Val	Phe	Cys	Gly	Ile	Ala	Gln	Leu	Glu	Phe	Phe	Tyr	Ser	
	465					470					475					480	
15	Glu	Ala	Pro	Val	Ser	Met	Arg	Ser	Leu	Cys	Ser	Ala	Phe	Ser	Phe	Leu	
					485					490					495		
20	Ala	Leu	Ser	Leu	Gly	Tyr	Tyr	Val	Asn	Ser	Leu	Val	Val	Ser	Ile	Val	
				500					505					510			
25	Ala	Val	Val	Thr	Thr	Thr	Ser	Asn	Lys	Gly	Trp	Leu	Pro	Ala	Asp	Leu	
			515					520					525				
30	Asn	Asp	Gly	His	Leu	Asp	Tyr	Tyr	Phe	Trp	Leu	Trp	Thr	Gly	Ile	Ser	
		530					535					540					
35	Ala	Ile	Asn	Phe	Val	Val	Tyr	Ala	Ala	Phe	Ala	Lys	Asn	Tyr	Thr	Val	
	545					550					555					560	
40	Lys	Arg	Leu	Ala	Val	Pro	His	Ser	His								
					565												
45	Met	Ala	Ala	Ala	Ala	Ala	Ala	Ala	Ala	Ala	Glu	Asp	Glu	Glu	Lys	Arg	
	1				5					10					15		
50	Pro	Leu	Leu	Leu	Arg	Pro	Asn	Gly	Gly	Gly	Gly	Lys	Glu	Glu	Glu	Asp	
				20					25					30			
55	Lys	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Trp	Arg	Ala	Cys	Val	Leu	Ile	Leu	Gly	Thr	
		35					40						45				
60	Glu	Leu	Ser	Asp	Cys	Leu	Ala	Phe	Ala	Gly	Ile	Ala	Arg	Asn	Leu	Val	
		50				55						60					
65	Ser	Tyr	Leu	Thr	Gly	Val	Val	Gly	Glu	Ser	Asn	Val	Ala	Ala	Ala	Arg	
	65					70					75					80	
65	Asp	Val	Ser	Ala	Trp	Thr	Gly	Thr	Cys	Phe	Leu	Thr	Pro	Leu	Val	Gly	
					85					90					95		

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

Val Pro Pro Ala Thr Leu Ser Thr Phe Glu Val Val Ser Ile Leu Leu
 370 375 380
 5
 Cys Val Pro Ala Tyr Asp Ala Ala Leu Met Pro Leu Ala Arg Arg Val
 385 390 395 400
 10
 Thr Gly Asp Arg Arg Gly Leu Ser Gln Leu Gln Arg Leu Gly Val Gly
 405 410 415
 15
 Leu Ala Leu Ser Ala Leu Ala Met Ala Tyr Ser Ala Leu Leu Glu Ala
 420 425 430
 20
 Ser Arg Arg Arg Arg Ala Ala Thr Ser Ile Val Trp Gln Ala Pro Ser
 435 440 445
 25
 Tyr Met Ala Leu Gly Ala Ala Glu Val Phe Thr Ser Val Gly Leu Leu
 450 455 460
 30
 Glu Phe Phe Tyr Asp Gln Ala Pro Asp Thr Ile Lys Ser Leu Cys Thr
 465 470 475 480
 35
 Ala Val Ser Leu Val Ala Val Ala Ala Gly Ser Tyr Leu Asn Ser Ala
 485 490 495
 40
 Ile Val Ala Val Val Ala Trp Ala Thr Ala Pro Glu Lys Gly Gly Gly
 500 505 510
 45
 Gly Gly Trp Ile Pro Asp Asp Leu Asn Arg Gly Arg Leu Asp Cys Phe
 515 520 525
 50
 Phe Trp Leu Met Phe Gly Leu Ser Cys Val Asn Leu Leu Ala Phe Val
 530 535 540
 55
 Tyr Ser Ser Thr Arg Tyr Ser Tyr Arg Val Ala Asn
 545 550 555
 <210> 42
 <211> 516
 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*
 <400> 42
 60
 Met Asn Arg His Glu Glu Phe Thr Glu Trp His Val Gly Thr Glu Cys
 1 5 10 15
 65
 Leu Gly Gln Leu Ala Phe Phe Gly Val Gln Tyr Ser Leu Val Thr Phe
 20 25 30
 Leu Thr Thr Gln Leu Arg Gln Gly Asn Ala Glu Ala Ala Arg Asn Phe
 35 40 45

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Arg Arg Leu Gly Val Ala Phe Ala Val Pro Ala Ala Ser Leu Asn Ser	325	330	335	
5	Val Tyr Ala Ala Ala Met Leu Val Leu Val Pro Leu Tyr Asp Ala Ala	340	345	350	
10	Val Val Pro Ala Ala Arg Arg Leu Thr Gly Ser Glu Arg Gly Leu Thr	355	360	365	
15	Glu Leu Gln Arg Ile Gly Ala Gly Met Ala Leu Ser Val Ala Ala Met	370	375	380	
20	Ala Ala Ala Ala Thr Val Glu Gly Arg Arg Leu Ala Ala Ala Gly Glu	385	390	395	400
25	Val Ser Ile Ala Trp Gln Val Pro Gln Tyr Val Leu Leu Gly Ala Ser	405	410	415	
30	Ala Val Leu Ala His Ile Gly Gln Leu Glu Phe Phe Tyr Asn Gln Ala	420	425	430	
35	Pro Asp Ser Met Arg Ser Leu Cys Ser Ala Leu Gly His Met Thr Cys	435	440	445	
40	Ser Leu Gly Ser Tyr Leu Ser Ser Val Val Val Thr Val Val Ser His	450	455	460	
45	Ala Thr Ala Arg Gly Gly Ser Pro Gly Trp Ile Ala Asp Asp Ile Asp	465	470	475	480
50	Asp Gly His Leu Asp Arg Phe Phe Trp Leu Val Ala Gly Leu Ser Ser	485	490	495	
55	Ile Asn Leu Val Val Phe Ile Cys Cys Ala Lys Arg Tyr Lys Tyr Lys	500	505	510	
60	Asp Ser Ile Asn	515			
	<210> 43				
	<211> 574				
	<212> PRT				
	<213> <i>Oryza sativa</i>				
65	Met Asp Ala Gly Asp Ala Met Glu Ser Gly Gln Arg Ala Ala Leu Leu	1	5	10	15
	Pro Glu Ser His Gly Pro Lys Thr Glu Asp Asp Ser Leu Gln Val Pro	20	25	30	

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	290		295		300											
5	Thr 305	Phe	Leu	Asp	Lys	Ala 310	Ala	Val	Val	Ser	Glu 315	Ser	Asp	Leu	Glu	Glu 320
10	Arg	Pro	Glu	Ala	Ala 325	Ser	Ser	Trp	Lys	Leu 330	Cys	Thr	Val	Thr	Gln 335	Val
15	Glu	Glu	Leu	Lys 340	Ile	Leu	Leu	Arg	Leu 345	Leu	Pro	Ile	Trp	Ala 350	Thr	Ser
20	Ile	Ile	Val	Ser 355	Ala	Ala	Tyr	Ser 360	Gln	Met	Ser	Thr	Thr 365	Phe	Ile	Gln
25	Gln 370	Gly	Ser	Ala	Met	Asp	Met 375	His	Ile	Phe	Ser	Val 380	Pro	Val	Pro	Ala
30	Ala 385	Ser	Leu	Ser	Ser	Phe 390	Gln	Val	Leu	Cys	Val 395	Leu	Thr	Trp	Val	Ile 400
35	Leu	Tyr	Ser	Lys 405	Val	Ile	Val	Pro	Ala	Leu 410	Arg	Gly	Phe	Ser	Ser 415	Ser
40	Gly	Ala	Ala	Gly 420	Glu	Pro	Ser	Gln	Leu 425	Gln	Arg	Met	Gly	Ala 430	Gly	Arg
45	Leu	Leu	Met	Ala 435	Leu	Ala	Met	Ala 440	Val	Ala	Ala	Leu	Val 445	Glu	Thr	Lys
50	Arg	Leu 450	Asn	Ala	Ala	Ala	Ser 455	Gly	Glu	Ala	Ile	Asn 460	Ile	Ala	Trp	Gln
55	Met 465	Pro	Gln	Tyr	Phe	Phe 470	Leu	Ala	Gly	Ala	Glu 475	Val	Phe	Cys	Tyr	Ile 480
60	Ala	Gln	Leu	Glu	Phe 485	Phe	Phe	Gly	Glu 490	Ala	Pro	Asp	Thr	Met	Lys 495	Ser
65	Thr	Cys	Thr	Ser 500	Leu	Ala	Leu	Leu	Thr 505	Ile	Ala	Leu	Gly	Ser 510	Tyr	Leu
	Ser	Ser	Leu 515	Ile	Tyr	Ala	Val	Val 520	Glu	Ala	Phe	Thr	Ala 525	Thr	Ala	Gly
	Gly	His 530	Gly	Trp	Ile	Ser	Asp 535	Asp	Leu	Asn	Gln	Gly 540	His	Leu	Asp	Tyr
	Phe 545	Phe	Trp	Met	Leu	Ala 550	Ala	Met	Cys	Thr	Leu 555	Asn	Phe	Val	Val	Tyr 560

ES 2 364 152 T3

Ser Gly Phe Ala Lys Asn Tyr Lys Leu Lys Thr Val Leu Ser
565 570

5 <210> 44

<211> 577

<212> PRT

10 <213> *Oryza sativa*

<400> 44

15 Met Asp Glu Ala Ala Ala Gly Gln Arg Ala Ser Pro Leu Leu Ala Lys
1 5 10 15

Asn Asp Gly Ser Ser Tyr Gly Glu Glu Ser Gln Ser Leu Leu Glu Glu
20 20 25 30

Gln Glu Pro Gln Val Lys Thr Lys Gln Ser Gly Trp Arg Ala Pro Ser
35 40 45

25 Ile Ile Leu Gly Leu Glu Cys Leu Glu Ser Met Ala Phe Asn Gly Ile
50 55 60

30 Ala Thr Asn Leu Val Val Tyr Ile Arg Ser Val Leu His Gly Gly Ile
65 70 75 80

35 Ala Ser Ser Ala Ser Thr Ser Ser Leu Trp Tyr Gly Thr Ser Phe Phe
85 90 95

40 Val Pro Ile Leu Gly Ala Thr Ile Ala Asp Thr Tyr Trp Gly Asn Tyr
100 105 110

Lys Thr Val Leu Ile Ser Phe Ile Met Tyr Leu Leu Gly Thr Val Phe
115 120 125

45 Ile Thr Val Gly Ala Phe Leu Pro Ser Ala Pro Ala Leu Cys Asn Thr
130 135 140

50 Glu Ser Cys Ser Ser Met Asn Gly Thr Gln His Leu Val Tyr Phe Ser
145 150 155 160

55 Gly Leu Tyr Leu Thr Ala Ile Gly Cys Gly Gly Val Arg Ser Ala Leu
165 170 175

60 Leu Pro Leu Gly Ala Asp Gln Phe Asn Asn Asp Ser Ser Leu Asp Ile
180 185 190

Gln Lys Arg Arg Asn Phe Phe Ser Leu Phe Tyr Ile Cys Val Ile Phe
195 200 205

65 Gly Val Ile Thr Ser Gly Thr Ile Val Val Trp Ile Gln Glu Asn Val
210 215 220

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Ser Met Leu Thr Ala Phe Ala Leu Leu Thr Thr Ala Leu Gly Asn Tyr	500	505	510
5	Phe Ser Ser Ala Ile Ile Thr Leu Ile Ala Arg Val Thr Gly Thr Trp	515	520	525
10	His Ser Pro Gly Trp Ile Pro Asp Asp Leu Asn Lys Gly His Leu Asp	530	535	540
15	Tyr Tyr Tyr Trp Cys Leu Ala Ala Ile Ser Ala Val Asn Phe Val Val	545	550	555
	Tyr Ile Tyr Phe Ala Ser Lys Tyr Lys Leu Lys Lys Ala Val Ile Gln	565	570	575
20	Val			
	<210> 45			
25	<211> 593			
	<212> PRT			
	<213> <i>Oryza sativa</i>			
30	<400> 45			
	Met Asp Ala Gly Glu Ile Ile Val Ala Gln Pro Ser Pro Arg Leu Tyr	1	5	10
35	Lys Ser Leu Thr Phe Arg Arg Ile Ala Thr Lys Glu Arg Thr Ile Pro	20	25	30
40	Gln Asp Glu Glu Met Lys Ile Arg Ser Pro Arg Phe Gln Asp Glu Ser	35	40	45
45	Leu Thr Ala Pro Phe Ile Leu Asp Lys Lys Ala Arg Ser Lys Ala Pro	50	55	60
50	Thr Val Val Leu Gly Phe Glu Cys Leu Glu Ser Thr Ala Phe Asn Gly	65	70	75
	Ile Ala Thr Asn Leu Val Val Tyr Leu Glu Thr Leu Leu His Gly Ser	85	90	95
55	Asn Leu Ala Ser Ala Ser Asn Val Thr Thr Trp Phe Gly Thr Ser Tyr	100	105	110
60	Leu Thr Pro Val Phe Gly Ala Ile Ile Ala Asp Thr Phe Trp Gly Asn	115	120	125
65	Tyr Asn Thr Ile Leu Val Ser Leu Val Phe Tyr Leu Leu Gly Met Met	130	135	140

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

Leu Ala Trp Val Leu Met Tyr Ser Ser Val Ile Val Pro Met Leu Asn
 420 425 430
 5
 Ser Leu Ser Leu Ala Asn Gly Glu Pro Ser Gln Leu Gln Arg Met Gly
 435 440 445
 10
 Ala Gly Arg Leu Leu Met Ala Phe Ala Met Ala Val Ala Ala Leu Val
 450 455 460
 15
 Glu Met Met Arg Leu Asp Ala Ala Gly Arg Gly Glu Ser Leu Ser Ile
 465 470 475 480
 20
 Ala Trp Gln Met Pro Gln Tyr Phe Ala Leu Ala Gly Ala Glu Val Phe
 485 490 495
 Cys Tyr Ile Ala Gln Leu Glu Phe Phe Tyr Ser Glu Ala Pro Glu Ser
 500 505 510
 25
 Met Lys Ser Met Cys Thr Ser Leu Ala Leu Leu Thr Val Ala Leu Gly
 515 520 525
 30
 Ser Tyr Met Ser Ser Phe Ile Tyr Ala Val Val Asn Ala Phe Thr Ala
 530 535 540
 35
 Val Asp Gly Arg Pro Gly Trp Ile Ser Asp Asn Leu Asn Glu Gly His
 545 550 555 560
 40
 Met Asp Tyr Phe Phe Trp Val Met Ala Ala Leu Cys Thr Leu Asn Phe
 565 570 575
 Val Val Tyr Ser Ala Phe Ala Arg Thr Tyr Arg Val Lys Leu Val Val
 580 585 590
 45
 Ser
 <210> 46
 50 <211> 593
 <212> PRT
 <213> *Oryza sativa*
 55 <400> 46
 Met Asp Ala Gly Glu Ile Ile Val Ala Gln Pro Ser Pro Arg Leu Tyr
 1 5 10 15
 60
 Lys Ser Leu Thr Phe Arg Arg Ile Ala Thr Lys Glu Arg Thr Ile Pro
 20 25 30
 65
 Gln Asp Glu Glu Met Lys Ile Arg Ser Pro Arg Phe Gln Asp Glu Ser
 35 40 45

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	305					310						315				320
5	Gln	Phe	Gly	Phe	Leu	Asp	Lys	Ala	Ala	Val	Val	Met	Glu	Ser	Asp	Leu
					325					330					335	
10	Glu	Glu	Glu	Ser	Asn	Asp	Val	Ala	Ala	Asp	Ala	Ser	Trp	Arg	Ile	Cys
				340					345					350		
15	Thr	Val	Thr	Gln	Ile	Glu	Glu	Leu	Lys	Ile	Leu	Leu	Arg	Leu	Leu	Pro
			355					360					365			
20	Ile	Trp	Ala	Thr	Ser	Ile	Val	Leu	Ser	Ala	Ala	Tyr	Ala	Gln	Leu	Asn
	370						375					380				
25	Thr	Thr	Phe	Val	Gln	Gln	Gly	Ala	Ala	Met	Asn	Met	Arg	Ile	Met	Ser
	385					390					395					400
30	Phe	Thr	Ile	Pro	Pro	Ala	Ser	Met	Val	Ser	Phe	Gly	Val	Leu	Cys	Val
				405						410					415	
35	Leu	Ala	Trp	Val	Leu	Met	Tyr	Ser	Ser	Val	Ile	Val	Pro	Met	Leu	Asn
			420						425					430		
40	Ser	Leu	Ser	Leu	Ala	Asn	Gly	Glu	Pro	Ser	Gln	Leu	Gln	Arg	Met	Gly
		435						440					445			
45	Ala	Gly	Arg	Leu	Leu	Met	Ala	Phe	Ala	Met	Ala	Val	Ala	Ala	Leu	Val
	450						455					460				
50	Glu	Met	Met	Arg	Leu	Asp	Ala	Ala	Gly	Arg	Gly	Glu	Ser	Leu	Ser	Ile
	465					470					475					480
55	Ala	Trp	Gln	Met	Pro	Gln	Tyr	Phe	Ala	Leu	Ala	Gly	Ala	Glu	Val	Phe
				485					490					495		
60	Cys	Tyr	Ile	Ala	Gln	Leu	Glu	Phe	Phe	Tyr	Ser	Glu	Ala	Pro	Glu	Ser
			500						505					510		
65	Met	Lys	Ser	Met	Cys	Thr	Ser	Leu	Ala	Leu	Leu	Thr	Val	Ala	Leu	Gly
		515						520					525			
70	Ser	Tyr	Met	Ser	Ser	Phe	Ile	Tyr	Ala	Val	Val	Asn	Ala	Phe	Thr	Ala
	530						535					540				
75	Val	Asp	Gly	Arg	Pro	Gly	Trp	Ile	Ser	Asp	Asn	Leu	Asn	Glu	Gly	His
	545					550					555					560
80	Met	Asp	Tyr	Phe	Phe	Trp	Val	Val	Ala	Ala	Leu	Cys	Thr	Leu	Asn	Phe
				565					570						575	

ES 2 364 152 T3

Val Val Tyr Ser Ala Phe Ala Arg Thr Tyr Arg Val Lys Leu Val Val
580 585 590

5 Ser

<210> 47

<211> 575

10 <212> PRT

<213> *Oryza sativa*

15 <400> 47

Met Asp Ala Gly Asp Ala Met Glu Arg Gly Gln Gln Arg Leu Pro Glu
1 5 10 15

20 Ser Trp Asn Pro Lys Leu Gln Asp Asp Val Ser Leu Thr Val Pro Leu
20 25 30

25 Ile Gln Asp Lys Lys Ser Gly Ser Lys Ala Pro Ala Val Val Leu Gly
35 40 45

30 Phe Glu Cys Leu Glu Ser Thr Ala Phe Asn Gly Ile Ala Thr Asn Leu
50 55 60

35 Val Val Tyr Leu Glu Thr Val Leu His Gly Ser Ser Leu Ala Ser Ala
65 70 75 80

Ser Asn Val Thr Thr Trp Phe Gly Thr Ser Tyr Leu Thr Pro Val Phe
85 90 95

40 Gly Ala Ile Ile Ala Asp Thr Phe Phe Gly Asn Tyr Asn Thr Ile Leu
100 105 110

45 Val Ser Leu Val Phe Tyr Leu Leu Gly Met Val Leu Val Thr Phe Ser
115 120 125

50 Ala Phe Leu Pro Thr Thr Ala Leu Cys Ala Val Ala Gly Ser Thr Ser
130 135 140

Cys Gln Gln Pro Val Phe Gly Ala Gln Thr Ile Ala Phe Val Gly Leu
145 150 155 160

55 Tyr Leu Val Ala Phe Gly Ser Gly Gly Val Arg Ala Ala Leu Leu Pro
165 170 175

60 Phe Gly Ala Glu Gln Phe Asp Asp Asp Asn Ala Val Asp Arg Glu Arg
180 185 190

65 Lys Met Ser Phe Phe Ser Trp Phe Tyr Met Cys Val Asp Phe Gly Met
195 200 205

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

5 Ile Ala Gln Leu Glu Phe Phe Tyr Ser Glu Ala Pro Glu Ser Met Lys
 485 490 495
 Ser Ile Cys Thr Ser Leu Ala Leu Leu Thr Val Ala Leu Gly Ser Tyr
 500 505 510
 10 Met Ser Ser Phe Ile Tyr Ala Val Val Asn Ala Phe Thr Ala Val Asp
 515 520 525
 15 Gly Arg Pro Gly Trp Ile Ser Asp Asn Leu Asn Glu Gly His Leu Asp
 530 535 540
 20 Tyr Phe Phe Trp Val Met Ser Ala Leu Cys Thr Leu Asn Phe Val Val
 545 550 555 560
 Tyr Ser Ala Phe Ala Arg Asn Tyr Lys Val Lys Thr Val Val Ser
 565 570 575
 25 <210> 48
 <211> 571
 <212> PRT
 30 <213> *Oryza sativa*
 <400> 48
 35 Met Ser Met Asn Asn Met Met Gly Ser Pro Pro Ser Arg Ser Arg Gly
 1 5 10 15
 Arg Asp Glu Lys Lys Lys Arg Trp Lys Trp Lys Leu Gly Pro Ala Thr
 20 25 30
 40 Ile Leu Gly Phe Glu Leu Leu Glu Ser Ile Ala Phe Ser Gly Val Ala
 35 40 45
 45 Leu Asn Leu Val Val Tyr Leu Ala Thr Val Leu His Gly Thr Leu Ala
 50 55 60
 50 Phe Asn Ala Ala His Val Asp Thr Trp Asn Gly Thr Thr Phe Ile Val
 65 70 75 80
 55 Pro Val Ile Gly Ala Phe Leu Ala Asp Ser Tyr Trp Gly Lys Tyr Arg
 85 90 95
 60 Thr Ile Leu Ala Ser Leu Leu Phe Tyr Leu Ala Gly Leu Val Leu Leu
 100 105 110
 Thr Val Ser Ala Ala Val Pro Ser Leu Arg Pro Ala Pro Cys Thr Gly
 115 120 125
 65 Val Pro Cys Ser Pro Ala Thr Gly Thr Gln Phe Ser Val Phe Phe Leu
 130 135 140

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Gln Arg Met	Gly Val Gly Arg Val	Leu Val Val Val	Ala Met Ala Thr	
	420		425	430	
5	Ala Ala Leu	Val Glu Arg Arg Arg	Leu Arg Gly Glu	Lys Arg Ser Met	
	435		440	445	
10	Ser Ile Leu Trp	Gln Val Pro Gln Phe Val Val	Leu Ala Gly Ser Asp		
	450	455	460		
15	Val Phe Ser Gly Ile	Ala Gln Leu Glu Phe Phe Tyr Gly Glu Ala Pro			
	465	470	475	480	
20	Gly Ser Met Arg Ser Ile Cys Ser Ala Phe Ser Phe Leu Ala Leu Ser				
		485	490	495	
25	Leu Gly Phe Tyr Val Asn Ser Leu Val Val Thr Ile Val Ala Ala Val				
		500	505	510	
30	Thr Lys Arg Ser Asp Gly Ser Gly Gly Trp Leu Ala Pro Asp Leu Asp				
		515	520	525	
35	Thr Ala His Leu Asp Tyr Tyr Phe Trp Leu Trp Ala Leu Ile Ser Leu				
	530	535	540		
40	Ala Asn Leu Ala Leu Tyr Leu Leu Leu Ala Ala Arg Tyr Lys Ser Lys				
	545	550	555	560	
45	Lys Pro Ser Pro Pro His Ser Ser Ser His Pro				
		565	570		
50	Met Asp Ala Asp His Glu Arg Arg Arg Pro Glu Gln Gly Ala Leu Arg				
	1	5	10	15	
55	Arg Pro Leu Leu Ala Asp Asp Glu Thr Cys Gly His Arg Thr Ala Glu				
		20	25	30	
60	Cys Arg Gly Val Phe Pro Phe Ile Asp Phe Cys Ser Ala Glu Asp Cys				
	35	40	45		
65	Glu Ala Ser Ser Ser Asn Gln Ser Leu Val Ser Gln Glu Asp Arg Gly				
	50	55	60		
70	Gln Glu Val Ala Glu Val Gln Lys Val Glu Ser Cys Ser Asn Lys Ala				
	65	70	75	80	

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

				340					345					350			
5		Cys	Leu	Asp	Lys	Ala	Ala	Ile	Val	Ser	Asp	Glu	Asp	Leu	Glu	Asp	Gly
				355					360					365			
10		Asp	Arg	Trp	Arg	Leu	Cys	Thr	Val	Ser	Gln	Val	Glu	Glu	Val	Lys	Ile
				370				375					380				
15		Leu	Leu	Arg	Leu	Ile	Pro	Ile	Trp	Leu	Thr	Ser	Ala	Val	Tyr	Phe	Ile
		385					390					395					400
20		Ala	Asn	Thr	Gln	Ala	Gln	Thr	Thr	Phe	Val	Gln	Gln	Gly	Thr	Lys	Thr
					405						410					415	
25		Asp	Gly	Arg	Ile	Ala	Arg	Gly	Ala	Phe	Ser	Val	Pro	Ala	Ala	Ser	Leu
					420					425					430		
30		Ser	Ser	Phe	Gln	Met	Ala	Phe	Val	Ala	Val	Phe	Val	Thr	Leu	Tyr	Asn
				435					440					445			
35		Arg	Ala	Val	Met	Pro	Ala	Ala	Arg	Arg	Cys	Leu	Gly	Arg	Ala	Val	Ala
			450					455					460				
40		Phe	Thr	Pro	Leu	Gln	Leu	Met	Gly	Phe	Gly	His	Ala	Thr	Ala	Val	Val
		465					470					475					480
45		Ala	Val	Gly	Val	Ala	Ala	Cys	Thr	Glu	Ala	Arg	Arg	Leu	His	Ala	Ala
					485						490					495	
50		Arg	Ala	Gly	Ala	Pro	Ala	Met	Gly	Ile	Ala	Trp	Leu	Leu	Pro	Gln	Tyr
					500					505					510		
55		Leu	Val	Met	Ala	Ala	Ser	Asp	Ala	Ser	Leu	Thr	Val	Gly	Gln	Leu	Glu
				515					520					525			
60		Phe	Phe	Tyr	Asp	Gln	Ser	Pro	Glu	Thr	Met	Arg	Ser	Ala	Ser	Thr	Ala
			530					535					540				
65		Phe	Tyr	Phe	Leu	Ala	Ile	Ser	Leu	Gly	Asn	Leu	Leu	Asn	Ser	Gln	Leu
		545					550					555					560
70		Val	Thr	Leu	Val	Ala	Lys	Val	Thr	Ala	Val	Trp	Gly	Asn	Ala	Gly	Trp
					565						570					575	
75		Phe	Pro	Leu	Asp	Leu	Asp	Asp	Gly	His	Leu	Asp	Tyr	Phe	Phe	Leu	Leu
					580					585					590		
80		Ile	Val	Ala	Ile	Thr	Ala	Val	Asn	Phe	Ala	Val	Tyr	Val	Ala	Leu	Ala
				595					600						605		

ES 2 364 152 T3

Lys Asn Tyr Thr Pro Lys Lys Val Arg
610 615

5 <210> 50
<211> 1857
<212> DNA
<213> *Arabidopsis thaliana*

10 <220>
<221> carac_divers
<222> (1)..(1857)

15 <223> Clon Ceres 3086056 y Ceres cDNA ID 13575971

<220>
<221> CDS

20 <222> (56)..(415)

<400> 50

25 gcctcataac acataaaaca cagtggacgt aactcctctg tttcctctgt tctct gtc 58
Val
1

atg gct agt tta gtc tct ggt gat aaa gaa gct caa atc tct ggc gat 106
Met Ala Ser Leu Val Ser Gly Asp Lys Glu Ala Gln Ile Ser Gly Asp
5 10 15

30 cca ggc agc aag cgc ggt gga tgg atc act ttc ccg ttc atg ctc gct 154
Pro Gly Ser Lys Arg Gly Gly Trp Ile Thr Phe Pro Phe Met Leu Ala
20 25 30

35 act ttg tta ggc ctt tcc gtg act tct ttc gga tgg gta atg aat ttg 202
Thr Leu Leu Gly Leu Ser Val Thr Ser Phe Gly Trp Val Met Asn Leu
35 40 45

40 atc gtc ttc cta atc gaa gag ttc aac atc aag agc atc gct gct gct 250
Ile Val Phe Leu Ile Glu Phe Asn Ile Lys Ser Ile Ala Ala Ala
50 55 60 65

cag att tca aat gtt gcc aat gga tgt ctc agc atg ttg cct gtt gtt 298
Gln Ile Ser Asn Val Ala Asn Gly Cys Leu Ser Met Leu Pro Val Val
70 75 80

45 gca gcc att cta gct gat tct ttc ttt gga aac att ccg gtc atc ggc 346
Ala Ala Ile Leu Ala Asp Ser Phe Phe Gly Asn Ile Pro Val Ile Ala
85 90 95

50 gcc tct tct ttc att tct ctg ctt gga atc gtt ctc ttg acg ctt att 394
Ala Ser Ser Phe Ile Ser Leu Leu Gly Ile Val Leu Leu Thr Leu Ile
100 105 110

55 gca tct ttg gac tac ttg aga cctcgccgt gtgaagcagg gtcagtccta 445
Ala Ser Leu Asp Tyr Leu Arg
115 120

tgcacaccgc cgtcaaaact ccacctcggt atcttgtaca cagccttagc tttagtgacc 505

60 actggagcag gtgggacacg gttcaccatg gcacccgcgg gtgcaaacca atatgagaaa 565

cctaaagaac aaggaagctt cttcaactgg tacttcotca cactatacgc tggagctatt 625

actggtgcaa cagcaattgt atatatacaa gacaatgcta gctggaaact agggtttgggt 685

65 ctctgcgcgg ctgctaattt gatcagtttc atagtttttg tctctgggaa gagatactac 745

aagcatgaca aaccaatggg aagtcccttc acgagctataa tccgcgttgt agtctctgct 805

ES 2 364 152 T3

acagtaaaaa ggaaggctgt aatatcatgc aacgaagaag actatcatca ctatgggtctc 865
 gaaaaggagg tcaagacttc tgctgcaatg ccatccaaga gcttcaggtt cttgaaccgc 925
 5 gccgctttga tgaccaaaga tgatttaaat cagaaagaag gatcagttaa caacatctgg 985
 aggctatgct ctgtacaaga agtagaagat ttcaaagcca ttctccgagt ttttctctta 1045
 10 tggttatcaa tcatcttcgt gagtactcct atgggtgatgc aaacaagctt gattgtactc 1105
 caagctctag tcacggaccg cggacttggg cctaatttca aagtcccggc cggttccctc 1165
 caagtaataa taatcatcac tgcatgcatt gttatcatca tgaacaactg gcttgtcttt 1225
 15 ccaatgtaca agaagctaac tcataagttg ctgacaccgc ttcaaaaagt cggatataggc 1285
 caggttctca ccattctaag catggcactc tccgcggtgg tagaagcaaa gaggctgaaa 1345
 20 acagttgaaa atgggtcatcc catgtcagtg ttatgggttg ttctccctct tgtgatagta 1405
 ggtataggcg aagccttcca gtttccggcc aatattgaat tattttatgg cgaattcccc 1465
 gagtctctga ggaacaccgc gacttcattg acctcgggtg tgattggaat ctctttctat 1525
 25 ttgagcacag ctctcattga tcttatccag aggaccacag cgtgggttacc aaatgacatt 1585
 aaccacggaa gagtggacaa tgtttactgg cttttagtca ttggaggaat cttgaatttc 1645
 30 ggctacttcc ttgtgtgttc ttgggtctac aaatatagaa acctcaagga taatgatcaa 1705
 gaacaagatc caaaagatgg tacaatgtaa agacacaaca tgtttctatt ctagttctct 1765
 ttacattaat tctctcctgt tagcttttgt gttttcgtat gttttaccac ttcacatag 1825
 35 gaactacatt tagaaaataa tactttcaaa ct 1857

<210> 51

<211> 120

40 <212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 51

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

ES 2 364 152 T3

	Ala Ala Ser Ser Phe Ile Ser Leu Leu Gly Ile Val Leu Leu Thr Leu	
	100 105 110	
5	Ile Ala Ser Leu Asp Tyr Leu Arg	
	115 120	
	<210> 52	
10	<211> 1677	
	<212> DNA	
	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>	
15	<220>	
	<221> CDS	
	<222> (1)..(1677)	
20	<223> Ceres <i>in planta</i> sequence from 60.1NB42-35S	
	<400> 52	
25	atg gct agt tta gtc tct ggt gat aaa gaa gct caa atc tct ggc gat Met Ala Ser Leu Val Ser Gly Asp Lys Glu Ala Gln Ile Ser Gly Asp	48
	1 5 10 15	
30	cca ggc agc aag cgc ggt gga tgg atc act ttc ccg ttc atg ctc gct Pro Gly Ser Lys Arg Gly Gly Trp Ile Thr Phe Pro Phe Met Leu Ala	96
	20 25 30	
35	act ttg tta ggc ctt tcc gtg act tct ttc gga tgg gta atg aat ttg Thr Leu Leu Gly Leu Ser Val Thr Ser Phe Gly Trp Val Met Asn Leu	144
	35 40 45	
40	atc gtc ttc cta atc gaa gag ttc aac atc aag agc atc gct gct gct Ile Val Phe Leu Ile Glu Gly Phe Asn Ile Lys Ser Ile Ala Ala Ala	192
	50 55 60	
45	cag att tca aat gtt gcc aat gca tgt ctc agc atg ttg cct gtt gtt Gln Ile Ser Asn Val Ala Asn Ala Cys Leu Ser Met Leu Pro Val Val	240
	65 70 75 80	
50	gca gcc att cta gct gat tct ttc ttt gga aac att ccg gtc atc gcg Ala Ala Ile Leu Ala Asp Ser Phe Phe Gly Asn Ile Pro Val Ile Ala	288
	85 90 95	
55	gcc tct tct ttc att tct ctg ctt gga atc gtt ctc ttg acg ctt att Ala Ser Ser Phe Ile Ser Leu Leu Gly Ile Val Leu Leu Thr Leu Ile	336
	100 105 110	
60	gca tct ttg gac tac ttg aga cct cgg ccg tgt gaa gca ggg tca gtc Ala Ser Leu Asp Tyr Leu Arg Pro Arg Pro Cys Glu Ala Gly Ser Val	384
	115 120 125	
65	cta tgc aca ccg ccg tca aaa ctc cac ctc ggg atc ttg tac aca gcc Leu Cys Thr Pro Pro Ser Lys Leu His Leu Gly Ile Leu Tyr Thr Ala	432
	130 135 140	
70	tta gct tta gtg acc act gga gca ggt ggg aca ccg ttc acc atg gca Leu Ala Leu Val Thr Thr Gly Ala Gly Gly Thr Arg Phe Thr Met Ala	480
	145 150 155 160	
75	tcc gcg ggt gca aac caa tat gag aaa cct aaa gaa caa gga agc ttc Ser Ala Gly Ala Asn Gln Tyr Glu Lys Pro Lys Glu Gln Gly Ser Phe	528
	165 170 175	
80	ttc aac tgg tac ttc ctc aca cta tac gct gga gct att act ggt gca	576

ES 2 364 152 T3

	Phe	Asn	Trp	Tyr	Phe	Leu	Thr	Leu	Tyr	Ala	Gly	Ala	Ile	Thr	Gly	Ala	
				180					185					190			
5	aca	gca	att	gta	tat	ata	caa	gac	aat	gct	agc	tgg	aaa	cta	ggg	ttt	624
	Thr	Ala	Ile	Val	Tyr	Ile	Gln	Asp	Asn	Ala	Ser	Trp	Lys	Leu	Gly	Phe	
			195					200					205				
10	ggc	ctc	tgc	gcg	gct	gct	aat	ttg	atc	agt	ttc	ata	ggt	ttt	gtc	tct	672
	Gly	Leu	Cys	Ala	Ala	Ala	Asn	Leu	Ile	Ser	Phe	Ile	Val	Phe	Val	Ser	
			210					215					220				
15	ggg	aag	aga	cgc	tac	aag	cat	gac	aaa	cca	atg	gga	agt	ccc	ttc	acg	720
	Gly	Lys	Arg	Arg	Tyr	Lys	His	Asp	Lys	Pro	Met	Gly	Ser	Pro	Phe	Thr	
							230				235					240	
	agt	cta	atc	cgc	gtt	gta	gtc	tct	gct	aca	gta	aaa	ggg	aag	gct	gta	768
	Ser	Leu	Ile	Arg	Val	Val	Val	Ser	Ala	Thr	Val	Lys	Gly	Lys	Ala	Val	
					245					250					255		
20	att	tca	tgc	aac	gaa	gaa	gac	tat	cat	cac	tat	ggc	ctc	gaa	aag	gag	816
	Ile	Ser	Cys	Asn	Glu	Glu	Asp	Tyr	His	His	Tyr	Gly	Leu	Glu	Lys	Glu	
				260					265					270			
25	gtc	aag	act	tct	gct	gca	atg	cca	tcc	aag	agc	ttc	agg	ttc	ttg	aac	864
	Val	Lys	Thr	Ser	Ala	Ala	Met	Pro	Ser	Lys	Ser	Phe	Arg	Phe	Leu	Asn	
				275				280					285				
30	cgc	gcc	gct	ttg	atg	acc	aaa	gat	gat	tta	aat	cag	aaa	gaa	gga	tca	912
	Arg	Ala	Ala	Leu	Met	Thr	Lys	Asp	Asp	Leu	Asn	Gln	Lys	Glu	Gly	Ser	
				290				295					300				
35	gtt	aac	aac	atc	tgg	agg	cta	tgc	tct	gta	caa	gaa	gta	gaa	gat	ttc	960
	Val	Asn	Asn	Ile	Trp	Arg	Leu	Cys	Ser	Val	Gln	Glu	Val	Glu	Asp	Phe	
						310					315					320	
	aaa	gcc	att	ctc	cga	gtt	ttt	cct	cta	tgg	tta	tca	atc	atc	ttc	gtg	1008
	Lys	Ala	Ile	Leu	Arg	Val	Phe	Pro	Leu	Trp	Leu	Ser	Ile	Ile	Phe	Val	
					325					330					335		
40	agt	act	cct	atg	gtg	atg	caa	aca	agc	ttg	att	gta	ctc	caa	gct	cta	1056
	Ser	Thr	Pro	Met	Val	Met	Gln	Thr	Ser	Leu	Ile	Val	Leu	Gln	Ala	Leu	
				340					345					350			
45	gtc	acg	gac	cgc	gga	ctt	ggc	cct	aat	ttc	aaa	gtc	ccg	gcc	ggc	tcc	1104
	Val	Thr	Asp	Arg	Gly	Leu	Gly	Pro	Asn	Phe	Lys	Val	Pro	Ala	Gly	Ser	
				355				360					365				
50	ctc	caa	gta	ata	ata	atc	atc	act	gca	tgc	att	gtt	atc	atc	atg	aac	1152
	Leu	Gln	Val	Ile	Ile	Ile	Ile	Thr	Ala	Cys	Ile	Val	Ile	Ile	Met	Asn	
				370				375					380				
55	aac	tgg	cct	gtc	ttt	cca	atg	tac	aag	aag	cta	act	cat	aag	ttg	ctg	1200
	Asn	Trp	Pro	Val	Phe	Pro	Met	Tyr	Lys	Lys	Leu	Thr	His	Lys	Leu	Leu	
						390					395					400	
	aca	ccg	ctt	caa	aaa	gtc	ggc	ata	ggc	cag	gtt	ctc	acc	att	cta	agc	1248
	Thr	Pro	Leu	Gln	Lys	Val	Gly	Ile	Gly	Gln	Val	Leu	Thr	Ile	Leu	Ser	
					405					410					415		
60	atg	gca	ctc	tcc	gcg	gtg	gta	gaa	gca	aag	agg	ctg	aaa	aca	gtt	gaa	1296
	Met	Ala	Leu	Ser	Ala	Val	Val	Glu	Ala	Lys	Arg	Leu	Lys	Thr	Val	Glu	
				420					425					430			
65	aat	ggc	cat	ccc	atg	tca	gtg	tta	tgg	ttg	ttt	cct	ccc	ctt	gtg	ata	1344
	Asn	Gly	His	Pro	Met	Ser	Val	Leu	Trp	Leu	Phe	Pro	Pro	Leu	Val	Ile	
				435				440					445				

ES 2 364 152 T3

	gta ggt ata ggc gaa gcc ttc cag ttt ccg gcc aat att gaa tta ttt	1392
	Val Gly Ile Gly Glu Ala Phe Gln Phe Pro Ala Asn Ile Glu Leu Phe	
	450 455 460	
5	tat ggc gaa ttc ccc gag tct ctg agg aac acc gcg act tca ttg acc	1440
	Tyr Gly Glu Phe Pro Glu Ser Leu Arg Asn Thr Ala Thr Ser Leu Thr	
	465 470 475 480	
10	tcg gtg gtg att gga atc tct ttc tat ttg agc aca gct ctc att gat	1488
	Ser Val Val Ile Gly Ile Ser Phe Tyr Leu Ser Thr Ala Leu Ile Asp	
	485 490 495	
15	ctt atc cag agg acc aca gcg tgg tta cca aat gac att aac cac gga	1536
	Leu Ile Gln Arg Thr Thr Ala Trp Leu Pro Asn Asp Ile Asn His Gly	
	500 505 510	
20	aga gtg gac aat gtt tac tgg ctt tta gtc att gga gga atc ttg aat	1584
	Arg Val Asp Asn Val Tyr Trp Leu Leu Val Ile Gly Gly Ile Leu Asn	
	515 520 525	
25	ttc ggc tac ttc ctt gtg tgt tct tgg gtc tac aaa tat aga aac ctc	1632
	Phe Gly Tyr Phe Leu Val Cys Ser Trp Val Tyr Lys Tyr Arg Asn Leu	
	530 535 540	
30	aag gat aat gat caa gaa caa gat cca aaa gat ggt aca atg taa	1677
	Lys Asp Asn Asp Gln Glu Gln Asp Pro Lys Asp Gly Thr Met	
	545 550 555	
30	<210> 53	
	<211> 558	
	<212> PRT	
	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>	
35	<400> 53	
40	Met Ala Ser Leu Val Ser Gly Asp Lys Glu Ala Gln Ile Ser Gly Asp	
	1 5 10 15	
45	Pro Gly Ser Lys Arg Gly Gly Trp Ile Thr Phe Pro Phe Met Leu Ala	
	20 25 30	
50	Thr Leu Leu Gly Leu Ser Val Thr Ser Phe Gly Trp Val Met Asn Leu	
	35 40 45	
55	Ile Val Phe Leu Ile Glu Glu Phe Asn Ile Lys Ser Ile Ala Ala Ala	
	50 55 60	
60	Gln Ile Ser Asn Val Ala Asn Ala Cys Leu Ser Met Leu Pro Val Val	
	65 70 75 80	
65	Ala Ala Ile Leu Ala Asp Ser Phe Phe Gly Asn Ile Pro Val Ile Ala	
	85 90 95	
70	Ala Ser Ser Phe Ile Ser Leu Leu Gly Ile Val Leu Leu Thr Leu Ile	
	100 105 110	
75	Ala Ser Leu Asp Tyr Leu Arg Pro Arg Pro Cys Glu Ala Gly Ser Val	
	115 120 125	

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Thr	Pro	Leu	Gln	Lys	Val	Gly	Ile	Gly	Gln	Val	Leu	Thr	Ile	Leu	Ser	
					405					410					415		
5	Met	Ala	Leu	Ser	Ala	Val	Val	Glu	Ala	Lys	Arg	Leu	Lys	Thr	Val	Glu	
				420					425					430			
10	Asn	Gly	His	Pro	Met	Ser	Val	Leu	Trp	Leu	Phe	Pro	Pro	Leu	Val	Ile	
			435					440					445				
15	Val	Gly	Ile	Gly	Glu	Ala	Phe	Gln	Phe	Pro	Ala	Asn	Ile	Glu	Leu	Phe	
		450					455					460					
20	Tyr	Gly	Glu	Phe	Pro	Glu	Ser	Leu	Arg	Asn	Thr	Ala	Thr	Ser	Leu	Thr	
	465					470					475				480		
25	Ser	Val	Val	Ile	Gly	Ile	Ser	Phe	Tyr	Leu	Ser	Thr	Ala	Leu	Ile	Asp	
					485					490					495		
30	Leu	Ile	Gln	Arg	Thr	Thr	Ala	Trp	Leu	Pro	Asn	Asp	Ile	Asn	His	Gly	
				500					505					510			
35	Arg	Val	Asp	Asn	Val	Tyr	Trp	Leu	Leu	Val	Ile	Gly	Gly	Ile	Leu	Asn	
			515					520					525				
40	Phe	Gly	Tyr	Phe	Leu	Val	Cys	Ser	Trp	Val	Tyr	Lys	Tyr	Arg	Asn	Leu	
		530					535					540					
45	Lys	Asp	Asn	Asp	Gln	Glu	Gln	Asp	Pro	Lys	Asp	Gly	Thr	Met			
	545					550					555						
	<210> 54																
	<211> 558																
	<212> PRT																
	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>																
	<400> 54																
50	Met	Ala	Ser	Leu	Val	Ser	Gly	Asp	Lys	Glu	Ala	Gln	Ile	Ser	Gly	Asp	
	1				5					10					15		
55	Pro	Gly	Ser	Lys	Arg	Gly	Gly	Trp	Ile	Thr	Phe	Pro	Phe	Met	Leu	Ala	
				20					25					30			
60	Thr	Leu	Leu	Gly	Leu	Ser	Val	Thr	Ser	Phe	Gly	Trp	Val	Met	Asn	Leu	
			35					40					45				
65	Ile	Val	Phe	Leu	Ile	Glu	Glu	Phe	Asn	Ile	Lys	Ser	Ile	Ala	Ala	Ala	
		50					55					60					
70	Gln	Ile	Ser	Asn	Val	Ala	Asn	Gly	Cys	Leu	Ser	Met	Leu	Pro	Val	Val	
	65					70					75				80		

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	340	345	350
5	Val Thr Asp Arg Gly Leu Gly Pro Asn Phe Lys Val Pro Ala Gly Ser 355 360 365		
10	Leu Gln Val Ile Ile Ile Ile Thr Ala Cys Ile Val Ile Ile Met Asn 370 375 380		
15	Asn Trp Leu Val Phe Pro Met Tyr Lys Lys Leu Thr His Lys Leu Leu 385 390 395 400		
20	Thr Pro Leu Gln Lys Val Gly Ile Gly Gln Val Leu Thr Ile Leu Ser 405 410 415		
25	Met Ala Leu Ser Ala Val Val Glu Ala Lys Arg Leu Lys Thr Val Glu 420 425 430		
30	Asn Gly His Pro Met Ser Val Leu Trp Leu Phe Pro Pro Leu Val Ile 435 440 445		
35	Val Gly Ile Gly Glu Ala Phe Gln Phe Pro Ala Asn Ile Glu Leu Phe 450 455 460		
40	Tyr Gly Glu Phe Pro Glu Ser Leu Arg Asn Thr Ala Thr Ser Leu Thr 465 470 475 480		
45	Ser Val Val Ile Gly Ile Ser Phe Tyr Leu Ser Thr Ala Leu Ile Asp 485 490 495		
50	Leu Ile Gln Arg Thr Thr Ala Trp Leu Pro Asn Asp Ile Asn His Gly 500 505 510		
55	Arg Val Asp Asn Val Tyr Trp Leu Leu Val Ile Gly Gly Ile Leu Asn 515 520 525		
60	Phe Gly Tyr Phe Leu Val Cys Ser Trp Val Tyr Lys Tyr Arg Asn Leu 530 535 540		
65	Lys Asp Asn Asp Gln Glu Gln Asp Pro Lys Asp Gly Thr Met 545 550 555		
	<210> 55		
	<211> 548		
	<212> PRT		
	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>		
	<400> 55		
60	Met Ala Asn Ser Asp Ser Gly Asp Lys Glu Ala His Arg Ser Ser Lys 1 5 10 15		
65	His Gly Gly Trp Ile Thr Leu Pro Phe Met Leu Val Thr Leu Leu Gly		

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Lys	Thr	Glu	Gly	Asp	Ser	Asn	Asn	Asn	Met	Trp	Arg	Leu	Cys	Ser	Val
	290						295					300				
5																
	Gln	Glu	Val	Glu	Asp	Phe	Lys	Ala	Val	Leu	Arg	Leu	Val	Pro	Leu	Trp
	305					310					315					320
10																
	Thr	Ser	Val	Met	Phe	Leu	Ser	Ala	Pro	Leu	Ala	Val	Gln	Met	Ser	Met
					325					330					335	
15																
	Thr	Val	Leu	Gln	Ala	Met	Val	Met	Asp	Arg	Lys	Leu	Gly	Pro	His	Phe
				340					345					350		
20																
	Lys	Val	Ser	Ala	Gly	Ser	Met	Gln	Val	Ile	Ala	Leu	Val	Ser	Gly	Cys
			355					360					365			
25																
	Val	Phe	Ile	Ile	Leu	Asn	Asn	Trp	Thr	Thr	Tyr	Pro	Met	Tyr	Gln	Lys
	370					375						380				
30																
	Leu	Ile	Arg	Lys	Pro	Leu	Thr	Pro	Leu	Gln	Lys	Val	Gly	Ile	Gly	His
	385					390					395					400
35																
	Val	Leu	Thr	Ile	Leu	Ser	Met	Ala	Ile	Ser	Ala	Val	Val	Glu	Ala	Lys
					405					410					415	
40																
	Arg	Leu	Lys	Thr	Val	Glu	Asn	Ser	His	Leu	Met	Ser	Val	Leu	Trp	Leu
				420					425					430		
45																
	Val	Pro	Ala	Leu	Val	Ile	Asn	Gly	Ile	Gly	Glu	Ala	Phe	His	Phe	Pro
			435					440					445			
50																
	Ala	Asn	Ile	Ala	Ile	Phe	Tyr	Gly	Glu	Phe	Pro	Glu	Ser	Leu	Arg	Asn
	450						455					460				
55																
	Thr	Ala	Thr	Ser	Leu	Thr	Ser	Val	Val	Met	Gly	Ile	Ser	Phe	Tyr	Leu
	465					470					475					480
60																
	Ser	Thr	Ala	Leu	Ile	Asp	Val	Ile	Gln	Arg	Thr	Thr	Lys	Trp	Leu	Pro
					485					490					495	
65																
	Asn	Asp	Ile	Asn	His	Gly	Arg	Val	Asp	Asn	Val	Tyr	Leu	Val	Leu	Val
				500					505					510		
70																
	Ile	Ile	Gly	Val	Ser	Asn	Phe	Gly	Tyr	Phe	Leu	Val	Cys	Ser	Trp	Phe
			515					520					525			
75																
	Tyr	Lys	Tyr	Arg	Asn	Leu	Lys	Asn	Asp	Asp	His	Glu	Gln	Asp	Leu	Lys
		530					535					540				
80																
	Asp	Val	Thr	Asn												
	545															

ES 2 364 152 T3

<210> 56

<211> 548

<212> PRT

5 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 56

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

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

Ile Ile Gly Val Ser Asn Phe Gly Tyr Phe Leu Val Cys Ser Trp Phe
 515 520 525
 5
 Tyr Lys Tyr Arg Asn Leu Lys Asn Asp Asp His Glu Gln Asp Leu Lys
 530 535 540
 10
 Asp Val Thr Asn
 545
 <210> 57
 <211> 555
 15 <212> PRT
 <213> *Arabidopsis thaliana*
 <400> 57
 20
 Met Ala Gly Leu Val Leu Ser Asn Asp Thr Glu Ala Lys Ile Ser Gly
 1 5 10 15
 25
 Asp Cys Lys Arg Gly Gly Cys Ile Thr Phe Pro Phe Met Ile Ala Thr
 20 25 30
 30
 Leu Leu Gly Ile Ser Val Thr Ser Tyr Gly Trp Val Leu Asn Leu Ile
 35 40 45
 35
 Val Phe Leu Ile Glu Glu Tyr Asn Ile Lys Ser Ile Ala Ala Ala Gln
 50 55 60
 40
 Ile Ser Asn Ile Val Asn Gly Cys Leu Ser Met Leu Pro Val Val Thr
 65 70 75 80
 45
 Ala Ile Leu Ala Asp Ser Phe Phe Gly Asn Ile Pro Val Ile Ser Ala
 85 90 95
 50
 Ser Ala Phe Ile Ser Leu Leu Gly Ile Phe Leu Leu Thr Leu Ile Ser
 100 105 110
 55
 Ser Phe Glu Asn Leu Arg Pro Arg Pro Cys Glu Thr Gly Ser Ile Leu
 115 120 125
 60
 Cys Gln Ser Pro Ser Lys Leu His Leu Gly Val Leu Tyr Ala Ala Leu
 130 135 140
 65
 Ala Leu Val Thr Ala Gly Thr Ser Gly Thr Arg Val Ala Leu Ala Ser
 145 150 155 160
 70
 Ala Gly Ala Asn Gln Tyr Asp Lys Pro Arg Asp Lys Gly Ser Phe Phe
 165 170 175
 75
 Asn Trp Tyr Phe Leu Thr Val Asn Thr Gly Ala Ile Ile Ser Ala Thr
 180 185 190

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	450		455		460
5	Glu Phe Pro Glu Ser Met Arg Asn Thr Ala Thr Ser Val Thr Ser Val				
	465		470		475 480
10	Ala Phe Gly Ile Ser Phe Tyr Leu Ser Thr Ala Leu Ile Asn Leu Ile				
		485		490	495
15	Gln Arg Thr Thr Ala Trp Leu Pro Asp Asp Ile Asn His Gly Arg Val				
		500		505	510
20	Asp Asn Val Tyr Trp Val Leu Val Ile Gly Gly Val Leu Asn Leu Gly				
		515		520	525
25	Tyr Phe Phe Val Cys Ser Trp Tyr Phe Thr Tyr Arg Lys Ile Gln Asp				
		530		535	540
30	Asp Asn Arg Gln Asp Pro Lys Asp Val Thr Asn				
		545		550	555
	<210> 58				
	<211> 516				
	<212> PRT				
	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>				
35	<400> 58				
40	Met Ala Arg Ser Val Asp Thr Glu Ala Met Thr Thr Arg Asp Pro Ser				
	1		5		10 15
45	Ser Lys Arg Gly Gly Trp Lys Thr Phe Pro Phe Met Ile Ala Thr Leu				
		20		25	30
50	Leu Gly Leu Ser Ile Ala Ser Phe Gly Trp Val Met Asn Leu Val Val				
		35		40	45
55	Phe Leu Ile Lys Glu Phe Asn Ile Lys Ser Ile Ala Ala Thr Gln Asn				
		50		55	60
60	Ser Asn Ile Val Asn Gly Cys Val Ser Met Leu Pro Val Val Ala Ala				
		65		70	75 80
65	Ile Leu Ala Asp Ser Phe Phe Gly Asn Ile Pro Val Ile Ser Val Ser				
		85		90	95
70	Ala Phe Ile Ser Leu Leu Gly Ile Ile Leu Leu Thr Met Ile Thr Ser				
		100		105	110
75	Leu Asp His Leu Arg Pro Pro Pro Cys Glu Thr Gly Ser Ile Leu Cys				
		115		120	125
80	Glu Ser Pro Ser Lys Leu Gln Leu Gly Ile Leu Tyr Ile Ala Leu Ala				

ES 2 364 152 T3

[illegible]

ES 2 364 152 T3

	His Val Phe Ile Ile Leu Ser Met Ala Ile Ser Ala Ile Val Glu Ala	405	410	415
5	Lys Arg Leu Lys Thr Val Thr Asn Gly His Ser Met Ser Val Leu Trp	420	425	430
10	Leu His Arg Asp Phe Ile Ala Ser Val Val Ile Gly Ile Ser Phe Tyr	435	440	445
15	Leu Ser Thr Ala Leu Ile Thr Leu Ile Gln Lys Thr Thr Lys Trp Leu	450	455	460
20	Pro Asn Asp Ile Asn His Gly Arg Val Asp Asn Val Tyr Trp Leu Leu	465	470	475
	Val Ile Val Gly Val Leu Asn Tyr Phe Leu Val Cys Ala Trp Phe Tyr	485	490	495
25	Arg Tyr Arg Asn Leu Asn Asp Asp Asp Asp Gln Glu Gln Asp Pro Lys	500	505	510
30	Asp Asp Thr Thr	515		
	<210> 59			
35	<211> 558			
	<212> PRT			
	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>			
40	<400> 59			
	Met Ala Ser Ser Val Thr Gly Asp Ala Glu Thr Ala Ile Ser Ala Asp	1	5	10
45	Ser Ser Thr Lys Arg Arg Gly Gly Gly Trp Ile Thr Phe Pro Phe Met	20	25	30
50	Ile Ala Thr Leu Leu Gly Leu Thr Ile Ala Ala Trp Gly Trp Leu Leu	35	40	45
55	Asn Leu Ile Val Tyr Leu Ile Glu Glu Phe Asn Val Lys Ser Ile Ala	50	55	60
60	Ala Ala Gln Ile Ala Asn Ile Val Ser Gly Cys Ile Cys Met Val Pro	65	70	75
	Ala Val Ala Ala Ile Ala Ser Asp Ser Phe Phe Gly Thr Ile Pro Val	85	90	95
65	Ile Ser Val Ser Ala Phe Ile Ser Leu Met Gly Val Ala Leu Leu Thr	100	105	110

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

Tyr Gln Lys Leu Thr Gly Lys His Leu Thr Pro Leu Gln Arg Val Gly
 385 390 395 400
 5
 Ile Gly His Ala Phe Asn Ile Leu Ser Met Ala Val Thr Ala Ile Val
 405 410 415
 10
 Glu Ala Lys Arg Leu Lys Ile Val Gln Lys Gly His Phe Leu Gly Ser
 420 425 430
 15
 Ser Ser Val Ala Asp Met Ser Val Leu Trp Leu Phe Pro Pro Leu Val
 435 440 445
 20
 Ile Val Gly Ile Gly Glu Ala Phe His Phe Pro Gly Asn Val Ala Leu
 450 455 460
 25
 Cys Tyr Gln Glu Phe Pro Glu Ser Met Arg Ser Thr Ala Thr Ser Ile
 465 470 475 480
 30
 Thr Ser Val Val Ile Gly Ile Cys Phe Tyr Thr Ser Thr Ala Leu Ile
 485 490 495
 35
 Asp Leu Ile Gln Arg Thr Thr Ala Trp Leu Pro Asp Asp Ile Asn His
 500 505 510
 40
 Gly Arg Val Asp Asn Val Tyr Trp Ile Leu Val Ile Gly Gly Val Leu
 515 520 525
 45
 Asn Leu Gly Tyr Phe Leu Val Cys Ser Trp Leu Tyr Arg Tyr Arg Asn
 530 535 540
 50
 Leu Lys Asp Asp Asp His Lys Gln Ala Ala Asn Val Ser His
 545 550 555
 <210> 60
 <211> 558
 <212> PRT
 <213> *Arabidopsis thaliana*
 <400> 60
 55 Met Ala Ser Ser Val Thr Gly Asp Ala Glu Thr Ala Ile Ser Ala Asp
 1 5 10 15
 60 Ser Ser Thr Lys Arg Arg Gly Gly Gly Trp Ile Thr Phe Pro Phe Met
 20 25 30
 65 Ile Ala Thr Leu Leu Gly Leu Thr Ile Ala Ala Trp Gly Trp Leu Leu
 35 40 45
 Asn Leu Ile Val Tyr Leu Ile Glu Glu Phe Asn Val Lys Ser Ile Ala
 50 55 60

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Leu Ser Leu Thr Val Leu Gln Gly Leu Val Met Asp Arg Arg Leu Gly	
	340	345 350
5	Pro Ser Phe Lys Ile Pro Ala Gly Ser Leu Gln Val Ile Thr Leu Leu	
	355	360 365
10	Ser Thr Cys Leu Phe Ile Ile Val Asn Asp Arg Val Leu Tyr Pro Phe	
	370	375 380
15	Tyr Gln Lys Leu Thr Gly Lys His Leu Thr Pro Leu Gln Arg Val Gly	
	385	390 395 400
20	Ile Gly His Ala Phe Asn Ile Leu Ser Met Ala Val Thr Ala Ile Val	
	405	410 415
25	Glu Ala Lys Arg Leu Lys Ile Val Gln Lys Gly His Phe Leu Gly Ser	
	420	425 430
30	Ser Ser Val Ala Asp Met Ser Val Leu Trp Leu Phe Pro Pro Leu Val	
	435	440 445
35	Ile Val Gly Ile Gly Glu Ala Phe His Phe Pro Gly Asn Val Ala Leu	
	450	455 460
40	Cys Tyr Gln Glu Phe Pro Glu Ser Met Arg Ser Thr Ala Thr Ser Ile	
	465	470 475 480
45	Thr Ser Val Val Ile Gly Ile Cys Phe Tyr Thr Ser Thr Ala Leu Ile	
	485	490 495
50	Asp Leu Ile Gln Arg Thr Thr Ala Trp Leu Pro Asp Asp Ile Asn His	
	500	505 510
55	Gly Arg Val Asp Asn Val Tyr Trp Ile Leu Val Ile Gly Gly Val Leu	
	515	520 525
60	Asn Leu Gly Tyr Phe Leu Val Cys Ser Trp Leu Tyr Arg Tyr Arg Asn	
	530	535 540
65	Leu Lys Asp Asp Asp His Lys Gln Ala Ala Asn Val Ser His	
	545	550 555
	<210> 61	
	<211> 557	
	<212> PRT	
	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>	
	<400> 61	
65	Met Ser Gly Ser Val Ser Arg Asp Ala Glu Ala Leu Lys Ser Ala Asp	
	1	5 10 15

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

[illegible]

ES 2 364 152 T3

Glu Asn Ala Asp His Glu Gln Asp Ala Asn Val Ser His
545 550 555

5 <210> 62
<211> 543
<212> PRT
<213> *Oryza sativa*
10
<400> 62

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

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Asp	Cys	Val	Tyr	Trp	Thr	Leu	Ala	Val	Leu	Ala	Ala	Val	Asn	Leu	Gly	
				500					505					510			
5	Tyr	Phe	Leu	Leu	Cys	Ala	Thr	Thr	Tyr	Lys	Tyr	Asn	Asn	Tyr	Gly	Gly	
			515					520					525				
10	Asp	Asp	Gly	Asn	Val	Lys	Ala	Gln	Thr	Gln	Thr	Asp	Asp	Val	Ser		
		530					535					540					
	<210> 63																
15	<211> 1551																
	<212> DNA																
	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>																
20	<220>																
	<221> CDS																
	<222> (1)..(1551)																
25	<223> Ceres cDNA 2997404																
	<400> 63																
	atg	gct	cgt	tca	gtc	gac	aca	gaa	gca	atg	acc	act	cgc	gat	cca	agc	48
30	Met	Ala	Arg	Ser	Val	Asp	Thr	Glu	Ala	Met	Thr	Thr	Arg	Asp	Pro	Ser	
	1				5					10					15		
	agc	aag	cgc	ggt	ggc	tgg	aaa	acg	ttt	cca	ttc	atg	atc	gct	aca	ttg	96
	Ser	Lys	Arg	Gly	Gly	Trp	Lys	Thr	Phe	Pro	Phe	Met	Ile	Ala	Thr	Leu	
				20					25					30			
35	tta	gga	ctt	tcc	ata	gct	tca	ttc	gga	tgg	gtg	atg	aac	ttg	gtc	gtc	144
	Leu	Gly	Leu	Ser	Ile	Ala	Ser	Phe	Gly	Trp	Val	Met	Asn	Leu	Val	Val	
				35				40					45				
	ttc	cta	att	aaa	gaa	ttc	aac	atc	aag	agc	atc	gct	gct	acg	cag	aat	192
40	Phe	Leu	Ile	Lys	Glu	Phe	Asn	Ile	Lys	Ser	Ile	Ala	Ala	Thr	Gln	Asn	
		50					55					60					
	tct	aat	att	gtt	aat	gga	tgt	gtg	agc	atg	ttg	cct	gtt	gtt	gca	gcc	240
45	Ser	Asn	Ile	Val	Asn	Gly	Cys	Val	Ser	Met	Leu	Pro	Val	Val	Ala	Ala	
		65				70				75					80		
	att	cta	gct	gat	tct	ttt	ttc	gga	aac	att	ccc	gtc	atc	tcc	gtc	tct	288
	Ile	Leu	Ala	Asp	Ser	Phe	Phe	Gly	Asn	Ile	Pro	Val	Ile	Ser	Val	Ser	
					85					90					95		
50	gcc	ttc	att	tct	ttg	ctt	ggc	atc	att	cta	ttg	acc	atg	att	aca	tct	336
	Ala	Phe	Ile	Ser	Leu	Leu	Gly	Ile	Ile	Leu	Leu	Thr	Met	Ile	Thr	Ser	
				100					105					110			
	ttg	gac	cac	ttg	aga	cct	cca	ccg	tgt	gaa	aca	ggg	tca	att	cta	tgc	384
55	Leu	Asp	His	Leu	Arg	Pro	Pro	Pro	Cys	Glu	Thr	Gly	Ser	Ile	Leu	Cys	
			115					120					125				
	gaa	tcg	cca	tca	aaa	ctc	cag	ctc	ggg	atc	ttg	tat	ata	gcc	tta	gct	432
60	Glu	Ser	Pro	Ser	Lys	Leu	Gln	Leu	Gly	Ile	Leu	Tyr	Ile	Ala	Leu	Ala	
			130				135					140					
	cta	gtg	atc	att	gga	tca	gct	ggg	acg	cgg	ttt	acc	tta	gca	tcc	gcg	480
	Leu	Val	Ile	Ile	Gly	Ser	Ala	Gly	Thr	Arg	Phe	Thr	Leu	Ala	Ser	Ala	
					145		150				155				160		
65	ggt	gca	aac	caa	tat	gag	aaa	cct	aaa	gaa	caa	gga	agc	ttt	ttc	aac	528
	Gly	Ala	Asn	Gln	Tyr	Glu	Lys	Pro	Lys	Glu	Gln	Gly	Ser	Phe	Phe	Asn	

ES 2 364 152 T3

	165	170	175	
5	tgg tac ttc ctc aca ctc tac act Trp Tyr Phe Leu Thr Leu Tyr Thr 180	gga gct att act ggt gca aca gca Gly Ala Ile Thr Gly Ala Thr Ala 185		576
10	att gta tat aca cag gaa aat gct Ile Val Tyr Thr Gln Glu Asn Ala 195	agc tgg aaa ctt ggg ttc ggt ctt Ser Trp Lys Leu Gly Phe Gly Leu 200		624
15	tgc gcc gtc gct aat ttg atc agt ttc Cys Ala Val Ala Asn Leu Ile Ser Phe 210	ata gtt ttc gtc tct ggc aag Ile Val Phe Val Ser Gly Lys 215		672
20	aga tac tac aag cat gac aaa cca atg Arg Tyr Tyr Lys His Asp Lys Pro Met 225	gga agt ccc ttc aca aat ctg Gly Ser Pro Phe Thr Asn Leu 230		720
25	atc cgc gtt gta gtc gct gct aca aga Ile Arg Val Val Ala Ala Thr Arg 245	aaa agg aaa gct gtg att tca Lys Arg Lys Ala Val Ile Ser 250		768
30	tct aga gaa gaa gac tat cac cat Ser Arg Glu Glu Asp Tyr His His 260	ggg ctt gga aga gaa ggc aag aca Gly Leu Gly Arg Glu Gly Lys Thr 265		816
35	tct tct gca atg ccc tcc aag agc ttt Ser Ser Ala Met Pro Ser Lys Ser Phe 275	agg ttc ttt aac cgt gca gca Arg Phe Phe Asn Arg Ala Ala 280		864
40	ttg aaa acc gaa gat gac tca gtt aat Leu Lys Thr Glu Asp Asp Ser Val Asn 290	aac aac tgg agg cta tgt tct Asn Asn Trp Arg Leu Cys Ser 300		912
45	gtt caa gaa gta gaa gat ttt aaa gcc Val Gln Glu Val Glu Asp Phe Lys Ala 305	ggt ttc cga gtt ctc cct ctg Val Phe Arg Val Leu Pro Leu 310		960
50	tta cta gcc atc atc ttc gtt agt act Leu Leu Ala Ile Ile Phe Val Ser Thr 325	ccc atg gtg acg caa aca agc Pro Met Val Thr Gln Thr Ser 330		1008
55	ttg att ata tta caa gct cta gtc aca Leu Ile Ile Leu Gln Ala Leu Val Thr 340	gac cgc ggt ctc ggg cct cac Asp Arg Gly Leu Gly Pro His 345		1056
60	ttc aaa atc ccg gcc ggg tcc ctc caa Phe Lys Ile Pro Ala Gly Ser Leu Gln 355	gtc ata gta atc atc act gca Val Ile Val Ile Ile Thr Ala 360		1104
65	tgt att gtt atc tta atg aac aat tgc Cys Ile Val Ile Leu Met Asn Cys Leu 370	ctt gtc tat ccc atg tac cag Val Tyr Pro Met Tyr Gln 380		1152
70	aag cta gcc cat aag cca ttg aca ccg Lys Leu Ala His Lys Pro Leu Thr Pro 385	ctt caa aaa gtc ggt ata ggc Leu Gln Lys Val Gly Ile Gly 390		1200
75	cac gtt ttc atc att tta agc atg gcg His Val Phe Ile Ile Leu Ser Met Ala 405	ata tcc gcc att gtg gaa gca Ile Ser Ala Ile Val Glu Ala 410		1248
80	aag agg ctg aaa aca gtt act aat ggc Lys Arg Leu Lys Thr Val Thr Asn Gly 420	cat tcc atg tca gtg cta tgg His Ser Met Ser Val Leu Trp 425		1296
85	ctg cac cgc gac ttc att gcc tca gtg ctg gtg att gga ata tct ttc tac			1344

ES 2 364 152 T3

	Leu	His	Arg	Asp	Phe	Ile	Ala	Ser	Val	Val	Ile	Gly	Ile	Ser	Phe	Tyr	
			435					440					445				
5	ctg	agc	aca	gct	ctg	atc	act	ctg	atc	cag	aag	acc	acc	aag	tgg	tta	1392
	Leu	Ser	Thr	Ala	Leu	Ile	Thr	Leu	Ile	Gln	Lys	Thr	Thr	Lys	Trp	Leu	
		450					455				460						
10	cca	aat	gat	att	aac	cat	gga	aga	gtt	gac	aat	gtt	tac	tgg	ctt	tta	1440
	Pro	Asn	Asp	Ile	Asn	His	Gly	Arg	Val	Asp	Asn	Val	Tyr	Trp	Leu	Leu	
		465				470				475					480		
15	gtc	att	gta	gga	gtc	ttg	aac	tat	ttc	ctt	gtc	tgc	gct	tgg	ttt	tac	1488
	Val	Ile	Val	Gly	Val	Leu	Asn	Tyr	Phe	Leu	Val	Cys	Ala	Trp	Phe	Tyr	
					485					490					495		
20	aga	tat	aga	aac	ctg	aat	gat	gat	gat	gat	cag	gaa	caa	gat	cca	aaa	1536
	Arg	Tyr	Arg	Asn	Leu	Asn	Asp	Asp	Asp	Asp	Gln	Glu	Gln	Asp	Pro	Lys	
				500					505					510			
	gac	gat	aca	acc	taa												1551
	Asp	Asp	Thr	Thr													
				515													
25	<210> 64																
	<211> 516																
	<212> PRT																
30	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>																
	<400> 64																
35	Met	Ala	Arg	Ser	Val	Asp	Thr	Glu	Ala	Met	Thr	Thr	Arg	Asp	Pro	Ser	
	1				5					10					15		
40	Ser	Lys	Arg	Gly	Gly	Trp	Lys	Thr	Phe	Pro	Phe	Met	Ile	Ala	Thr	Leu	
				20					25					30			
45	Leu	Gly	Leu	Ser	Ile	Ala	Ser	Phe	Gly	Trp	Val	Met	Asn	Leu	Val	Val	
		35						40					45				
50	Phe	Leu	Ile	Lys	Glu	Phe	Asn	Ile	Lys	Ser	Ile	Ala	Ala	Thr	Gln	Asn	
	50						55					60					
55	Ser	Asn	Ile	Val	Asn	Gly	Cys	Val	Ser	Met	Leu	Pro	Val	Val	Ala	Ala	
	65				70						75				80		
60	Ile	Leu	Ala	Asp	Ser	Phe	Phe	Gly	Asn	Ile	Pro	Val	Ile	Ser	Val	Ser	
				85					90					95			
65	Ala	Phe	Ile	Ser	Leu	Leu	Gly	Ile	Ile	Leu	Leu	Thr	Met	Ile	Thr	Ser	
				100				105						110			
70	Leu	Asp	His	Leu	Arg	Pro	Pro	Pro	Cys	Glu	Thr	Gly	Ser	Ile	Leu	Cys	
			115					120					125				
75	Glu	Ser	Pro	Ser	Lys	Leu	Gln	Leu	Gly	Ile	Leu	Tyr	Ile	Ala	Leu	Ala	
				130			135					140					

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Lys	Arg	Leu	Lys	Thr	Val	Thr	Asn	Gly	His	Ser	Met	Ser	Val	Leu	Trp	
				420					425					430			
5	Leu	His	Arg	Asp	Phe	Ile	Ala	Ser	Val	Val	Ile	Gly	Ile	Ser	Phe	Tyr	
			435					440					445				
10	Leu	Ser	Thr	Ala	Leu	Ile	Thr	Leu	Ile	Gln	Lys	Thr	Thr	Lys	Trp	Leu	
		450					455					460					
15	Pro	Asn	Asp	Ile	Asn	His	Gly	Arg	Val	Asp	Asn	Val	Tyr	Trp	Leu	Leu	
	465					470					475					480	
20	Val	Ile	Val	Gly	Val	Leu	Asn	Tyr	Phe	Leu	Val	Cys	Ala	Trp	Phe	Tyr	
				485						490					495		
25	Arg	Tyr	Arg	Asn	Leu	Asn	Asp	Asp	Asp	Gln	Glu	Gln	Asp	Pro	Lys		
				500				505					510				
30	Asp	Asp	Thr	Thr													
			515														
	<210> 65																
	<211> 1886																
	<212> DNA																
	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>																
	<220>																
35	<221> carac_divers																
	<222> (1)..(1886)																
	<223> secuencia en planta del clon Ceres 2997404																
40	<400> 65																
	atggctcggt	cagtcgacac	agaagcaatg	accactcgcg	atccaagcag	caagcgcggt										60	
45	ggctggaaaa	cgtttccatt	catgatcggt	tagtgtat	tatgactgtt	tggtttatgt										120	
	ttttgaacac	aaaacataga	caaatgatag	tgattgtaag	gctctatatg	gtgcagctac										180	
	attgttagga	ctttccatag	cttcattcgg	atgggtgatg	aacttggtcg	tcttccta										240	
50	taaagaattc	aacatcaaga	gcacgcgtgc	tacgcagatt	tctaataattg	ttaatggatg										300	
	tgtgagcatg	tttcctgtta	ttgcagccat	tctagctgat	tcttttttcg	gaaacattcc										360	
55	cgtcatctcc	gtctctgect	tcatttcttt	gcttgtaagt	ctgagactta	aatattctat										420	
	tgtcttgtgt	gacacacaaa	gcttactagt	tgtaaaccgt	ttccagggca	tcgttctatt										480	
	gaccatgatt	acatctttgg	actacttgag	acctccaccg	tgtgaaacgg	ggtcaattct										540	
60	atgccaatcg	tcatcaaaac	tccagctcgg	aatcttgat	atagccttag	ctctagtgat										600	
	cattggatca	gctggtaacg	ggtttacctt	agcatccgcg	ggtgcaaacc	aatatgagaa										660	
65	acctaagaa	caaggaagct	ttttcaactg	gtacttcctc	acactctaca	ctggagctat										720	
	tactgggtgca	acagcaattg	tatatacaca	ggaaaatgct	agctggaaac	ttgggttcgg										780	

ES 2 364 152 T3

```

tctttgcgcc gtcgctaatt tgatcagttt catagttttc gtctctggca agagatacta      840
caagcatgac aaaccaatgg gaagtcctt cacaatctg atccgcgttg tagtcgctgc      900
5  tacaagaaaa aggaaagctg tgatttcac tagagaagaa gactatcacc atgggcttgg      960
aagagaaggc aagacatctt ctgcaatgcc ctccaagagc tttaggtgaa aaaacaaaaa    1020
10 aaacttgctt cattcatcaa acttaaaaca gaacttaaaa gagcttttac atgtgcaggt    1080
tctttaaccg tgcagcattg aaaaccgaag atgactcagt taataacaac tggaggctat    1140
15 gttctgttca agaagtagaa gattttaaag cgttttccg agttctccct ctgttactag    1200
ccatcatctt cgtagtact cccatggtga cgcaacaag ctgattata ctaaaagctc    1260
tagtcacaga ccgcggtctc gggcctcact tcaaatccc ggccgggtcc ctccaagtca    1320
20 tagtaatcat cactgcatgt attgttatct taatgaacaa ttgccttgtc tatcccatgt    1380
accagaagct agcccataag ccattgacac cgcttcaaaa agtcggtata ggccacgttt    1440
25 tcatcatttt aagcatggcg atatccgcca ttgtggaagc aaagaggctg aaaacagtta    1500
ctaatggcca ttccatgtca gtgctatggc tggttcctcc cttgtgata gtaggaatag    1560
gagaaacgtt ccaatttccg gcgaatattg aattattcta tagagaattc cccgagtctc    1620
30 tgagtagcac ccgcacttca ttgacctcag tgggtgattgg aatatcttcc tacctgagca    1680
cagctctgat cactctgatc cagaagacca ccaagtgggt accaaatgat attaaccatg    1740
35 gaagagttgg caatgtttac tggcttttag tcattgtagg agtcttgaat ttcggctatt    1800
tccttgctcg cgcttggttt tacagatata gaaacctgaa tgatgatgat gatcaggaac    1860
aagatccaaa agacgataca acctaa                                          1886

40 <210> 66
    <211> 516
    <212> PRT
45 <213> Arabidopsis thaliana

    <400> 66
Met Ala Arg Ser Val Asp Thr Glu Ala Met Thr Thr Arg Asp Pro Ser
1          5          10          15
50
Ser Lys Arg Gly Gly Trp Lys Thr Phe Pro Phe Met Ile Ala Thr Leu
20          25          30
55
Leu Gly Leu Ser Ile Ala Ser Phe Gly Trp Val Met Asn Leu Val Val
35          40          45
60
Phe Leu Ile Lys Glu Phe Asn Ile Lys Ser Ile Ala Ala Thr Gln Asn
50          55          60
65
Ser Asn Ile Val Asn Gly Cys Val Ser Met Leu Pro Val Val Ala Ala
65          70          75          80
Ile Leu Ala Asp Ser Phe Phe Gly Asn Ile Pro Val Ile Ser Val Ser

```

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Phe Lys Ile Pro Ala Gly Ser Leu Gln Val Ile Val Ile Ile Thr Ala	
	355 360 365	
5	Cys Ile Val Ile Leu Met Asn Asn Cys Leu Val Tyr Pro Met Tyr Gln	
	370 375 380	
10	Lys Leu Ala His Lys Pro Leu Thr Pro Leu Gln Lys Val Gly Ile Gly	
	385 390 395 400	
15	His Val Phe Ile Ile Leu Ser Met Ala Ile Ser Ala Ile Val Glu Ala	
	405 410 415	
20	Lys Arg Leu Lys Thr Val Thr Asn Gly His Ser Met Ser Val Leu Trp	
	420 425 430	
25	Leu His Arg Asp Phe Ile Ala Ser Val Val Ile Gly Ile Ser Phe Tyr	
	435 440 445	
30	Leu Ser Thr Ala Leu Ile Thr Leu Ile Gln Lys Thr Thr Lys Trp Leu	
	450 455 460	
35	Pro Asn Asp Ile Asn His Gly Arg Val Asp Asn Val Tyr Trp Leu Leu	
	465 470 475 480	
40	Val Ile Val Gly Val Leu Asn Tyr Phe Leu Val Cys Ala Trp Phe Tyr	
	485 490 495	
45	Arg Tyr Arg Asn Leu Asn Asp Asp Asp Asp Gln Glu Gln Asp Pro Lys	
	500 505 510	
50	Asp Asp Thr Thr	
	515	
55	<210> 67	
	<211> 2106	
	<212> DNA	
	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>	
60	<220>	
	<221> carac_divers	
	<222> (1)..(2106)	
65	<223> Ceres cDNA ID 13649807	
	<220>	
	<221> CDS	
70	<222> (40)..(564)	
	<400> 67	
75	tgacacaaaag aaaccaagag ctctcaaaca aaacagcct ttt aca taa gaa caa	54
	Phe Thr Glu Gln	
	1	
80	aca ccc cca aaa act gca aaa aaa aga gag aga tca tta atc cat ctt	102
	Thr Pro Pro Lys Thr Ala Lys Lys Arg Glu Arg Ser Leu Ile His Leu	
	5 10 15 20	

ES 2 364 152 T3

	caa gat gtc tct tcc tga aac taa atc tga tga tat cct tct tga tgc	150
	Gln Asp Val Ser Ser Asn Ile Tyr Pro Ser Cys	
	25 30	
5	ttg gga ctt cca agg ccg tcc cgc cga tcg ctc aaa aac cgg cgg ctg	198
	Leu Gly Leu Pro Arg Pro Ser Arg Arg Ser Leu Lys Asn Arg Arg Leu	
	35 40 45	
10	ggc cag cgc cgc cat gat tct ttg tat tga ggc cgt gga gag gct gac	246
	Gly Gln Arg Arg His Asp Ser Leu Tyr Gly Arg Gly Glu Ala Asp	
	50 55 60	
15	gac gtt agg tat cgg agt taa tct ggt gac gta ttt gac ggg aac tat	294
	Asp Val Arg Tyr Arg Ser Ser Gly Asp Val Phe Asp Gly Asn Tyr	
	65 70 75	
20	gca ttt agg caa tgc aac tgc ggc taa cac cgt tac caa ttt cct cgg	342
	Ala Phe Arg Gln Cys Asn Cys Gly His Arg Tyr Gln Phe Pro Arg	
	80 85 90	
	aac ttc ttt cat gct ctg tct cct cgg tgg ctt cat cgc cga tac ctt	390
	Asn Phe Phe His Ala Leu Ser Pro Arg Trp Leu His Arg Arg Tyr Leu	
	95 100 105	
25	tct cgg cag gta cct aac gat tgc tat att cgc cgc aat cca agc cac	438
	Ser Arg Gln Val Pro Asn Asp Cys Tyr Ile Arg Arg Asn Pro Ser His	
	110 115 120	
30	ggg tgt ttc aat ctt aac tct atc aac aat cat acc ggg act tcg acc	486
	Gly Cys Phe Asn Leu Asn Ser Ile Asn Asn His Thr Gly Thr Ser Thr	
	125 130 135 140	
35	acc aag atg caa tcc aac aac gtc gtc tca ctg cga aca agc aag tgg	534
	Thr Lys Met Gln Ser Asn Asn Val Val Ser Leu Arg Thr Ser Lys Trp	
	145 150 155	
40	aat aca act gac ggt cct ata ctt agc ctt atacctcacc gctctaggaa	584
	Asn Thr Thr Asp Gly Pro Ile Leu Ser Leu	
	160 165	
	cgaggaggcgt gaaggctagt gtctcggggtt tcgggtcgga ccaattcgat gagaccgaac	644
45	caaaaagaacg atcgaaaatg acatatcttct tcaaccgttt cttcttttgt atcaacgttg	704
	gctctctttt agctgtgacg gtccttgtct acgtacaaga cgatgttgga cgcaaagg	764
	gctatggaat ttgcgcgttt gcgatcgtgc ttgcactcag cgttttcttg gccggaacaa	824
50	accgctaccg tttcaagaag ttgatcggta gcccgatgac gcaggttgct gcggttatcg	884
	tggcggcgtg gaggaatagg aagctcgagc tgccggcaga tccgtcctat ctctacgatg	944
55	tggatgatat tattgcggcg gaagggttca tgaagggttaa acaaaagctg ccacacactg	1004
	aacaattccg ttcattagat aaggcagcaa taagggatca ggaagcggga gttacctcga	1064
	atgtattcaa caagtggaca ctctcaacac taacagatgt tgaggaagtg aaacaaatcg	1124
60	tgcgaaatgtt accaatattgg gcaacatgca tcctcttctg gaccgtccac gctcaattaa	1184
	cgacattatc agtcgcacaa tccgagacat tggaccgttc catcgggagc ttcgagatcc	1244
	ctccagcatc gatggcagtc ttctacgtcg gtggcctcct cctaaccacc gccgtctatg	1304
65	accgcgtcgc cattcgtcta tgcaaaaagc tattcaacta ccccatgggt ctaagaccgc	1364

ES 2 364 152 T3

ttcaacggat cggtttgggg cttttcttcg gatcaatggc tatggctgtg gctgctttgg 1424
 tcgagctcaa acgtcttaga actgcacacg ctcattggcc aacagtcaaa acgcttcctc 1484
 5 tagggtttta tctactcatc ccacaatatc ttattgtcgg tatcggcgaa gcgtaaatct 1544
 acacaggaca gtttagatttc ttcttgagag agtgccttaa aggtatgaaa gggatgagca 1604
 cgggtctatt gttgagcaca ttggcattag gctttttctt cagctcgggt ctcgtgacaa 1664
 10 tcgtcgagaa attcaccggg aaagctcatc catggattgc cgatgatctc aacaagggcc 1724
 gtctttacaa tttctactgg cttgtggccg tacttggtgc cttgaacttc ctcattttcc 1784
 tagttttctc caagtgggtac gtttacaagg aaaaaagact agctgaggtg gggattgagt 1844
 15 tggatgatga gccgagtatt ccaatgggtc attgatcatg aattcatgat catgatcatg 1904
 atgatgaaca ttatgcatgt ctatgttgat atgtttgaat ttgattttga gttttgtttg 1964
 20 tatattttat gatgcttttc ttaattacct cttgtttccg agtcgacaaa taatggaccg 2024
 accgataagg gataaaagt aaagttttcc catcaggttc tgtataaaag cagaaattgt 2084
 25 aacatttctt aagatttgac gc 2106

<210> 68

<211> 23

30 <212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 68

35 Glu Gln Thr Pro Pro Lys Thr Ala Lys Lys Arg Glu Arg Ser Leu Ile
 1 5 10 15

40 His Leu Gln Asp Val Ser Ser
 20

<210> 69

<211> 26

45 <212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 69

50 Cys Leu Gly Leu Pro Arg Pro Ser Arg Arg Ser Leu Lys Asn Arg Arg
 1 5 10 15

55 Leu Gly Gln Arg Arg His Asp Ser Leu Tyr
 20 25

<210> 70

<211> 12

<212> PRT

60 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 70

65 Gly Arg Gly Glu Ala Asp Asp Val Arg Tyr Arg Ser
 1 5 10

ES 2 364 152 T3

<210> 71
 <211> 17
 <212> PRT
 5 <213> *Arabidopsis thaliana*

 <400> 71

 10 Ser Gly Asp Val Phe Asp Gly Asn Tyr Ala Phe Arg Gln Cys Asn Cys
 1 5 10 15

 Gly
 15

 <210> 72
 <211> 81
 20 <212> PRT
 <213> *Arabidopsis thaliana*

 <400> 72

 25 His Arg Tyr Gln Phe Pro Arg Asn Phe Phe His Ala Leu Ser Pro Arg
 1 5 10 15

 Trp Leu His Arg Arg Tyr Leu Ser Arg Gln Val Pro Asn Asp Cys Tyr
 30 20 25 30

 Ile Arg Arg Asn Pro Ser His Gly Cys Phe Asn Leu Asn Ser Ile Asn
 35 40 45
 35

 Asn His Thr Gly Thr Ser Thr Thr Lys Met Gln Ser Asn Asn Val Val
 50 55 60

 40 Ser Leu Arg Thr Ser Lys Trp Asn Thr Thr Asp Gly Pro Ile Leu Ser
 65 70 75 80

 Leu
 45 <210> 73
 <211> 1773
 <212> DNA
 50 <213> *Arabidopsis thaliana*

 <220>
 <221> CDS
 55 <222> (1)..(1773)
 <223> Clon Ceres 1816383

 <400> 73

 60 atg tct ctt cct gaa act aaa tct gat gat atc ctt ctt gat gct tgg 48
 Met Ser Leu Pro Glu Thr Lys Ser Asp Asp Ile Leu Leu Asp Ala Trp
 1 5 10 15

 gac ttc caa ggc cgt ccc gcc gat cgc tca aaa acc ggc ggc tgg gcc 96
 65 Asp Phe Gln Gly Arg Pro Ala Asp Arg Ser Lys Thr Gly Gly Trp Ala
 20 25 30

ES 2 364 152 T3

	agc gcc gcc atg att ctt tgt att gag gcc gtg gag agg ctg acg acg	144
	Ser Ala Ala Met Ile Leu Cys Ile Glu Ala Val Glu Arg Leu Thr Thr	
	35 40 45	
5	tta ggt atc gga gtt aat ctg gtg acg tat ttg acg gga act atg cat	192
	Leu Gly Ile Gly Val Asn Leu Val Thr Tyr Leu Thr Gly Thr Met His	
	50 55 60	
10	tta gcc aat gca act gcg gct aac acc gtt acc aat ttc ctc gga act	240
	Leu Gly Asn Ala Thr Ala Ala Asn Thr Val Thr Asn Phe Leu Gly Thr	
	65 70 75 80	
15	tct ttc atg ctc tgt ctc ctc ggt ggc ttc atc gcc gat acc ttt ctc	288
	Ser Phe Met Leu Cys Leu Leu Gly Gly Phe Ile Ala Asp Thr Phe Leu	
	85 90 95	
20	ggc agg tac cta acg att gct ata ttc gcc gca atc caa gcc acg ggt	336
	Gly Arg Tyr Leu Thr Ile Ala Ile Phe Ala Ala Ile Gln Ala Thr Gly	
	100 105 110	
25	gtt tca atc tta act cta tca aca atc ata ccg gga ctt cga cca cca	384
	Val Ser Ile Leu Thr Leu Ser Thr Ile Ile Pro Gly Leu Arg Pro Pro	
	115 120 125	
30	aga tgc aat cca aca acg tcg tct cac tgc gaa caa gca agt gga ata	432
	Arg Cys Asn Pro Thr Thr Ser Ser His Cys Glu Gln Ala Ser Gly Ile	
	130 135 140	
35	caa ctg acg gtc cta tac tta gcc tta tac ctc acc gct cta gga acg	480
	Gln Leu Thr Val Leu Tyr Leu Ala Leu Tyr Leu Thr Ala Leu Gly Thr	
	145 150 155 160	
40	gga ggc gtg aag gct agt gtc tcg ggt ttc ggg tcg gac caa ttc gat	528
	Gly Gly Val Lys Ala Ser Val Ser Gly Phe Gly Ser Asp Gln Phe Asp	
	165 170 175	
45	gag acc gaa cca aaa gaa cga tcg aaa atg aca tat ttc ttc aac cgt	576
	Glu Thr Glu Pro Lys Glu Arg Ser Lys Met Thr Tyr Phe Phe Asn Arg	
	180 185 190	
50	ttc ttc ttt tgt atc aac gtt ggc tct ctt tta gct gtg acg gtc ctt	624
	Phe Phe Phe Cys Ile Asn Val Gly Ser Leu Leu Ala Val Thr Val Leu	
	195 200 205	
55	gtc tac gta caa gac gat gtt gga cgc aaa tgg ggc tat gga att tgc	672
	Val Tyr Val Gln Asp Asp Val Gly Arg Lys Trp Gly Tyr Gly Ile Cys	
	210 215 220	
60	gcg ttt gcg atc gtg ctt gca ctc agc gtt ttc ttg gcc gga aca aac	720
	Ala Phe Ala Ile Val Leu Ala Leu Ser Val Phe Leu Ala Gly Thr Asn	
	225 230 235 240	
65	cgc tac cgt ttc aag aag ttg atc ggt agc ccg atg acg cag gtt gct	768
	Arg Tyr Arg Phe Lys Lys Leu Ile Gly Ser Pro Met Thr Gln Val Ala	
	245 250 255	
70	gcg gtt atc gtg gcg gcg tgg agg aat agg aag ctc gag ctg ccg gca	816
	Ala Val Ile Val Ala Ala Trp Arg Asn Arg Lys Leu Glu Leu Pro Ala	
	260 265 270	
75	gat ccg tcc tat ctc tac gat gtg gat gat att att gcg gcg gaa ggt	864
	Asp Pro Ser Tyr Leu Tyr Asp Val Asp Asp Ile Ile Ala Ala Glu Gly	
	275 280 285	
80	tcg atg aag ggt aaa caa aag ctg cca cac act gaa caa ttc cgt tca	912
	Ser Met Lys Gly Lys Gln Lys Leu Pro His Thr Glu Gln Phe Arg Ser	
	290 295 300	

ES 2 364 152 T3

	tta gat aag gca gca ata agg gat cag gaa gcg gga gtt acc tcg aat	960
	Leu Asp Lys Ala Ala Ile Arg Asp Gln Glu Ala Gly Val Thr Ser Asn	
	305 310 315 320	
5	gta ttc aac aag tgg aca ctc tca aca cta aca gat gtt gag gaa gtg	1008
	Val Phe Asn Lys Trp Thr Leu Ser Thr Leu Thr Asp Val Glu Glu Val	
	325 330 335	
10	aaa caa atc gtg cga atg tta cca att tgg gca aca tgc atc ctc ttc	1056
	Lys Gln Ile Val Arg Met Leu Pro Ile Trp Ala Thr Cys Ile Leu Phe	
	340 345 350	
15	tgg acc gtc cac gct caa tta acg aca tta tca gtc gca caa tcc gag	1104
	Trp Thr Val His Ala Gln Leu Thr Thr Leu Ser Val Ala Gln Ser Glu	
	355 360 365	
20	aca ttg gac cgt tcc atc ggg agc ttc gag atc cct cca gca tcg atg	1152
	Thr Leu Asp Arg Ser Ile Gly Ser Phe Glu Ile Pro Pro Ala Ser Met	
	370 375 380	
25	gca gtc ttc tac gtc ggt ggc ctc ctc cta acc acc gcc gtc tat gac	1200
	Ala Val Phe Tyr Val Gly Gly Leu Leu Leu Thr Thr Ala Val Tyr Asp	
	385 390 395 400	
30	cgc gtc gcc att cgt cta tgc aaa aag cta ttc aac tac ccc cat ggt	1248
	Arg Val Ala Ile Arg Leu Cys Lys Lys Leu Phe Asn Tyr Pro His Gly	
	405 410 415	
35	cta aga ccg ctt caa cgg atc ggt ttg ggg ctt ttc ttc gga tca atg	1296
	Leu Arg Pro Leu Gln Arg Ile Gly Leu Gly Leu Phe Phe Gly Ser Met	
	420 425 430	
40	gct atg gct gtg gct gct ttg gtc gag ctc aaa cgt ctt aga act gca	1344
	Ala Met Ala Val Ala Ala Leu Val Glu Leu Lys Arg Leu Arg Thr Ala	
	435 440 445	
45	cac gct cat ggt cca acg gtc aaa acg ctt cct cta ggg ttt tat cta	1392
	His Ala His Gly Pro Thr Val Lys Thr Leu Pro Leu Gly Phe Tyr Leu	
	450 455 460	
50	ctc atc cca caa tat ctt att gtc ggt atc ggc gaa gcg tta atc tac	1440
	Leu Ile Pro Gln Tyr Leu Ile Val Gly Ile Gly Glu Ala Leu Ile Tyr	
	465 470 475 480	
55	aca gga cag tta gat ttc ttc ttg aga gag tgc cct aaa ggt atg aaa	1488
	Thr Gly Gln Leu Asp Phe Phe Leu Arg Glu Cys Pro Lys Gly Met Lys	
	485 490 495	
60	ggg atg agc acg ggt cta ttg ttg agc aca ttg gca tta ggc ttt ttc	1536
	Gly Met Ser Thr Gly Leu Leu Leu Ser Thr Leu Ala Leu Gly Phe Phe	
	500 505 510	
65	ttc agc tcg gtt ctc gtg aca atc gtc gag aaa ttc acc ggg aaa gct	1584
	Phe Ser Ser Val Leu Val Thr Ile Val Glu Lys Phe Thr Gly Lys Ala	
	515 520 525	
70	cat cca tgg att gcc gat gat ctc aac aag ggc cgt ctt tac aat ttc	1632
	His Pro Trp Ile Ala Asp Asp Leu Asn Lys Gly Arg Leu Tyr Asn Phe	
	530 535 540	
75	tac tgg ctt gtg gcc gta ctt gtt gcc ttg aac ttc ctc att ttc cta	1680
	Tyr Trp Leu Val Ala Val Leu Val Ala Leu Asn Phe Leu Ile Phe Leu	
	545 550 555 560	
80	gtt ttc tcc aag tgg tac gtt tac aag gaa aaa aga cta gct gag gtg	1728
	Val Phe Ser Lys Trp Tyr Val Tyr Lys Glu Lys Arg Leu Ala Glu Val	

ES 2 364 152 T3

565 570 575
 ggg att gag ttg gat gat gag ccg agt att cca atg ggt cat tga 1773
 Gly Ile Glu Leu Asp Asp Glu Pro Ser Ile Pro Met Gly His
 580 585 590
 <210> 74
 <211> 590
 <212> PRT
 <213> *Arabidopsis thaliana*
 <400> 74
 Met Ser Leu Pro Glu Thr Lys Ser Asp Asp Ile Leu Leu Asp Ala Trp
 1 5 10 15
 Asp Phe Gln Gly Arg Pro Ala Asp Arg Ser Lys Thr Gly Gly Trp Ala
 20 25 30
 Ser Ala Ala Met Ile Leu Cys Ile Glu Ala Val Glu Arg Leu Thr Thr
 25 35 40 45
 Leu Gly Ile Gly Val Asn Leu Val Thr Tyr Leu Thr Gly Thr Met His
 30 50 55 60
 Leu Gly Asn Ala Thr Ala Ala Asn Thr Val Thr Asn Phe Leu Gly Thr
 65 70 75 80
 Ser Phe Met Leu Cys Leu Leu Gly Gly Phe Ile Ala Asp Thr Phe Leu
 85 90 95
 Gly Arg Tyr Leu Thr Ile Ala Ile Phe Ala Ala Ile Gln Ala Thr Gly
 100 105 110
 Val Ser Ile Leu Thr Leu Ser Thr Ile Ile Pro Gly Leu Arg Pro Pro
 115 120 125
 Arg Cys Asn Pro Thr Thr Ser Ser His Cys Glu Gln Ala Ser Gly Ile
 130 135 140
 Gln Leu Thr Val Leu Tyr Leu Ala Leu Tyr Leu Thr Ala Leu Gly Thr
 145 150 155 160
 Gly Gly Val Lys Ala Ser Val Ser Gly Phe Gly Ser Asp Gln Phe Asp
 165 170 175
 Glu Thr Glu Pro Lys Glu Arg Ser Lys Met Thr Tyr Phe Phe Asn Arg
 180 185 190
 Phe Phe Phe Cys Ile Asn Val Gly Ser Leu Leu Ala Val Thr Val Leu
 195 200 205
 Val Tyr Val Gln Asp Asp Val Gly Arg Lys Trp Gly Tyr Gly Ile Cys

ES 2 364 152 T3

[illegible]

ES 2 364 152 T3

		Thr	Gly	Gln	Leu	Asp	Phe	Phe	Leu	Arg	Glu	Cys	Pro	Lys	Gly	Met	Lys
						485					490					495	
5		Gly	Met	Ser	Thr	Gly	Leu	Leu	Leu	Ser	Thr	Leu	Ala	Leu	Gly	Phe	Phe
					500					505					510		
10		Phe	Ser	Ser	Val	Leu	Val	Thr	Ile	Val	Glu	Lys	Phe	Thr	Gly	Lys	Ala
				515					520					525			
15		His	Pro	Trp	Ile	Ala	Asp	Asp	Leu	Asn	Lys	Gly	Arg	Leu	Tyr	Asn	Phe
			530					535					540				
20		Tyr	Trp	Leu	Val	Ala	Val	Leu	Val	Ala	Leu	Asn	Phe	Leu	Ile	Phe	Leu
		545					550					555					560
		Val	Phe	Ser	Lys	Trp	Tyr	Val	Tyr	Lys	Glu	Lys	Arg	Leu	Ala	Glu	Val
					565						570					575	
25		Gly	Ile	Glu	Leu	Asp	Asp	Glu	Pro	Ser	Ile	Pro	Met	Gly	His		
					580					585					590		
30	<210>	75															
	<211>	590															
	<212>	PRT															
	<213>	Arabidopsis thaliana															
35	<400>	75															
		Met	Ser	Leu	Pro	Glu	Thr	Lys	Ser	Asp	Asp	Ile	Leu	Leu	Asp	Ala	Trp
40		1				5					10					15	
		Asp	Phe	Gln	Gly	Arg	Pro	Ala	Asp	Arg	Ser	Lys	Thr	Gly	Gly	Trp	Ala
					20					25					30		
45		Ser	Ala	Ala	Met	Ile	Leu	Cys	Ile	Glu	Ala	Val	Glu	Arg	Leu	Thr	Thr
				35					40					45			
50		Leu	Gly	Ile	Gly	Val	Asn	Leu	Val	Thr	Tyr	Leu	Thr	Gly	Thr	Met	His
			50					55					60				
55		Leu	Gly	Asn	Ala	Thr	Ala	Ala	Asn	Thr	Val	Thr	Asn	Phe	Leu	Gly	Thr
		65					70					75					80
		Ser	Phe	Met	Leu	Cys	Leu	Leu	Gly	Gly	Phe	Ile	Ala	Asp	Thr	Phe	Leu
60					85						90					95	
		Gly	Arg	Tyr	Leu	Thr	Ile	Ala	Ile	Phe	Ala	Ala	Ile	Gln	Ala	Thr	Gly
					100					105					110		
65		Val	Ser	Ile	Leu	Thr	Leu	Ser	Thr	Ile	Ile	Pro	Gly	Leu	Arg	Pro	Pro
					115				120					125			

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Arg	Val	Ala	Ile	Arg	Leu	Cys	Lys	Lys	Leu	Phe	Asn	Tyr	Pro	His	Gly	
					405					410						415	
5	Leu	Arg	Pro	Leu	Gln	Arg	Ile	Gly	Leu	Gly	Leu	Phe	Phe	Gly	Ser	Met	
					420					425					430		
10	Ala	Met	Ala	Val	Ala	Ala	Leu	Val	Glu	Leu	Lys	Arg	Leu	Arg	Thr	Ala	
					435				440					445			
15	His	Ala	His	Gly	Pro	Thr	Val	Lys	Thr	Leu	Pro	Leu	Gly	Phe	Tyr	Leu	
					450			455				460					
20	Leu	Ile	Pro	Gln	Tyr	Leu	Ile	Val	Gly	Ile	Gly	Glu	Ala	Leu	Ile	Tyr	
					465			470			475					480	
25	Thr	Gly	Gln	Leu	Asp	Phe	Phe	Leu	Arg	Glu	Cys	Pro	Lys	Gly	Met	Lys	
					485					490					495		
30	Gly	Met	Ser	Thr	Gly	Leu	Leu	Leu	Ser	Thr	Leu	Ala	Leu	Gly	Phe	Phe	
					500				505					510			
35	Phe	Ser	Ser	Val	Leu	Val	Thr	Ile	Val	Glu	Lys	Phe	Thr	Gly	Lys	Ala	
					515			520						525			
40	His	Pro	Trp	Ile	Ala	Asp	Asp	Leu	Asn	Lys	Gly	Arg	Leu	Tyr	Asn	Phe	
					530			535				540					
45	Tyr	Trp	Leu	Val	Ala	Val	Leu	Val	Ala	Leu	Asn	Phe	Leu	Ile	Phe	Leu	
					545			550			555					560	
50	Val	Phe	Ser	Lys	Trp	Tyr	Val	Tyr	Lys	Glu	Lys	Arg	Leu	Ala	Glu	Val	
					565				570					575			
55	Gly	Ile	Glu	Leu	Asp	Asp	Glu	Pro	Ser	Ile	Pro	Met	Gly	His			
					580			585					590				
60	<210> 76																
	<211> 589																
	<212> PRT																
	<213> <i>Brassica napus</i>																
65	<400> 76																
60	Met	Ser	Leu	Pro	Glu	Thr	Lys	Thr	Gln	Thr	Leu	Leu	Asp	Ala	Trp	Asp	
	1				5					10				15			
65	Phe	Gln	Gly	Arg	Pro	Ala	Asp	Arg	Ser	Lys	Thr	Gly	Gly	Trp	Ala	Ser	
					20			25					30				
70	Ala	Ala	Met	Ile	Leu	Cys	Ile	Glu	Ala	Val	Glu	Arg	Leu	Thr	Thr	Leu	
					35			40					45				

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Tyr	Asn	Lys	Trp	Thr	Leu	Ser	Thr	Val	Thr	Asp	Ile	Glu	Glu	Val	Lys
					325					330					335	
5	Gln	Ile	Val	Arg	Met	Leu	Pro	Ile	Trp	Ala	Thr	Cys	Ile	Leu	Phe	Trp
				340					345					350		
10	Thr	Val	His	Ala	Gln	Leu	Thr	Thr	Leu	Ser	Val	Ala	Gln	Ser	Glu	Thr
			355					360					365			
15	Met	Asp	Arg	His	Ile	Gly	Ser	Phe	Glu	Ile	Pro	Pro	Ala	Ala	Met	Ala
	370						375					380				
20	Val	Phe	Tyr	Ile	Gly	Gly	Leu	Leu	Leu	Thr	Thr	Ala	Val	Tyr	Asp	Arg
	385					390					395					400
25	Leu	Ala	Ile	Pro	Leu	Cys	Lys	Lys	Leu	Phe	Asn	Tyr	Pro	His	Gly	Leu
					405					410					415	
30	Arg	Pro	Leu	Gln	Arg	Ile	Gly	Leu	Gly	Leu	Leu	Leu	Ala	Ala	Met	Gly
				420					425					430		
35	Met	Ala	Val	Ala	Ala	Leu	Val	Glu	Ile	Lys	Arg	Leu	Arg	Thr	Ala	His
			435					440					445			
40	Ala	His	Gly	Pro	Thr	Val	Lys	Thr	Leu	Pro	Leu	Gly	Phe	Ser	Leu	Leu
		450					455					460				
45	Ile	Pro	Gln	Tyr	Leu	Ile	Val	Gly	Ile	Gly	Glu	Ala	Leu	Ile	Tyr	Thr
	465					470					475					480
50	Gly	Gln	Leu	Asp	Phe	Phe	Leu	Arg	Glu	Cys	Pro	Lys	Gly	Met	Lys	Thr
					485					490					495	
55	Met	Ser	Thr	Gly	Leu	Leu	Leu	Ser	Thr	Leu	Ala	Leu	Gly	Phe	Phe	Phe
				500					505					510		
60	Ser	Ser	Val	Leu	Val	Thr	Ile	Val	Glu	Lys	Val	Thr	Asp	Lys	Ala	His
			515					520					525			
65	Pro	Trp	Ile	Ala	Asp	Asp	Leu	Asn	Lys	Gly	Arg	Leu	Tyr	Asn	Phe	Tyr
	530						535					540				
70	Trp	Leu	Val	Ala	Val	Ile	Val	Ala	Leu	Asn	Phe	Leu	Val	Phe	Leu	Val
	545					550					555					560
75	Phe	Ser	Lys	Trp	Tyr	Val	Tyr	Lys	Glu	Lys	Arg	Leu	Ala	Asp	Leu	Gly
					565					570					575	
80	Ile	Glu	Leu	Glu	Asp	Glu	Pro	Asp	Ile	Pro	Met	Gly	His			
				580					585							

ES 2 364 152 T3

<210> 77

<211> 588

<212> PRT

5 <213> *Brassica napus*

<400> 77

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

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Ser Thr Gly Leu Leu Leu Ser Thr Leu Ala Leu Gly Phe Phe Phe Ser	500	505	510
5	Ser Val Leu Val Thr Ile Val Glu Lys Val Thr Asp Lys Ala His Pro	515	520	525
10	Trp Ile Ala Asp Asp Leu Asn Lys Gly Arg Leu Tyr Asn Phe Tyr Trp	530	535	540
15	Leu Val Ala Val Ile Val Ala Leu Asn Phe Leu Val Phe Leu Val Phe	545	550	555
20	Ser Lys Trp Tyr Val Tyr Lys Glu Lys Arg Leu Ala Asp Leu Gly Ile	565	570	575
25	Glu Leu Glu Asp Glu Pro Asp Ile Pro Met Gly His	580	585	
30	<210> 78 <211> 596 <212> PRT <213> <i>Prunus persica</i> <400> 78			
35	Met Ser Asn Cys Thr Leu Pro Glu Thr Gln Glu Lys Leu Thr Leu Pro	1	5	10
40	Asp Ala Trp Asp Phe Lys Gly Arg Pro Ala Glu Arg Ser Lys Thr Gly	20	25	30
45	Gly Trp Thr Ala Ala Ala Met Ile Leu Gly Gly Glu Ala Cys Glu Arg	35	40	45
50	Leu Thr Thr Leu Gly Ile Ala Val Asn Leu Val Thr Tyr Leu Thr Gly	50	55	60
55	Thr Met His Leu Gly Asn Ala Thr Ser Ala Asn Thr Val Thr Asn Phe	65	70	75
60	Leu Gly Thr Ser Phe Met Leu Cys Leu Leu Gly Gly Phe Val Ala Asp	85	90	95
65	Thr Phe Leu Gly Arg Tyr Leu Thr Ile Ala Ile Phe Ala Thr Phe Gln	100	105	110
	Ala Met Gly Val Thr Ile Leu Thr Ile Ser Thr Thr Ile Pro Ser Leu	115	120	125
	Arg Pro Pro Lys Cys Thr Ser Asp Thr Ser Thr Pro Cys Ile Pro Ala	130	135	140

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

Asn Pro Gln Gly Leu Thr Pro Leu Gln Arg Met Gly Val Gly Leu Val
 420 425 430
 5
 Phe Ser Ile Phe Ala Met Val Ala Ala Ala Leu Thr Glu Val Lys Arg
 435 440 445
 10
 Leu Asn Ile Ala Arg Ser His Gly Leu Thr Asp Asn Pro Thr Ala Glu
 450 455 460
 15
 Ile Pro Leu Ser Val Phe Trp Leu Val Pro Gln Phe Phe Phe Val Gly
 465 470 475 480
 20
 Ser Gly Glu Ala Phe Thr Tyr Ile Gly Gln Leu Asp Phe Phe Leu Arg
 485 490 495
 25
 Glu Cys Pro Lys Gly Met Lys Thr Met Ser Thr Gly Leu Phe Leu Ser
 500 505 510
 30
 Thr Leu Ser Leu Gly Phe Phe Phe Ser Ser Leu Leu Val Thr Ile Val
 515 520 525
 35
 His Lys Thr Thr Gly His Asn Lys Pro Trp Leu Ala Asp Asn Leu Asn
 530 535 540
 40
 Gln Gly Lys Leu Tyr Asp Phe Tyr Trp Leu Leu Ala Leu Leu Ser Ala
 545 550 555 560
 45
 Leu Asn Leu Val Ile Tyr Leu Phe Cys Ala Asn Trp Tyr Val Tyr Lys
 565 570 575
 50
 Asp Lys Arg Leu Ala Glu Glu Gly Ile Glu Leu Glu Glu Pro Glu Ile
 580 585 590
 55
 Cys Ala His Ala
 595
 <210> 79
 <211> 347
 <212> PRT
 <213> *Glicina max*
 60
 Val Cys Ala Met Leu Val Ala Leu Leu Val Leu Leu Ser Ser Thr Arg
 1 5 10 15
 65
 Arg Tyr Arg Tyr Lys Arg Leu Val Gly Ser Pro Leu Thr Gln Ile Ala
 20 25 30
 70
 Met Val Phe Val Ala Ala Trp Arg Lys Arg His Leu Glu Leu Pro Ser
 35 40 45

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Ala	Lys	Gly	Tyr	Val	Tyr	Lys	Asp	Lys	Arg	Leu	Ala	Glu	Ala	Gly	Ile	
					325					330					335		
5	Glu	Leu	Glu	Glu	Thr	Asp	Thr	Ala	Cys	His	Ala						
					340					345							
10	<210> 80																
	<211> 590																
	<212> PRT																
	<213> <i>Nicotiana plumbaginifolia</i>																
15	<400> 80																
	Met	Ala	Leu	Pro	Glu	Thr	Gln	Gln	Asp	Thr	Lys	Thr	Leu	Pro	Asp	Ala	
	1				5					10					15		
20	Trp	Asp	Tyr	Lys	Gly	Arg	Pro	Ala	Val	Arg	Ser	Ser	Ser	Gly	Gly	Trp	
				20					25					30			
25	Ser	Ser	Ala	Ala	Met	Ile	Leu	Gly	Ile	Glu	Ala	Val	Glu	Arg	Leu	Thr	
			35					40					45				
30	Thr	Leu	Gly	Ile	Ala	Val	Asn	Leu	Val	Thr	Tyr	Leu	Thr	Gly	Thr	Met	
		50					55					60					
35	His	Leu	Gly	Asn	Ala	Ser	Ser	Ala	Asn	Asn	Val	Thr	Asn	Phe	Leu	Gly	
	65					70					75					80	
40	Thr	Ser	Phe	Met	Leu	Thr	Leu	Leu	Gly	Gly	Phe	Val	Ala	Asp	Thr	Phe	
					85					90					95		
45	Leu	Gly	Arg	Tyr	Leu	Thr	Ile	Gly	Ile	Phe	Thr	Thr	Ile	Gln	Ala	Met	
				100					105					110			
50	Gly	Val	Thr	Ile	Leu	Thr	Ile	Ser	Thr	Ile	Ile	Pro	Ser	Leu	Arg	Pro	
			115					120					125				
55	Pro	Lys	Cys	Ser	Pro	Gly	Ser	Ser	Thr	Cys	Ile	Pro	Ala	Ser	Ser	Lys	
		130					135					140					
60	Gln	Leu	Met	Val	Leu	Tyr	Ile	Ala	Leu	Tyr	Met	Thr	Ala	Leu	Gly	Thr	
	145					150					155					160	
65	Gly	Gly	Leu	Lys	Ser	Ser	Val	Ser	Gly	Phe	Gly	Ser	Asp	Gln	Phe	Asp	
					165					170					175		
70	Glu	Thr	Asp	Lys	Lys	Glu	Arg	Gly	Gln	Met	Ile	Lys	Phe	Phe	Asn	Trp	
				180					185						190		
75	Phe	Phe	Phe	Phe	Ile	Asn	Val	Gly	Ser	Leu	Gly	Ala	Val	Thr	Val	Leu	
			195					200					205				

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	465		470		475		480
5	Phe Thr Tyr Ile Gly Gln Leu Asp Phe Phe Leu Arg Glu Cys Pro Lys	485		490		495	
10	Gly Met Lys Thr Met Ser Thr Gly Leu Phe Leu Ser Thr Leu Ser Leu	500		505		510	
15	Gly Phe Phe Val Ser Ser Ile Leu Val Thr Ile Val His Lys Val Thr	515		520		525	
20	Val Lys Asn Pro Trp Leu Ala Asp Asn Leu Asn Gln Gly Arg Leu Tyr	530		535		540	
25	Asp Phe Tyr Trp Leu Leu Ala Thr Leu Ser Val Leu Asn Leu Met Val	545		550		555	560
30	Phe Leu Phe Ile Ser Arg Arg Tyr Val Tyr Lys Glu Lys Arg Leu Ala	565		570		575	
35	Glu Cys Gly Ile Glu Met Glu Asp Ser Glu Pro Ala Cys His	580		585		590	
	<210> 81						
	<211> 594						
	<212> PRT						
	<213> <i>Nicotiana tabacum</i>						
	<400> 81						
40	Met Ala Leu Pro Glu Thr Gln Gln Asp Ser Lys Ala Leu Pro Asp Ala	1	5	10		15	
45	Trp Asp Tyr Lys Gly Arg Pro Ala Leu Arg Ser Ser Ser Gly Gly Trp	20		25		30	
50	Ala Ser Gly Ala Met Ile Leu Gly Val Glu Ala Val Glu Arg Leu Thr	35		40		45	
55	Thr Leu Gly Ile Ala Val Asn Leu Val Thr Tyr Leu Thr Gly Thr Met	50		55		60	
60	His Leu Gly Asn Ala Thr Ala Ala Asn Asn Val Thr Asn Phe Leu Gly	65		70		75	80
65	Thr Ser Phe Met Leu Thr Leu Phe Gly Gly Phe Val Ala Asp Thr Phe	85		90		95	
	Leu Gly Arg Tyr Leu Thr Ile Gly Ile Phe Ala Thr Val Gln Ala Met	100		105		110	
	Gly Val Thr Ile Leu Thr Ile Ser Thr Ile Ile Pro Ser Leu Arg Pro						

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Ala	Ser	Leu	Thr	Val	Phe	Phe	Val	Gly	Ser	Ile	Leu	Leu	Thr	Val	Ile	385	390	395	400
5	Phe	Tyr	Asp	Arg	Val	Ile	Val	Pro	Ile	Cys	Arg	Arg	Phe	Met	Asn	Lys	405	410	415	
10	Pro	His	Gly	Leu	Thr	Pro	Leu	Gln	Arg	Ile	Phe	Thr	Gly	Leu	Val	Leu	420	425	430	
15	Ser	Ile	Leu	Ala	Met	Ile	Ala	Ala	Ala	Leu	Thr	Glu	Val	Lys	Arg	Leu	435	440	445	
20	Lys	Val	Ala	His	Leu	His	Gly	Leu	Thr	Asn	Asp	Ala	Asn	Ala	Thr	Ile	450	455	460	
25	Pro	Leu	Ser	Val	Phe	Trp	Leu	Val	Pro	Gln	Phe	Leu	Leu	Val	Gly	Ala	465	470	475	480
30	Gly	Glu	Ala	Phe	Thr	Tyr	Ile	Gly	Gln	Leu	Asp	Phe	Phe	Leu	Arg	Glu	485	490	495	
35	Cys	Pro	Lys	Gly	Met	Lys	Thr	Met	Ser	Thr	Gly	Leu	Phe	Leu	Ser	Thr	500	505	510	
40	Leu	Ala	Leu	Gly	Phe	Phe	Phe	Ser	Ser	Ile	Leu	Val	Thr	Ile	Val	His	515	520	525	
45	Val	Val	Thr	Gly	Thr	Thr	Asn	Pro	Trp	Leu	Ala	Asp	Asn	Leu	Asn	Gln	530	535	540	
50	Gly	Arg	Leu	Tyr	Asp	Phe	Tyr	Trp	Leu	Leu	Ala	Ile	Leu	Ser	Val	Leu	545	550	555	560
55	Asn	Leu	Met	Phe	Phe	Leu	Tyr	Phe	Ser	Arg	Lys	Tyr	Val	Tyr	Lys	Glu	565	570	575	
60	Lys	Arg	Leu	Ala	Glu	Met	Gly	Ile	Glu	Leu	Glu	Asp	Asp	Gly	Pro	Val	580	585	590	
	Cys	His																		
65	Met	Ala	Leu	Pro	Glu	Thr	Gln	Gln	Asp	Thr	Lys	Thr	Leu	Pro	Asp	Ala	1	5	10	15

<210> 82
 <211> 590
 <212> PRT
 <213> *Nicotiana tabacum*
 <400> 82

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Lys	Lys	Ala	Lys	Gln	Arg	Leu	Pro	His	Ser	Lys	Glu	Phe	Arg	Phe	Leu
	290						295					300				
5	Asp	Lys	Ala	Ala	Ile	Lys	Val	Gln	Asp	Pro	Glu	Ser	Ala	Gly	Ile	Thr
	305					310					315					320
10	Val	Val	Asn	Lys	Trp	Asn	Leu	Ser	Thr	Leu	Thr	Asp	Val	Glu	Glu	Val
					325					330					335	
15	Lys	Leu	Val	Val	Arg	Met	Leu	Pro	Thr	Trp	Ala	Thr	Thr	Ile	Met	Phe
				340					345					350		
20	Trp	Thr	Val	Tyr	Ala	Gln	Met	Thr	Thr	Phe	Ser	Val	Ser	Gln	Ala	Thr
			355					360					365			
25	Thr	Met	Asp	Arg	His	Ile	Gly	Asn	Phe	Glu	Ile	Pro	Pro	Ala	Ser	Leu
	370						375					380				
30	Arg	Ala	Val	Val	Pro	Val	Cys	Arg	Arg	Val	Leu	Asn	Asn	Pro	His	Gly
					405					410					415	
35	Thr	Ser	Pro	Leu	Gln	Arg	Ile	Ala	Val	Gly	Leu	Ile	Leu	Ser	Ile	Ile
				420					425					430		
40	Ala	Met	Ile	Ala	Ala	Ala	Leu	Thr	Glu	Val	Lys	Arg	Leu	Asn	Val	Ala
			435					440					445			
45	His	Leu	His	Gly	Leu	Thr	Asn	Asp	Ala	Asn	Ala	Lys	Val	Pro	Leu	Ser
	450						455					460				
50	Val	Phe	Trp	Leu	Val	Pro	Gln	Phe	Leu	Leu	Val	Gly	Ala	Gly	Glu	Ala
	465					470					475				480	
55	Phe	Thr	Tyr	Ile	Gly	Gln	Leu	Asp	Phe	Phe	Leu	Arg	Glu	Cys	Pro	Lys
				485					490						495	
60	Gly	Met	Lys	Thr	Met	Ser	Thr	Gly	Leu	Phe	Leu	Ser	Thr	Leu	Ser	Leu
				500					505					510		
65	Gly	Phe	Phe	Phe	Ser	Ser	Ile	Leu	Val	Thr	Ile	Val	His	Lys	Val	Thr
			515					520					525			
70	Gly	Lys	Asn	Pro	Trp	Leu	Ala	Asp	Asn	Leu	Asn	Gln	Gly	Arg	Leu	Tyr
	530						535					540				
75	Asp	Phe	Tyr	Trp	Leu	Leu	Ala	Thr	Leu	Ser	Val	Leu	Asn	Leu	Met	Ile
	545					550					555				560	

ES 2 364 152 T3

Phe Leu Phe Ile Ser Arg Arg Tyr Val Tyr Lys Glu Lys Arg Leu Ala
565 570 575

5 Glu Cys Gly Ile Glu Met Glu Asp Ser Glu Pro Ala Cys His
580 585 590

<210> 83

10 <211> 594

<212> PRT

<213> *Nicotiana tabacum*

15 <400> 83

Met Ala Leu Pro Glu Thr Gln Gln Asp Ser Lys Ala Leu Pro Asp Ala
1 5 10 15

20

Trp Asp Tyr Lys Gly Arg Pro Ala Leu Arg Ser Ser Ser Gly Gly Trp
20 25 30

25

Ala Ser Gly Ala Met Ile Leu Gly Val Glu Ala Val Glu Arg Leu Thr
35 40 45

30

Thr Leu Gly Ile Ala Val Asn Leu Val Thr Tyr Leu Thr Gly Thr Met
50 55 60

35

His Leu Gly Asn Ala Ser Ser Ala Asn Asn Val Thr Asn Phe Leu Gly
65 70 75 80

Thr Ser Phe Met Leu Thr Leu Leu Gly Gly Phe Val Ala Asp Thr Phe
85 90 95

40

Leu Gly Arg Tyr Leu Thr Ile Gly Ile Phe Ala Thr Val Gln Ala Met
100 105 110

45

Gly Val Thr Ile Leu Thr Ile Ser Thr Ile Ile Pro Ser Leu Arg Pro
115 120 125

50

Pro Lys Cys Glu Gln Val Gly Ser Ser Ser Cys Ile Pro Ala Asn Ser
130 135 140

55

Lys Gln Leu Met Val Leu Tyr Ile Ala Leu Tyr Met Thr Ala Leu Gly
145 150 155 160

Thr Gly Gly Leu Lys Ser Ser Val Ser Gly Phe Gly Thr Asp Gln Phe
165 170 175

60

Asp Asp Ser Asp Lys Lys Glu Lys Gly Gln Met Ile Lys Phe Phe Asp
180 185 190

65

Trp Phe Phe Phe Phe Ile Asn Val Gly Ser Leu Gly Ala Val Thr Val
195 200 205

ES 2 364 152 T3

Leu Val Tyr Ile Gln Asp Asn Leu Gly Arg Glu Trp Gly Tyr Gly Ile
 210 215 220
 5
 Cys Ala Cys Ala Ile Val Ile Ala Leu Val Val Phe Leu Phe Gly Thr
 225 230 235 240
 10
 Arg Lys Tyr Arg Phe Lys Lys Leu Gly Gly Ser Pro Leu Thr Gln Ile
 245 250 255
 15
 Ala Ser Val Ile Val Ala Ala Trp Lys Lys Arg His Leu Glu Leu Pro
 260 265 270
 20
 Ser Asp Ser Ser Leu Leu Phe Glu Ile Asp Asp Ile Phe Gly Glu Gly
 275 280 285
 25
 Asn Lys Lys Ser Lys Gln Lys Leu Pro His Ser Lys Glu Tyr Arg Phe
 290 295 300
 30
 Leu Asp Lys Ala Ala Ile Lys Glu Asp Asp Asp Leu Glu Ser Asn Gly
 305 310 315 320
 35
 Thr Asn Val Val Ile Asn Lys Trp Lys Leu Ala Thr Leu Thr Asp Val
 325 330 335
 40
 Glu Glu Val Lys Ile Leu Ile Arg Met Leu Pro Thr Trp Ala Thr Thr
 340 345 350
 45
 Ile Met Phe Trp Thr Val Tyr Ala Gln Met Thr Thr Phe Ser Val Ser
 355 360 365
 50
 Gln Ala Thr Thr Met Asp Arg His Ile Gly Thr Phe Glu Ile Pro Pro
 370 375 380
 55
 Ala Thr Leu Thr Val Phe Phe Val Gly Ser Ile Leu Leu Thr Val Ile
 385 390 395 400
 60
 Phe Tyr Asp Arg Ile Ile Val Pro Ile Cys Arg Arg Phe Met Asn Lys
 405 410 415
 65
 Pro His Gly Leu Thr Pro Leu Gln Arg Ile Phe Thr Gly Leu Val Leu
 420 425 430
 Ser Ile Leu Ala Met Ile Ala Ala Ala Leu Thr Glu Val Lys Arg Leu
 435 440 445
 Lys Val Ala His Leu His Gly Leu Thr Asn Asp Ala Asn Ala Thr Ile
 450 455 460
 Pro Leu Thr Val Phe Trp Leu Val Pro Gln Phe Leu Leu Val Gly Ala

ES 2 364 152 T3

	465		470		475		480									
5	Gly	Glu	Ala	Phe	Thr	Tyr	Ile	Gly	Gln	Leu	Asp	Phe	Phe	Leu	Arg	Glu
					485					490					495	
10	Cys	Pro	Lys	Gly	Met	Lys	Thr	Met	Ser	Thr	Gly	Leu	Phe	Leu	Ser	Thr
				500					505					510		
15	Leu	Ala	Leu	Gly	Phe	Phe	Phe	Ser	Ser	Ile	Leu	Val	Thr	Ile	Val	His
			515					520					525			
20	Val	Val	Thr	Gly	Thr	Thr	Asn	Pro	Trp	Leu	Ala	Asp	Asn	Leu	Asn	Gln
		530					535					540				
25	Gly	Arg	Leu	Tyr	Asp	Phe	Tyr	Trp	Leu	Leu	Ala	Ile	Leu	Ser	Val	Phe
	545					550					555				560	
30	Asn	Leu	Met	Phe	Phe	Leu	Tyr	Ser	Ser	Arg	Lys	Tyr	Val	Tyr	Lys	Glu
					565					570					575	
35	Lys	Arg	Leu	Ala	Glu	Met	Gly	Ile	Glu	Leu	Glu	Asp	Asp	Gly	Pro	Val
			580						585					590		
40	Cys	His														
45	Met	Ala	Leu	Pro	Glu	Thr	Gln	Gln	Asp	Thr	Lys	Thr	Leu	Pro	Asp	Ala
	1				5					10					15	
50	Trp	Asp	Tyr	Lys	Gly	Arg	Pro	Ala	Val	Arg	Ser	Ser	Ser	Gly	Gly	Trp
				20					25					30		
55	Ser	Ser	Ala	Ala	Met	Ile	Leu	Gly	Ile	Glu	Ala	Val	Glu	Arg	Leu	Thr
			35					40					45			
60	Thr	Leu	Gly	Ile	Ala	Val	Asn	Leu	Val	Thr	Tyr	Leu	Thr	Gly	Thr	Met
		50					55					60				
65	His	Leu	Gly	Asn	Ala	Ser	Ser	Ala	Asn	Asn	Val	Thr	Asn	Phe	Leu	Gly
	65				70						75				80	
70	Thr	Ser	Phe	Met	Leu	Thr	Leu	Leu	Gly	Gly	Phe	Val	Ala	Asp	Thr	Phe
				85					90					95		
75	Leu	Gly	Arg	Tyr	Leu	Thr	Ile	Gly	Ile	Phe	Thr	Thr	Ile	Gln	Ala	Met

ES 2 364 152 T3

[illegible]

ES 2 364 152 T3

Thr Met Asp Arg His Ile Gly Asn Phe Glu Ile Pro Pro Ala Ser Leu
 370 375 380

5

Thr Leu Phe Phe Val Gly Ser Ile Leu Leu Thr Cys Ile Phe Tyr Asp
 385 390 395 400

10

Arg Ala Val Val Pro Val Cys Arg Arg Val Leu Asn Asn Pro His Gly
 405 410 415

15

Thr Thr Pro Leu Gln Arg Ile Ala Val Gly Leu Ile Leu Ser Ile Ile
 420 425 430

20

Ala Met Val Ala Ala Ala Leu Thr Glu Val Lys Arg Leu Asn Val Ala
 435 440 445

25

His Leu His Gly Leu Thr Asn Asp Ala Asn Ala Lys Val Pro Leu Ser
 450 455 460

30

Val Phe Trp Leu Val Pro Gln Phe Leu Leu Val Gly Ala Gly Glu Ala
 465 470 475 480

35

Phe Thr Tyr Ile Gly Gln Leu Asp Phe Phe Leu Arg Glu Cys Pro Lys
 485 490 495

40

Gly Met Lys Thr Met Ser Thr Gly Leu Phe Leu Ser Thr Leu Ser Leu
 500 505 510

45

Gly Phe Phe Phe Ser Ser Ile Leu Val Thr Ile Val His Lys Val Thr
 515 520 525

50

Val Lys Asn Pro Trp Leu Ala Asp Asn Leu Asn Gln Gly Arg Leu Tyr
 530 535 540

55

Asp Phe Tyr Trp Leu Leu Ala Thr Leu Ser Val Leu Asn Leu Met Ile
 545 550 555 560

60

Phe Leu Phe Ile Ser Arg Arg Tyr Val Tyr Lys Glu Lys Arg Leu Ala
 565 570 575

65

Glu Cys Gly Ile Glu Met Glu Asp Ser Glu Pro Ala Cys His
 580 585 590

<210> 85
 <211> 160
 <212> PRT
 <213> *Triticum aestivum*
 <220>
 <221> carac_divers
 <222> (135)..(135)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

ES 2 364 152 T3

<400> 85

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

<210> 86

<211> 146

45 <212> PRT

<213> *Triticum aestivum*

<400> 86

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

ES 2 364 152 T3

Leu Tyr Leu Thr Ala Leu Gly Thr Gly Gly Leu Lys Ser Ser Val Ser
 85 90 95

5 Gly Phe Gly Ser Asp Gln Phe Asp Glu Ser His Ala Gly Glu Arg Arg
 100 105 110

10 Arg Met Ala Arg Phe Phe Gly Trp Phe Phe Phe Phe Ile Ser Leu Gly
 115 120 125

15 Ser Leu Leu Ala Val Thr Val Leu Val Tyr Val Gln Asp Asn Val Gly
 130 135 140

Arg Arg
 145

20 <210> 87
 <211> 160
 <212> PRT
 25 <213> *Triticum aestivum*

<220>
 <221> carac_divers
 30 <222> (158)..(158)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

<400> 87

35 Cys Ala Ala Ser Ile Ala Val Gly Leu Val Val Phe Leu Ala Gly Thr
 1 5 10 15

40 Arg Arg Tyr Arg Phe Lys Lys Leu Ala Gly Ser Pro Leu Thr Gln Ile
 20 25 30

45 Ala Ala Val Val Val Ala Ala Trp Arg Lys Arg Gly Val Gln Leu Pro
 35 40 45

50 Thr Asp Thr Ser Met Leu Tyr Asp Ile Asp Val Gly Lys Val Ala Ala
 50 55 60

Ile Glu Gly Ala Ser Thr Lys Lys Ser Lys Leu Lys Glu Arg Ile Pro
 65 70 75 80

55 His Thr Lys Gln Phe Arg Phe Leu Asp His Ala Ala Ile Asn Ser Asp
 85 90 95

60 Pro Ala Gly Glu Pro Thr Lys Trp Gln Leu Ala Thr Leu Thr Asp Val
 100 105 110

65 Glu Glu Val Lys Thr Val Ala Arg Met Leu Pro Ile Trp Ala Thr Thr
 115 120 125

ES 2 364 152 T3

	Ile Met Phe Trp Thr Val Tyr Ala Gln Met Thr Thr Phe Ser Val Ser	130	135	140
5	Gln Ala Thr Thr Met Asp Arg His Ile Gly Pro Ser Phe Xaa Ile Pro	145	150	155
	<210> 88			
	<211> 123			
10	<212> PRT			
	<213> <i>Narcissus pseudonarcissus</i>			
	<400> 88			
15	Gln Pro Met Ser Val Phe Trp Leu Val Pro Gln Phe Phe Leu Val Gly	1	5	10
20	Ala Gly Glu Ala Phe Cys Tyr Ile Gly Gln Leu Asp Phe Phe Leu Arg	20	25	30
25	Glu Cys Pro Lys Gly Met Lys Thr Met Ser Thr Gly Met Phe Leu Ser	35	40	45
30	Thr Leu Ser Leu Gly Phe Phe Leu Ser Ser Ala Leu Val Thr Ile Val	50	55	60
35	His Lys Val Thr Gly Glu Ser Gly Gln Gly Ala Trp Leu Pro Asp Asp	65	70	75
40	Leu Asn Arg Gly Lys Leu Tyr Asp Phe Tyr Trp Leu Leu Ala Val Leu	85	90	95
45	Ser Ala Val Asn Leu Val Ala Phe Leu Val Ser Ala Arg Trp Tyr Val	100	105	110
50	Tyr Lys Glu Asn Arg Met Ala Thr Asp Asp Gly	115	120	
	<210> 89			
	<211> 603			
55	<212> PRT			
	<213> <i>Oryza sativa</i>			
	<400> 89			
60	Met Val Gly Met Leu Pro Glu Thr Asn Ala Gln Ala Ala Glu Glu	1	5	10
65	Val Leu Gly Asp Ala Trp Asp Tyr Arg Gly Arg Pro Ala Ala Arg Ser	20	25	30
70	Arg Thr Gly Arg Trp Gly Ala Ala Ala Met Ile Leu Val Ala Glu Leu	35	40	45
75	Asn Glu Arg Leu Thr Thr Leu Gly Ile Ala Val Asn Leu Val Thr Tyr			

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	His	Ala	Ala	Ile	Asn	Asp	Ala	Pro	Asp	Gly	Glu	Gln	Ser	Lys	Trp	Thr	
					325					330					335		
5	Leu	Ala	Thr	Leu	Thr	Asp	Val	Glu	Glu	Val	Lys	Thr	Val	Ala	Arg	Met	
				340				345						350			
10	Leu	Pro	Ile	Trp	Ala	Thr	Thr	Ile	Met	Phe	Trp	Thr	Val	Tyr	Ala	Gln	
			355					360					365				
15	Met	Thr	Thr	Phe	Ser	Val	Ser	Gln	Ala	Thr	Thr	Met	Asp	Arg	His	Ile	
		370					375					380					
20	Gly	Ala	Ser	Phe	Gln	Ile	Pro	Ala	Gly	Ser	Leu	Thr	Val	Phe	Phe	Val	
	385					390					395					400	
25	Gly	Ser	Ile	Leu	Leu	Thr	Val	Pro	Ile	Tyr	Asp	Arg	Leu	Val	Val	Pro	
				405						410					415		
30	Val	Ala	Arg	Arg	Ala	Thr	Gly	Asn	Pro	His	Gly	Leu	Thr	Pro	Leu	Gln	
				420				425						430			
35	Arg	Ile	Gly	Val	Gly	Leu	Val	Leu	Ser	Ile	Val	Ala	Met	Val	Cys	Ala	
			435					440					445				
40	Ala	Leu	Thr	Glu	Val	Arg	Arg	Leu	Arg	Val	Ala	Arg	Asp	Ala	Arg	Val	
		450					455					460					
45	Gly	Gly	Gly	Glu	Ala	Val	Pro	Met	Thr	Val	Phe	Trp	Leu	Ile	Pro	Gln	
	465					470					475					480	
50	Phe	Leu	Phe	Val	Gly	Ala	Gly	Glu	Ala	Phe	Thr	Tyr	Ile	Gly	Gln	Leu	
				485						490					495		
55	Asp	Phe	Phe	Leu	Arg	Glu	Cys	Pro	Lys	Gly	Met	Lys	Thr	Met	Ser	Thr	
				500					505					510			
60	Gly	Leu	Phe	Leu	Ser	Thr	Leu	Ser	Leu	Gly	Phe	Phe	Val	Ser	Ser	Ala	
			515				520						525				
65	Leu	Val	Ala	Ala	Val	His	Lys	Leu	Thr	Gly	Asp	Arg	His	Pro	Trp	Leu	
		530					535					540					
70	Ala	Asp	Asp	Leu	Asn	Lys	Gly	Gln	Leu	His	Lys	Phe	Tyr	Trp	Leu	Leu	
	545					550					555					560	
75	Ala	Gly	Val	Cys	Leu	Ala	Asn	Leu	Leu	Val	Tyr	Leu	Val	Ala	Ala	Arg	
				565						570					575		
80	Trp	Tyr	Lys	Tyr	Lys	Ala	Gly	Arg	Ala	Ala	Ala	Ala	Gly	Asp	Gly	Gly	
				580				585						590			

ES 2 364 152 T3

Val Glu Met Ala Asp Ala Glu Pro Cys Leu His
595 600

5 <210> 90
<211> 594
<212> PRT
<213> *Oryza sativa*

10 <400> 90

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

ES 2 364 152 T3

	Tyr	Gly	Ile	Cys	Ala	Ala	Gly	Ile	Leu	Ala	Gly	Leu	Ala	Val	Phe	Leu
	225					230					235					240
5																
	Ser	Gly	Thr	Arg	Arg	Tyr	Arg	Phe	Lys	Lys	Leu	Val	Gly	Ser	Pro	Leu
					245					250					255	
10																
	Thr	Gln	Val	Ala	Ala	Val	Thr	Ala	Ala	Ala	Trp	Ser	Lys	Arg	Ser	Leu
				260					265					270		
15																
	Pro	Leu	Pro	Ser	Asp	Pro	Asp	Met	Leu	Tyr	Asp	Val	Asp	Asp	Ala	Ala
			275					280					285			
20																
	Ala	Ala	Gly	His	Asp	Val	Lys	Gly	Lys	Gln	Arg	Met	Pro	His	Ser	Lys
		290					295					300				
25																
	Glu	Cys	Arg	Phe	Leu	Asp	His	Ala	Ala	Ile	Ile	Asp	Arg	Ser	Ala	Ala
	305					310					315					320
30																
	Glu	Ser	Pro	Ala	Thr	Ala	Ser	Lys	Trp	Arg	Leu	Cys	Thr	Arg	Thr	Asp
					325					330					335	
35																
	Val	Glu	Glu	Val	Lys	Gln	Val	Val	Arg	Met	Leu	Pro	Ile	Trp	Ala	Thr
				340					345					350		
40																
	Thr	Ile	Met	Phe	Trp	Thr	Ile	His	Ala	Gln	Met	Thr	Thr	Phe	Ala	Val
			355					360					365			
45																
	Ala	Gln	Ala	Glu	Leu	Met	Asp	Arg	Arg	Leu	Ala	Gly	Gly	Phe	Leu	Ile
		370					375					380				
50																
	Pro	Ala	Gly	Ser	Leu	Thr	Val	Phe	Leu	Ile	Ala	Ser	Ile	Leu	Leu	Thr
	385					390					395					400
55																
	Val	Pro	Phe	Tyr	Asp	Arg	Leu	Val	Val	Pro	Val	Ala	Arg	Arg	Ala	Thr
					405					410					415	
60																
	Ala	Asn	Pro	His	Gly	Leu	Thr	Pro	Leu	Gln	Arg	Val	Phe	Val	Gly	Leu
				420					425					430		
65																
	Ser	Leu	Ser	Ile	Ala	Gly	Met	Ala	Val	Ala	Ala	Ala	Val	Glu	Arg	His
			435					440					445			
70																
	Arg	Ala	Thr	Ala	Ser	Ala	Ser	Ala	Ala	Ala	Ala	Ala	Pro	Thr	Val	Phe
		450					455					460				
75																
	Leu	Leu	Met	Pro	Gln	Phe	Leu	Leu	Val	Gly	Ala	Gly	Glu	Ala	Phe	Thr
	465					470					475					480
80																
	Tyr	Met	Gly	Gln	Leu	Asp	Phe	Phe	Leu	Arg	Glu	Cys	Pro	Lys	Gly	Met
					485					490					495	

ES 2 364 152 T3

	Lys Thr Met Ser Thr Gly Leu Phe Leu Ser Thr Cys Ala Ile Gly Phe	
	500 505 510	
5	Phe Phe Ser Thr Leu Leu Val Thr Ile Val His Lys Val Thr Gly His	
	515 520 525	
10	Gly Ala Arg Gly Gly Gly Trp Leu Ala Asp Asn Leu Asp Asp Gly Arg	
	530 535 540	
15	Leu Asp Tyr Phe Tyr Trp Leu Leu Ala Val Ile Ser Ala Ile Asn Leu	
	545 550 555 560	
20	Val Leu Phe Thr Val Ala Ala Arg Gly Tyr Val Tyr Lys Glu Lys Arg	
	565 570 575	
25	Leu Ala Asp Ala Gly Ile Glu Leu Ala Asp Glu Glu Thr Ile Ala Val	
	580 585 590	
30	Gly His	
	<210> 91	
	<211> 1566	
	<212> DNA	
	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>	
35	<220>	
	<221> CDS	
	<222> (1)..(1563)	
40	<220>	
	<221> carac_divers	
	<222> (1)..(1566)	
	<223> Ceres cDNA ID 2706693	
45	<400> 91	
	atg tca gtt ctg tca tgg gct ttt acc gtt gcg tgg ttt acc ctc tgg 48	
	Met Ser Val Leu Ser Trp Ala Phe Thr Val Ala Trp Phe Thr Leu Trp	
	1 5 10 15	
50	atg ttg atg cta tac ttg acg aac gag atg aag cta aag ttc aca gac 96	
	Met Leu Met Leu Tyr Leu Thr Asn Glu Met Lys Leu Lys Phe Thr Asp	
	20 25 30	
55	gca gct gcg att gta aat gtg ttt gct ggt gta tca gct att ggt cat 144	
	Ala Ala Ala Ile Val Asn Val Phe Ala Gly Val Ser Ala Ile Gly His	
	35 40 45	
60	ctt ggc atg caa ttt ctt gtt gat gca ttt att ggt cac ttt tgg atg 192	
	Leu Gly Met Gln Phe Leu Val Asp Ala Phe Ile Gly His Phe Trp Met	
	50 55 60	
65	ctc tgt ctc tct act tta gca ttc agt ttc ggt ttc ggg ttc ttg gca 240	
	Leu Cys Leu Ser Thr Leu Ala Phe Ser Phe Gly Phe Gly Phe Leu Ala	
	65 70 75 80	
	ata tca gcg tca cca ata ctt tca ggc aat gga caa aag ggc ctg ttc 288	

ES 2 364 152 T3

	Ile	Ser	Ala	Ser	Pro	Ile	Leu	Ser	Gly	Asn	Gly	Gln	Lys	Gly	Leu	Phe	
					85					90					95		
5	tac	gta	gcg	cta	acg	gtt	ata	tcc	gtt	ggg	ata	ttt	gga	cgg	tct	atc	336
	Tyr	Val	Ala	Leu	Thr	Val	Ile	Ser	Val	Gly	Ile	Phe	Gly	Arg	Ser	Ile	
				100					105					110			
10	tct	ttg	gga	gta	ttt	aca	gaa	gac	caa	cta	gaa	gac	ggg	agg	aac	aag	384
	Ser	Leu	Gly	Val	Phe	Thr	Glu	Asp	Gln	Leu	Glu	Asp	Gly	Arg	Asn	Lys	
			115					120					125				
15	gga	aac	ccc	gcc	aag	ctc	gtt	agc	ttt	gtc	att	gga	aat	gtg	ggg	aat	432
	Gly	Asn	Pro	Ala	Lys	Leu	Val	Ser	Phe	Val	Ile	Gly	Asn	Val	Gly	Asn	
			130				135					140					
20	ttt	gtg	ttc	ttg	tta	ctt	gct	gct	att	gca	atg	cct	cag	ata	agt	ccg	480
	Phe	Val	Phe	Leu	Leu	Leu	Ala	Ala	Ile	Ala	Met	Pro	Gln	Ile	Ser	Pro	
	145					150				155						160	
25	tgg	ttt	gtt	agg	ttc	acg	atc	ccc	tgc	ggc	tgt	gag	gta	tta	gca	atg	528
	Trp	Phe	Val	Arg	Phe	Thr	Ile	Pro	Ser	Gly	Cys	Glu	Val	Leu	Ala	Met	
				165						170					175		
30	ctg	att	ttt	att	tcc	ggg	gcg	tgt	tca	tac	aaa	cgg	gtt	aaa	cca	ggg	576
	Leu	Ile	Phe	Ile	Ser	Gly	Ala	Cys	Ser	Tyr	Lys	Arg	Val	Lys	Pro	Gly	
				180					185					190			
35	ggg	agc	cct	ttg	aca	acg	gtt	ttc	cgg	gtc	ttt	atg	gct	tct	gct	tcc	624
	Gly	Ser	Pro	Leu	Thr	Thr	Val	Phe	Arg	Val	Phe	Met	Ala	Ser	Ala	Ser	
			195				200						205				
40	aaa	atg	tct	tgt	gca	tac	tgc	aac	aac	tca	agc	cag	ctc	tat	gaa	aaa	672
	Lys	Met	Ser	Cys	Ala	Tyr	Ser	Asn	Asn	Ser	Ser	Gln	Leu	Tyr	Glu	Lys	
		210					215					220					
45	gct	gag	tgt	gat	caa	gat	att	aag	ccc	cac	aca	agc	agc	tta	agg	tat	720
	Ala	Glu	Cys	Asp	Gln	Asp	Ile	Lys	Pro	His	Thr	Ser	Ser	Leu	Arg	Tyr	
	225				230					235					240		
50	cta	gat	aga	gct	gca	atg	ata	ctc	caa	aca	gag	tct	ttg	gaa	caa	cag	768
	Leu	Asp	Arg	Ala	Ala	Met	Ile	Leu	Gln	Thr	Glu	Ser	Leu	Glu	Gln	Gln	
				245					250						255		
55	agg	aaa	aac	aga	tgg	aag	ctt	tgt	cgg	gtg	aca	gaa	gtg	gag	caa	acg	816
	Arg	Lys	Asn	Arg	Trp	Lys	Leu	Cys	Arg	Val	Thr	Glu	Val	Glu	Gln	Thr	
				260					265					270			
60	aaa	agc	gtc	ata	cgc	acg	gtt	cct	ttg	ttt	gcg	aca	tct	ctc	att	tgc	864
	Lys	Ser	Val	Ile	Arg	Thr	Val	Pro	Leu	Phe	Ala	Thr	Ser	Leu	Ile	Ser	
			275				280						285				
65	ggg	att	gtc	ttc	tct	ctt	ggg	aat	act	ttc	ttc	ctt	gaa	caa	gca	aac	912
	Gly	Ile	Val	Phe	Ser	Leu	Gly	Asn	Thr	Phe	Phe	Leu	Glu	Gln	Ala	Asn	
		290					295					300					
70	cat	atg	gac	tcc	aag	ttc	gga	tca	tgg	aac	ctt	cct	ctc	cca	ctc	ctc	960
	His	Met	Asp	Ser	Lys	Phe	Gly	Ser	Trp	Asn	Leu	Pro	Leu	Pro	Leu	Leu	
	305				310					315					320		
75	tta	ctc	ttt	agt	gaa	gct	gca	agg	cta	gga	tcc	cga	gaa	cta	tgt	gtc	1008
	Leu	Leu	Phe	Ser	Glu	Ala	Ala	Arg	Leu	Gly	Ser	Arg	Glu	Leu	Cys	Val	
				325					330						335		
80	atg	gct	gca	aaa	cgc	cat	gcc	att	gac	ttc	cct	gaa	tca	cct	aaa	caa	1056
	Met	Ala	Ala	Lys	Arg	His	Ala	Ile	Asp	Phe	Pro	Glu	Ser	Pro	Lys	Gln	
				340					345					350			

ES 2 364 152 T3

	acc aaa acg cct tat ggt ata cca gtc tcc atc atc cta tcg ata ttt	1104
	Thr Lys Thr Pro Tyr Gly Ile Pro Val Ser Ile Ile Leu Ser Ile Phe	
	355 360 365	
5	tgc tgc tcc atc gct gca cat gtt gag tct agg agg ctc aaa gta gtt	1152
	Cys Cys Ser Ile Ala Ala His Val Glu Ser Arg Arg Leu Lys Val Val	
	370 375 380	
10	agt act caa ggt tta cta cat gaa act gtc ccc atg agt gta ttc tgg	1200
	Ser Thr Gln Gly Leu Leu His Glu Thr Val Pro Met Ser Val Phe Trp	
	385 390 395 400	
15	ctg ctc cca cag tac att cta ctc ggt tca atc aca gga atc tac gaa	1248
	Leu Leu Pro Gln Tyr Ile Leu Leu Gly Ser Ile Thr Gly Ile Tyr Glu	
	405 410 415	
20	aac agc ttt gcg ctt tac cta gaa gaa acg gtg cct gaa gag ttg agc	1296
	Asn Ser Phe Ala Leu Tyr Leu Glu Glu Thr Val Pro Glu Glu Leu Ser	
	420 425 430	
25	caa tac atg gtt cta tta aac gtg gga gtg tgc ggg gtc ggg atc atg	1344
	Gln Tyr Met Val Leu Leu Asn Val Gly Val Cys Gly Val Gly Ile Met	
	435 440 445	
30	agc aac att gct ctt gtt agt ttg gtg ggc agt gta agc gga ggc aaa	1392
	Ser Asn Ile Ala Leu Val Ser Leu Val Gly Ser Val Ser Gly Gly Lys	
	450 455 460	
35	tgg ttt caa gac aca ata aac aag agc cgg gtg gat aac tat tat tgg	1440
	Trp Phe Gln Asp Thr Ile Asn Lys Ser Arg Val Asp Asn Tyr Tyr Trp	
	465 470 475 480	
40	ggt ata aca gtg ttt tgc atg ttc aat ctc ttg tta tat ttc att gta	1488
	Val Ile Thr Val Phe Cys Met Phe Asn Leu Leu Leu Tyr Phe Ile Val	
	485 490 495	
45	acc tat agg tac aca gtg tgt aac aag aaa gat ggt gca aca caa gaa	1536
	Thr Tyr Arg Tyr Thr Val Cys Asn Lys Lys Asp Gly Ala Thr Gln Glu	
	500 505 510	
50	aat gat cga agg ata atc gct tct gtg tag	1566
	Asn Asp Arg Arg Ile Ile Ala Ser Val	
	515 520	
55	<210> 92	
	<211> 521	
	<212> PRT	
60	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>	
	<400> 92	
55	Met Ser Val Leu Ser Trp Ala Phe Thr Val Ala Trp Phe Thr Leu Trp	
	1 5 10 15	
60	Met Leu Met Leu Tyr Leu Thr Asn Glu Met Lys Leu Lys Phe Thr Asp	
	20 25 30	
65	Ala Ala Ala Ile Val Asn Val Phe Ala Gly Val Ser Ala Ile Gly His	
	35 40 45	
65	Leu Gly Met Gln Phe Leu Val Asp Ala Phe Ile Gly His Phe Trp Met	
	50 55 60	

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Met	Ala	Ala	Lys	Arg	His	Ala	Ile	Asp	Phe	Pro	Glu	Ser	Pro	Lys	Gln	
				340					345					350			
5	Thr	Lys	Thr	Pro	Tyr	Gly	Ile	Pro	Val	Ser	Ile	Ile	Leu	Ser	Ile	Phe	
			355					360					365				
10	Cys	Cys	Ser	Ile	Ala	Ala	His	Val	Glu	Ser	Arg	Arg	Leu	Lys	Val	Val	
		370					375					380					
15	Ser	Thr	Gln	Gly	Leu	Leu	His	Glu	Thr	Val	Pro	Met	Ser	Val	Phe	Trp	
	385					390					395					400	
	Leu	Leu	Pro	Gln	Tyr	Ile	Leu	Leu	Gly	Ser	Ile	Thr	Gly	Ile	Tyr	Glu	
				405						410					415		
20	Asn	Ser	Phe	Ala	Leu	Tyr	Leu	Glu	Glu	Thr	Val	Pro	Glu	Glu	Leu	Ser	
				420					425					430			
25	Gln	Tyr	Met	Val	Leu	Leu	Asn	Val	Gly	Val	Cys	Gly	Val	Gly	Ile	Met	
			435					440					445				
30	Ser	Asn	Ile	Ala	Leu	Val	Ser	Leu	Val	Gly	Ser	Val	Ser	Gly	Gly	Lys	
		450					455					460					
35	Trp	Phe	Gln	Asp	Thr	Ile	Asn	Lys	Ser	Arg	Val	Asp	Asn	Tyr	Tyr	Trp	
	465					470				475						480	
	Val	Ile	Thr	Val	Phe	Cys	Met	Phe	Asn	Leu	Leu	Leu	Tyr	Phe	Ile	Val	
				485					490						495		
40	Thr	Tyr	Arg	Tyr	Thr	Val	Cys	Asn	Lys	Lys	Asp	Gly	Ala	Thr	Gln	Glu	
				500					505						510		
45	Asn	Asp	Arg	Arg	Ile	Ile	Ala	Ser	Val								
			515					520									
	<210> 93																
	<211> 1812																
	<212> DNA																
50	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>																
	<220>																
	<221> CDS																
55	<222> (1)..(1812)																
	<223> Ceres cDNA ID 12711144																
60	<400> 93																
	atg	aaa	tat	atg	tct	ttt	tct	caa	agt	ctt	gtt	ttg	ttc	ttt	gcc	ata	48
	Met	Lys	Tyr	Met	Ser	Phe	Ser	Gln	Ser	Leu	Val	Leu	Phe	Phe	Ala	Ile	
65	1				5					10					15		
	tta	tta	cag	gaa	gtg	gaa	gaa	gag	gtc	tca	aga	tg	gaa	ggc	tac	gcc	96

ES 2 364 152 T3

	Leu	Leu	Gln	Glu	Val	Glu	Glu	Glu	Val	Ser	Arg	Trp	Glu	Gly	Tyr	Ala	
				20					25					30			
5	gat	tgg	aga	aac	aga	gca	gcc	gtg	aaa	ggc	cgt	cac	ggt	ggc	atg	ctc	144
	Asp	Trp	Arg	Asn	Arg	Ala	Ala	Val	Lys	Gly	Arg	His	Gly	Gly	Met	Leu	
			35					40					45				
10	gcc	gcc	tct	ttc	gtc	tta	gtg	gtg	gag	ata	tta	gag	aat	cta	gcg	tat	192
	Ala	Ala	Ser	Phe	Val	Leu	Val	Val	Glu	Ile	Leu	Glu	Asn	Leu	Ala	Tyr	
			50				55					60					
15	ttg	gcg	aat	gcg	agt	aat	ctt	gtg	cta	tac	cta	aga	gaa	tac	atg	cac	240
	Leu	Ala	Asn	Ala	Ser	Asn	Leu	Val	Leu	Tyr	Leu	Arg	Glu	Tyr	Met	His	
	65					70					75					80	
20	atg	tct	cca	tca	aaa	tcg	gca	aat	gac	gtc	acc	aat	ttc	atg	ggc	aca	288
	Met	Ser	Pro	Ser	Lys	Ser	Ala	Asn	Asp	Val	Thr	Asn	Phe	Met	Gly	Thr	
					85					90					95		
25	gct	ttt	ctc	cta	gct	ctc	ctc	ggg	ggg	ttc	ctc	tcc	gac	gct	ttc	ttc	336
	Ala	Phe	Leu	Leu	Ala	Leu	Leu	Gly	Gly	Phe	Leu	Ser	Asp	Ala	Phe	Phe	
					100				105					110			
30	tcc	act	ttt	caa	atc	ttc	ctc	atc	tca	gct	tcc	atc	gag	ttt	ttg	gga	384
	Ser	Thr	Phe	Gln	Ile	Phe	Leu	Ile	Ser	Ala	Ser	Ile	Glu	Phe	Leu	Gly	
			115					120					125				
35	ttg	atc	ata	ctc	aca	att	caa	gct	cgg	aca	cca	tcc	tta	atg	cct	cca	432
	Leu	Ile	Ile	Leu	Thr	Ile	Gln	Ala	Arg	Thr	Pro	Ser	Leu	Met	Pro	Pro	
			130				135					140					
40	tcg	tgc	gat	agt	ccc	aca	tgt	gaa	gaa	gtg	agt	ggg	tcg	aag	gca	gcg	480
	Ser	Cys	Asp	Ser	Pro	Thr	Cys	Glu	Glu	Val	Ser	Gly	Ser	Lys	Ala	Ala	
	145					150					155					160	
45	atg	cta	ttc	gtg	ggg	ttg	tac	ctt	gta	gct	ttg	ggg	gtg	gga	ggg	atc	528
	Met	Leu	Phe	Val	Gly	Leu	Tyr	Leu	Val	Ala	Leu	Gly	Val	Gly	Gly	Ile	
					165				170						175		
50	aaa	ggg	tca	tta	gca	tct	cac	gga	gca	gaa	cag	ttt	gat	gag	agt	aca	576
	Lys	Gly	Ser	Leu	Ala	Ser	His	Gly	Ala	Glu	Gln	Phe	Asp	Glu	Ser	Thr	
				180					185					190			
55	cct	aaa	ggg	cgg	aaa	caa	agg	tca	acg	ttc	ttt	aac	tac	ttc	gtg	ttt	624
	Pro	Lys	Gly	Arg	Lys	Gln	Arg	Ser	Thr	Phe	Phe	Asn	Tyr	Phe	Val	Phe	
			195					200					205				
60	tgt	ctt	gct	tgt	gga	gca	cta	gtt	gct	gtc	acg	ttt	gta	gtt	tgg	tta	672
	Cys	Leu	Ala	Cys	Gly	Ala	Leu	Val	Ala	Val	Thr	Phe	Val	Val	Trp	Leu	
			210				215					220					
65	gaa	gac	aac	aaa	gga	tgg	gaa	tgg	gga	ttc	ggg	gtt	tct	acc	att	gct	720
	Glu	Asp	Asn	Lys	Gly	Trp	Glu	Trp	Gly	Phe	Gly	Val	Ser	Thr	Ile	Ala	
	225					230					235					240	
70	atc	ttc	gtc	tct	att	ctc	atc	ttt	ctc	tct	gga	tca	aga	ttt	tat	agg	768
	Ile	Phe	Val	Ser	Ile	Leu	Ile	Phe	Leu	Ser	Gly	Ser	Arg	Phe	Tyr	Arg	
					245					250					255		
75	aac	aag	att	cca	tgt	gga	agt	cct	ctc	acc	aca	atc	ttg	aag	gtt	ctt	816
	Asn	Lys	Ile	Pro	Cys	Gly	Ser	Pro	Leu	Thr	Thr	Ile	Leu	Lys	Val	Leu	
				260					265					270			
80	ctt	gcg	gct	tcg	gtt	aag	tgc	tgc	tcg	agt	gga	agt	tca	agc	aat	gcg	864
	Leu	Ala	Ala	Ser	Val	Lys	Cys	Cys	Ser	Ser	Gly	Ser	Ser	Ser	Asn	Ala	
			275					280						285			

ES 2 364 152 T3

5	gtt gcg agt atg tcc gtg agt ccc tca aat cat tgc gta tca aag ggg 912 Val Ala Ser Met Ser Val Ser Pro Ser Asn His Cys Val Ser Lys Gly 290 295 300
	aaa aaa gaa gtt gaa tca caa gga gaa ttg gaa aag cca cgt caa gaa 960 Lys Lys Glu Val Glu Ser Gln Gly Glu Leu Glu Lys Pro Arg Gln Glu 305 310 315 320
	gaa gct ttg cct cct cgg gca caa cta act aac agt ttg aaa gta tta 1008 Glu Ala Leu Pro Pro Arg Ala Gln Leu Thr Asn Ser Leu Lys Val Leu 325 330 335
	aat gga gct gcg gat gaa aaa cct gtc cat aga ttg tta gaa tgc aca 1056 Asn Gly Ala Ala Asp Glu Lys Pro Val His Arg Leu Leu Glu Cys Thr 340 345 350
	gtc caa caa gtg gaa gat gtg aag att gtc ttg aaa atg ctt ccg ata 1104 Val Gln Gln Val Glu Asp Val Lys Ile Val Leu Lys Met Leu Pro Ile 355 360 365
20	ttt gct tgc act atc atg ctt aac tgt tgc tta gct cag ctc tct aca 1152 Phe Ala Cys Thr Ile Met Leu Asn Cys Cys Leu Ala Gln Leu Ser Thr 370 375 380
	ttc tcc gtc caa caa gct gct tcc atg aac aca aag ata gga agc cta 1200 Phe Ser Val Gln Gln Ala Ala Ser Met Asn Thr Lys Ile Gly Ser Leu 385 390 395 400
	aag ata cct cca gct tcc tta ccg atc ttc ccc gtc gtt ttc ata atg 1248 Lys Ile Pro Pro Ala Ser Leu Pro Ile Phe Pro Val Val Phe Ile Met 405 410 415
	atc ctc gca cct atc tac gac cat ctc att atc cca ttc gct aga aaa 1296 Ile Leu Ala Pro Ile Tyr Asp His Leu Ile Ile Pro Phe Ala Arg Lys 420 425 430
	gct acc aag acc gaa aca gga gtc act cat cta caa aga atc gga gta 1344 Ala Thr Lys Thr Glu Thr Gly Val Thr His Leu Gln Arg Ile Gly Val 435 440 445
40	ggg tta gtt ctt tcg ata tta gca atg gcg gtt gca gct cta gtt gag 1392 Gly Leu Val Leu Ser Ile Leu Ala Met Ala Val Ala Ala Leu Val Glu 450 455 460
	att aaa cga aag gga gtg gct aaa gac tcc ggc ttg ctt gac tcg aaa 1440 Ile Lys Arg Lys Gly Val Ala Lys Asp Ser Gly Leu Leu Asp Ser Lys 465 470 475 480
	gaa acc tta ccc gtg act ttc cta tgg atc gca ctt cag tat ctt ttc 1488 Glu Thr Leu Pro Val Thr Phe Leu Trp Ile Ala Leu Gln Tyr Leu Phe 485 490 495
	cta ggg tca gcc gat cta ttc aca cta gct gga cta cta gag tat ttc 1536 Leu Gly Ser Ala Asp Leu Phe Thr Leu Ala Gly Leu Leu Glu Tyr Phe 500 505 510
	ttc acg gaa gca cct tcc tca atg aga tct ctc gca aca tcg ctc tcg 1584 Phe Thr Glu Ala Pro Ser Ser Met Arg Ser Leu Ala Thr Ser Leu Ser 515 520 525
60	tgg gct tct ttg gct atg ggg tat tac cta agc tca gtg atc gtg tcc 1632 Trp Ala Ser Leu Ala Met Gly Tyr Tyr Leu Ser Ser Val Ile Val Ser 530 535 540
	ata gta aac agc atc aca gga agc tca ggg aac aca cct tgg ctc aga 1680 Ile Val Asn Ser Ile Thr Gly Ser Ser Gly Asn Thr Pro Trp Leu Arg 545 550 555 560

ES 2 364 152 T3

```

gga aaa agc ata aac cgt tac aaa cta gac tac ttc tat tgg cta atg      1728
Gly Lys Ser Ile Asn Arg Tyr Lys Leu Asp Tyr Phe Tyr Trp Leu Met
                    565                    570                    575

5      tgt gtt ctt agt gca gct aac ttc ttg cac tac ctc ttt tgg gca atg      1776
Cys Val Leu Ser Ala Ala Asn Phe Leu His Tyr Leu Phe Trp Ala Met
                    580                    585                    590

10     cgt tac aag tat aga tca act ggt tca aga agc taa      1812
Arg Tyr Lys Tyr Arg Ser Thr Gly Ser Arg Ser
                    595                    600

<210> 94
15     <211> 603
      <212> PRT
      <213> Arabidopsis thaliana

20     <400> 94

Met Lys Tyr Met Ser Phe Ser Gln Ser Leu Val Leu Phe Phe Ala Ile
1      5      10      15

25     Leu Leu Gln Glu Val Glu Glu Glu Val Ser Arg Trp Glu Gly Tyr Ala
                    20      25      30

30     Asp Trp Arg Asn Arg Ala Ala Val Lys Gly Arg His Gly Gly Met Leu
                    35      40      45

35     Ala Ala Ser Phe Val Leu Val Val Glu Ile Leu Glu Asn Leu Ala Tyr
                    50      55      60

40     Leu Ala Asn Ala Ser Asn Leu Val Leu Tyr Leu Arg Glu Tyr Met His
65      70      75      80

45     Met Ser Pro Ser Lys Ser Ala Asn Asp Val Thr Asn Phe Met Gly Thr
                    85      90      95

50     Ala Phe Leu Leu Ala Leu Leu Gly Gly Phe Leu Ser Asp Ala Phe Phe
                    100     105     110

55     Ser Thr Phe Gln Ile Phe Leu Ile Ser Ala Ser Ile Glu Phe Leu Gly
                    115     120     125

60     Leu Ile Ile Leu Thr Ile Gln Ala Arg Thr Pro Ser Leu Met Pro Pro
130     135     140

65     Ser Cys Asp Ser Pro Thr Cys Glu Glu Val Ser Gly Ser Lys Ala Ala
145     150     155     160

70     Met Leu Phe Val Gly Leu Tyr Leu Val Ala Leu Gly Val Gly Gly Ile
                    165     170     175

75     Lys Gly Ser Leu Ala Ser His Gly Ala Glu Gln Phe Asp Glu Ser Thr
180     185     190

```

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	450		455		460												
5	Ile	Lys	Arg	Lys	Gly	Val	Ala	Lys	Asp	Ser	Gly	Leu	Leu	Asp	Ser	Lys	
	465					470					475					480	
10	Glu	Thr	Leu	Pro	Val	Thr	Phe	Leu	Trp	Ile	Ala	Leu	Gln	Tyr	Leu	Phe	
					485					490					495		
15	Leu	Gly	Ser	Ala	Asp	Leu	Phe	Thr	Leu	Ala	Gly	Leu	Leu	Glu	Tyr	Phe	
				500					505					510			
20	Phe	Thr	Glu	Ala	Pro	Ser	Ser	Met	Arg	Ser	Leu	Ala	Thr	Ser	Leu	Ser	
			515					520					525				
25	Trp	Ala	Ser	Leu	Ala	Met	Gly	Tyr	Tyr	Leu	Ser	Ser	Val	Ile	Val	Ser	
	530						535					540					
30	Ile	Val	Asn	Ser	Ile	Thr	Gly	Ser	Ser	Gly	Asn	Thr	Pro	Trp	Leu	Arg	
	545					550					555					560	
35	Gly	Lys	Ser	Ile	Asn	Arg	Tyr	Lys	Leu	Asp	Tyr	Phe	Tyr	Trp	Leu	Met	
					565					570					575		
40	Cys	Val	Leu	Ser	Ala	Ala	Asn	Phe	Leu	His	Tyr	Leu	Phe	Trp	Ala	Met	
				580					585					590			
45	Arg	Tyr	Lys	Tyr	Arg	Ser	Thr	Gly	Ser	Arg	Ser						
			595					600									
	<210> 95																
	<211> 567																
	<212> PRT																
	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>																
	<400> 95																
50	Met	Glu	Val	Glu	Met	His	Gly	Asp	Val	Ser	Lys	Trp	Glu	Gly	Tyr	Ala	
	1				5					10					15		
55	Asp	Trp	Arg	Asn	Lys	Ala	Ala	Leu	Arg	Gly	Arg	His	Gly	Gly	Met	Leu	
				20					25					30			
60	Ala	Ala	Ser	Phe	Val	Leu	Ala	Val	Glu	Ile	Leu	Glu	Asn	Leu	Ala	Phe	
			35					40					45				
65	Leu	Ala	Asn	Ala	Ser	Asn	Leu	Val	Leu	Tyr	Leu	Lys	Asn	Phe	Met	His	
	50						55					60					
70	Met	Ser	Leu	Ala	Arg	Ser	Ser	Ser	Glu	Val	Thr	Thr	Phe	Met	Ala	Thr	
	65					70					75					80	
75	Ala	Phe	Leu	Leu	Ala	Leu	Leu	Gly	Gly	Phe	Leu	Ala	Asp	Ala	Phe	Phe	

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	His	Gln	Ala	Ala	Thr	Met	Asn	Arg	Lys	Ile	Val	Asn	Phe	Asn	Val	Pro	
			355					360					365				
5	Ser	Ala	Ser	Leu	Pro	Val	Phe	Pro	Val	Val	Phe	Met	Leu	Ile	Leu	Ala	
		370					375					380					
10	Pro	Thr	Tyr	Asp	His	Leu	Ile	Ile	Pro	Phe	Ala	Arg	Lys	Val	Thr	Lys	
	385					390					395					400	
15	Ser	Glu	Ile	Gly	Ile	Thr	His	Leu	Gln	Arg	Ile	Gly	Val	Gly	Leu	Val	
					405					410					415		
20	Leu	Ser	Ile	Val	Ala	Met	Ala	Val	Ala	Ala	Leu	Val	Glu	Leu	Lys	Arg	
				420					425					430			
25	Lys	Gln	Val	Ala	Arg	Glu	Ala	Gly	Leu	Leu	Asp	Ser	Glu	Glu	Thr	Leu	
			435					440					445				
30	Pro	Ile	Thr	Phe	Leu	Trp	Ile	Ala	Leu	Gln	Tyr	Leu	Phe	Leu	Gly	Ser	
		450					455					460					
35	Ala	Asp	Leu	Phe	Thr	Leu	Ala	Gly	Leu	Leu	Glu	Phe	Phe	Phe	Thr	Glu	
	465					470					475					480	
40	Ala	Pro	Ser	Ser	Met	Arg	Ser	Leu	Ala	Thr	Ser	Leu	Ser	Trp	Ala	Ser	
					485					490					495		
45	Leu	Ala	Leu	Gly	Tyr	Tyr	Leu	Ser	Ser	Val	Met	Val	Pro	Ile	Val	Asn	
				500					505					510			
50	Arg	Val	Thr	Lys	Ser	Ala	Gly	Gln	Ser	Pro	Trp	Leu	Gly	Glu	Lys	Leu	
			515					520					525				
55	Asn	Arg	Asn	Arg	Leu	Asp	Leu	Phe	Tyr	Trp	Leu	Met	Cys	Val	Leu	Ser	
		530					535					540					
60	Val	Val	Asn	Phe	Leu	His	Tyr	Leu	Phe	Trp	Ala	Lys	Arg	Tyr	Lys	Tyr	
	545					550					555					560	
65	Ile	Ser	Thr	Gly	Ser	Ile	Ser										
					565												
	<210> 96																
	<211> 589																
	<212> PRT																
	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>																
	<400> 96																
	Met	Ser	Thr	Asn	Tyr	Thr	Ala	Ile	Asn	His	Ile	Leu	His	Phe	His	Ser	
	1				5					10					15		

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Val	Val	Thr	Cys	His	Thr	Arg	Asn	Asp	Cys	Asp	Asp	Ser	Val	Thr	Lys	
		290					295					300					
5	Gln	Asn	Cys	Asp	Gly	Asp	Asp	Gly	Phe	Leu	Gly	Ser	Phe	Leu	Gly	Glu	
	305					310					315					320	
10	Val	Val	Arg	Glu	Arg	Glu	Ser	Leu	Pro	Arg	Pro	Leu	Arg	Cys	Thr	Glu	
					325					330					335		
15	Glu	Gln	Val	Lys	Asp	Val	Lys	Ile	Val	Ile	Lys	Ile	Leu	Pro	Ile	Phe	
				340					345					350			
20	Met	Ser	Thr	Ile	Met	Leu	Asn	Cys	Cys	Leu	Ala	Gln	Leu	Ser	Thr	Phe	
			355					360					365				
25	Ser	Val	Gln	Gln	Ala	Ser	Thr	Met	Asn	Thr	Lys	Leu	Gly	Ser	Phe	Thr	
		370					375					380					
30	Val	Pro	Pro	Ala	Ala	Leu	Pro	Val	Phe	Pro	Val	Val	Phe	Met	Met	Ile	
	385					390					395					400	
35	Leu	Ala	Pro	Thr	Tyr	Asn	His	Leu	Leu	Leu	Pro	Leu	Ala	Arg	Lys	Ser	
					405					410					415		
40	Thr	Lys	Thr	Glu	Thr	Gly	Ile	Thr	His	Leu	Gln	Arg	Ile	Gly	Thr	Gly	
				420				425						430			
45	Leu	Val	Leu	Ser	Ile	Val	Ala	Met	Ala	Val	Ala	Ala	Leu	Val	Glu	Thr	
			435					440					445				
50	Lys	Arg	Lys	His	Val	Val	Val	Ser	Cys	Cys	Ser	Asn	Asn	Asn	Ser	Ser	
		450					455					460					
55	Ser	Tyr	Ser	Ser	Ser	Pro	Leu	Pro	Ile	Thr	Phe	Leu	Trp	Val	Ala	Ile	
	465					470					475					480	
60	Gln	Tyr	Val	Phe	Leu	Gly	Ser	Ala	Asp	Leu	Phe	Thr	Leu	Ala	Gly	Met	
					485					490					495		
65	Met	Glu	Phe	Phe	Phe	Thr	Glu	Ala	Pro	Ser	Thr	Met	Arg	Ser	Leu	Ala	
				500					505					510			
70	Thr	Ser	Leu	Ser	Trp	Ala	Ser	Leu	Ala	Met	Gly	Tyr	Tyr	Phe	Ser	Ser	
			515					520					525				
75	Val	Leu	Val	Ser	Ala	Val	Asn	Phe	Val	Thr	Gly	Leu	Asn	His	His	Asn	
		530					535					540					
80	Pro	Trp	Leu	Leu	Gly	Glu	Asn	Leu	Asn	Gln	Tyr	His	Leu	Glu	Arg	Phe	
	545					550					555					560	

ES 2 364 152 T3

Tyr Trp Leu Met Cys Val Leu Ser Gly Ile Asn Phe Leu His Tyr Leu
565 570 575

5 Phe Trp Ala Ser Arg Tyr Val Tyr Arg Ser Asn Gln Gly
580 585

<210> 97

10 <211> 558

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

15 <400> 97

Met Asp Glu Ala Asn Arg Leu Ser Ala Trp Asn Gly Tyr Val Asp Trp
1 5 10 15

20 Arg Ser Arg Pro Ala Leu Arg Gly Arg His Gly Gly Met Leu Ala Ala
20 25 30

25 Ser Phe Val Leu Val Val Glu Val Leu Glu Asn Leu Ala Phe Leu Ala
35 40 45

30 Asn Ala Ser Asn Leu Val Leu Tyr Leu Ser Thr Lys Met Gly Phe Ser
50 55 60

35 Pro Ser Gly Ala Ala Asn Ala Val Thr Ala Phe Met Gly Thr Ala Phe
65 70 75 80

40 Phe Leu Ala Leu Leu Gly Gly Phe Leu Ala Asp Ala Phe Phe Thr Thr
85 90 95

Phe His Ile Tyr Leu Val Ser Ala Ala Ile Glu Phe Leu Gly Leu Met
100 105 110

45 Val Leu Thr Val Gln Ala His Glu His Ser Thr Glu Pro Trp Ser Arg
115 120 125

50 Val Phe Leu Phe Val Gly Leu Tyr Leu Val Ala Leu Gly Val Gly Gly
130 135 140

55 Ile Lys Gly Ser Leu Pro Pro His Gly Ala Glu Gln Phe Asp Glu Glu
145 150 155 160

Thr Ser Ser Gly Arg Arg Gln Arg Ser Phe Phe Phe Asn Tyr Phe Ile
165 170 175

60 Phe Ser Leu Ser Cys Gly Ala Leu Ile Ala Val Thr Val Val Val Trp
180 185 190

65 Leu Glu Asp Asn Lys Gly Trp Ser Tyr Gly Phe Gly Val Ser Thr Ala
195 200 205

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	465		470		475		480
5	Ala Thr Ser Leu Ser Trp Ala Ser Leu Ala Met Gly Tyr Tyr Phe Ser	485		490		495	
10	Ser Val Leu Val Ser Ala Val Asn Phe Val Thr Gly Leu Asn His His	500	505	510			
15	Asn Pro Trp Leu Leu Gly Glu Asn Leu Asn Gln Tyr His Leu Glu Arg	515	520	525			
20	Phe Tyr Trp Leu Met Cys Val Leu Ser Gly Ile Asn Phe Leu His Tyr	530	535	540			
25	Leu Phe Trp Ala Ser Arg Tyr Val Tyr Arg Ser Asn Gln Gly	545	550	555			
30	<210> 98						
	<211> 151						
	<212> PRT						
	<213> <i>Brassica napus</i>						
35	Met Ile Met Ser Leu Glu Ile Gln Gln Met Asp Glu Ala Asn Arg Leu	1	5	10	15		
40	Ser Val Trp Asn Gly Tyr Val Asp Trp Arg Asn Arg Pro Ala Leu Arg	20	25	30			
45	Gly Tyr His Gly Gly Met Leu Ala Ala Ser Phe Val Leu Val Val Glu	35	40	45			
50	Val Leu Glu Asn Leu Ala Phe Leu Ala Asn Ala Ser Asn Leu Val Leu	50	55	60			
55	Tyr Leu Ser Thr Lys Met Gly Phe Ser Pro Ser Gly Ala Ala Asn Ala	65	70	75	80		
60	Val Thr Ala Phe Met Gly Thr Ala Phe Phe Leu Ala Leu Leu Gly Gly	85	90	95			
65	Phe Leu Ala Asp Ala Phe Phe Thr Thr Phe His Ile Tyr Leu Val Ser	100	105	110			
	Ala Ala Ile Glu Phe Leu Gly Leu Leu Val Leu Thr Val Gln Ala His	115	120	125			
	Glu His Ser Thr Glu Pro Trp Ala Arg Val Val Leu Tyr Val Gly Leu	130	135	140			
	Tyr Leu Val Ala Leu Gly Val	145	150				

ES 2 364 152 T3

<210> 99

<211> 420

<212> PRT

5 <213> *Glicina max*

<400> 99

```

10      Met Leu Phe Ala Gly Leu Tyr Leu Val Ala Leu Gly Val Gly Gly Val
      1          5          10          15

      Lys Gly Ser Leu Pro Ser His Gly Ala Glu Gln Phe Asp Asp Asn Thr
15          20          25          30

      Pro Ser Gly Arg Arg Gln Arg Ser Thr Phe Phe Asn Tyr Phe Val Phe
20          35          40          45

      Cys Leu Ser Cys Gly Ala Leu Ile Ala Val Thr Phe Val Val Trp Val
25          50          55          60

      Glu Asp Asn Lys Gly Trp Glu Trp Gly Phe Gly Ile Ser Thr Ile Ala
30      65          70          75          80

      Ile Phe Val Ser Ile Pro Val Phe Leu Ala Gly Ser Thr Thr Tyr Arg
35          85          90          95

      Ser Lys Ile Pro Ser Gly Ser Pro Leu Thr Thr Ile Leu Lys Val Leu
40          100          105          110

      Val Ala Ala Ser Leu Asn Ser Cys Phe Asn Ser Arg Asn Ser Ser Ser
45          115          120          125

      Ala Val Val Asn Met Thr Ser Ser Pro Ser Asn Pro His Ser Gly Ser
50          130          135          140

      Arg Lys Gln Gln Ala Gly Lys Glu Ala Ser Asn Thr Thr Asn Lys Glu
55      145          150          155          160

      Pro Glu Ala Leu Thr Asn Thr Leu Lys Phe Leu Asn Lys Ala Ala Asp
60          165          170          175

      Gln Asn Asn Asn Asn Pro Ile Tyr Ser Ser Ile Glu Cys Thr Val Glu
65          180          185          190

      Gln Val Glu Asp Val Lys Ile Val Leu Lys Val Leu Pro Ile Phe Ala
70          195          200          205

      Cys Thr Ile Met Leu Asn Cys Cys Leu Ala Gln Leu Ser Thr Phe Ser
75          210          215          220

      Val Glu Gln Ala Ala Thr Met Asp Thr Lys Leu Gly Ser Leu Lys Val

```


ES 2 364 152 T3

	225		230		235		240									
5	Pro	Pro	Ala	Ser	Leu	Pro	Ile	Phe	Pro	Val	Leu	Phe	Ile	Met	Val	Leu
					245					250					255	
10	Ala	Pro	Ile	Tyr	Asp	His	Ile	Ile	Thr	Pro	Phe	Ala	Arg	Arg	Val	Thr
				260					265					270		
15	Lys	Thr	Glu	Met	Gly	Ile	Thr	His	Leu	Gln	Arg	Ile	Gly	Ile	Gly	Leu
			275					280					285			
20	Val	Leu	Ser	Ile	Val	Ala	Met	Ala	Val	Ala	Ala	Val	Val	Glu	Val	Lys
		290					295					300				
25	Arg	Lys	Arg	Val	Ala	Met	Glu	Thr	His	Thr	Asn	Asn	Asn	Asn	Ser	Leu
	305					310					315					320
30	Leu	Gly	His	Asp	Ala	Thr	Lys	Pro	Leu	Pro	Ile	Thr	Phe	Leu	Trp	Ile
					325					330					335	
35	Ala	Phe	Gln	Tyr	Leu	Phe	Leu	Gly	Ser	Ala	Asp	Leu	Phe	Thr	Leu	Ala
				340					345					350		
40	Gly	Leu	Leu	Glu	Phe	Phe	Phe	Thr	Glu	Ala	Pro	Ser	Ser	Met	Arg	Ser
			355					360					365			
45	Leu	Ala	Thr	Ser	Leu	Ser	Trp	Ala	Ser	Leu	Ala	Val	Gly	Tyr	Tyr	Leu
		370					375					380				
50	Ser	Ser	Ala	Ile	Val	Ser	Ile	Val	Asn	Ser	Val	Thr	Gly	Asn	Thr	Ser
	385					390					395					400
55	His	Arg	Pro	Trp	Leu	Ser	Gly	Ala	Asn	Leu	Asn	His	Tyr	His	Leu	Glu
					405					410					415	
60	Arg	Phe	Tyr	Trp												
				420												
65	Met	Glu	Asp	Val	Ala	Pro	Gly	Ala	Glu	Pro	Trp	Glu	Gly	Tyr	Val	Asp
	1				5					10					15	
70	Trp	Arg	Asn	Arg	Pro	Ala	Thr	Arg	Ser	Arg	His	Gly	Gly	Met	Ala	Ala
				20					25					30		
75	Ala	Ser	Phe	Val	Leu	Val	Val	Glu	Val	Leu	Glu	Asn	Leu	Ala	Phe	Leu

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Gly	Ala	Ala	Ile	Val	Ala	Ser	Ser	Pro	Ala	Glu	Pro	Ser	Arg	Glu	Leu	
	305					310					315				320		
5	Ala	Phe	Leu	Asn	Arg	Ala	Val	Gln	Cys	Gln	Pro	Pro	Arg	His	Gly	Arg	
				325					330						335		
10	Leu	Ala	Cys	Thr	Val	Gln	Glu	Val	Glu	Asp	Val	Lys	Ile	Val	Leu	Met	
				340					345					350			
15	Val	Leu	Pro	Ile	Phe	Leu	Ser	Thr	Ile	Met	Leu	Asn	Cys	Cys	Leu	Ala	
			355					360					365				
20	Gln	Leu	Ser	Thr	Phe	Ser	Val	Glu	Gln	Ala	Ala	Thr	Met	Asp	Thr	Arg	
	370						375					380					
25	Val	Gly	Ser	Leu	Thr	Val	Pro	Pro	Ala	Ser	Leu	Pro	Val	Phe	Pro	Val	
	385					390					395					400	
30	Thr	Phe	Ile	Ile	Ile	Leu	Ala	Pro	Val	Tyr	Asp	His	Val	Ile	Val	Pro	
				405						410					415		
35	Phe	Ala	Arg	Arg	Val	Thr	Gly	Thr	Glu	Met	Gly	Ile	Thr	His	Leu	Gln	
				420					425					430			
40	Arg	Ile	Gly	Thr	Gly	Leu	Val	Leu	Ser	Ile	Val	Ala	Met	Ala	Val	Ala	
		435						440					445				
45	Ala	Val	Val	Glu	Val	Lys	Arg	Lys	Asn	Val	Ala	Ser	His	Asn	Gly	Met	
	450						455					460					
50	Leu	Asp	Ser	Thr	Lys	Pro	Leu	Pro	Ile	Thr	Phe	Phe	Trp	Ile	Ala	Phe	
	465					470					475					480	
55	Gln	Tyr	Leu	Phe	Leu	Gly	Ser	Ala	Asp	Leu	Phe	Thr	Leu	Ala	Gly	Leu	
				485						490					495		
60	Leu	Glu	Phe	Phe	Phe	Ser	Glu	Ala	Pro	Ala	Arg	Met	Arg	Ser	Leu	Ala	
			500						505					510			
65	Thr	Ser	Leu	Ser	Trp	Ala	Ser	Leu	Ala	Leu	Gly	Tyr	Tyr	Leu	Ser	Ser	
			515					520					525				
70	Val	Leu	Val	Ser	Ile	Val	Asn	Ser	Val	Thr	Gly	Arg	Gly	Asp	His	Arg	
	530						535					540					
75	Pro	Trp	Leu	Gln	Gly	Ala	Ser	Leu	Asn	His	Tyr	His	Leu	Glu	Arg	Phe	
	545					550					555					560	
80	Tyr	Trp	Val	Met	Cys	Val	Leu	Ser	Thr	Ile	Asn	Tyr	Leu	Phe	Phe	Leu	
				565						570					575		

ES 2 364 152 T3

Phe Leu Ala Val Arg Tyr Lys Tyr Arg Asn Ala Gly Val Ile Lys Gly
580 585 590

5 <210> 101

<211> 525

<212> PRT

<213> *Zea mays*

10

<400> 101

15

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

20

Ala Ala Leu Gln Met Phe Ser Ile Pro Ala Ala Phe Leu Ala Asp Ser
20 25 30

Tyr Ile Lys Arg Phe Tyr Thr Val Leu Ile Phe Gly Pro Ile Glu Ile
35 40 45

25

Leu Gly Tyr Ile Leu Leu Ala Val Gln Ala His Val Pro Ser Leu His
50 55 60

30

Pro Pro Pro Cys Val Pro Gly Gln Glu Thr Ser Thr Cys Glu Ser Val
65 70 75 80

35

Ser Gly Ser Asn Leu Ser Leu Leu Leu Leu Gly Leu Tyr Leu Ile Pro
85 90 95

40

Ile Gly Asp Gly Ala Ala Arg Ala Cys Leu Pro Ala Leu Gly Gly Glu
100 105 110

Gln Phe Asp Arg Ser Asp Pro Val Glu Gln Arg Gln Glu Ser Ser Phe
115 120 125

45

Phe Asn Trp Tyr Thr Phe Ser Val Ser Thr Gly Gly Phe Val Gly Leu
130 135 140

50

Val Phe Ile Val Trp Val Glu Asn Ser Lys Gly Trp Asp Val Gly Phe
145 150 155 160

55

Ala Val Cys Ala Leu Ser Val Leu Leu Gly Met Leu Ile Trp Ile Ala
165 170 175

Gly Leu Pro Leu Tyr Arg Asn Gln Leu Pro Thr Ser Ser Pro Ile Thr
180 185 190

60

Arg Ile Leu Gln Val Leu Val Ala Ala Phe Lys Lys Arg Asn Val Ala
195 200 205

65

Leu Pro Ala Asn Pro Ser Glu Leu Lys Gln Ile Ser Gln Gly Asp Ala
210 215 220

ES 2 364 152 T3

	Gly	Ser	Leu	Glu	Ile	Leu	His	Arg	Thr	Asp	Gly	Phe	Arg	Cys	Leu	Asp	
	225					230					235					240	
5																	
	Lys	Ala	Ala	Val	Asp	Thr	Gly	Arg	Thr	Gly	Gly	Trp	Ile	Leu	Cys	Ser	
					245					250					255		
10																	
	Ile	Thr	Gln	Val	Glu	Glu	Thr	Lys	Ile	Ile	Leu	Arg	Met	Val	Pro	Ile	
				260					265					270			
15																	
	Phe	Leu	Ser	Ala	Val	Leu	Gly	Tyr	Ile	Pro	Val	Pro	Leu	Ile	Leu	Asn	
			275					280					285				
20																	
	Phe	Thr	Val	Gln	Gln	Gly	Asn	Thr	Met	Asp	Thr	Arg	Leu	Gly	Ala	Leu	
		290					295					300					
25																	
	His	Ile	Ser	Pro	Ala	Thr	Leu	Phe	Ile	Ile	Pro	Thr	Leu	Phe	Gln	Met	
	305					310					315					320	
30																	
	Val	Ile	Leu	Val	Val	Tyr	Asp	Arg	Phe	Ile	Val	Pro	Phe	Leu	Arg	Arg	
				325						330					335		
35																	
	Ile	Thr	Gly	Tyr	Val	Gly	Gly	Val	Thr	His	Leu	Gln	Arg	Ile	Gly	Ile	
				340					345					350			
40																	
	Gly	Phe	Leu	Ser	Thr	Val	Val	Ala	Thr	Gly	Val	Ala	Ala	Ile	Val	Glu	
			355					360					365				
45																	
	Ala	Ser	Arg	Lys	Lys	Val	Val	Arg	Asp	Ser	Cys	Leu	Val	Asp	Ala	Thr	
		370					375					380					
50																	
	Ala	Gly	Ile	Pro	Ile	Ser	Val	Phe	Trp	Leu	Thr	Ile	Gln	Phe	Phe	Leu	
	385				390						395					400	
55																	
	Leu	Gly	Ile	Val	Asp	Val	Thr	Ser	Phe	Val	Gly	Leu	Leu	Glu	Phe	Phe	
				405						410					415		
60																	
	Tyr	Ser	Glu	Ala	Ser	Thr	Gly	Met	Lys	Ser	Ile	Gly	Ser	Ser	Ile	Phe	
				420					425					430			
65																	
	Tyr	Cys	Ile	Leu	Gly	Val	Ser	Ala	Trp	Leu	Gly	Ser	Leu	Leu	Ile	Gln	
			435					440					445				
70																	
	Val	Ala	Asn	Arg	Val	Thr	Arg	His	Arg	Asp	Gly	Thr	Gly	Gly	Trp	Leu	
		450					455					460					
75																	
	Asp	Gly	Thr	Asn	Leu	Asn	Lys	Gly	Lys	Leu	Glu	Arg	Phe	Tyr	Trp	Leu	
	465				470						475					480	
80																	
	Leu	Ala	Val	Leu	Glu	Leu	Val	Ser	Leu	Leu	Val	Tyr	Val	Phe	Phe	Ala	
				485						490					495		

ES 2 364 152 T3

	Ser	Arg	Tyr	Val	Tyr	Gly	Asn	Asp	Gln	Arg	Val	Val	Ala	Asp	Glu	Asp
				500					505					510		
5	Asn	Asn	Thr	Ala	Pro	Ser	Asp	Gly	Thr	Ile	Asn	Val	Ile			
			515					520					525			
	<210> 102															
10	<211> 614															
	<212> PRT															
	<213> <i>Oryza sativa</i>															
15	<400> 102															
	Met	Glu	Asn	Glu	Glu	Met	Ser	Lys	Val	Thr	Gln	Ala	Asn	Gly	Ile	Asp
	1				5					10					15	
20																
	Ser	Arg	Glu	His	Lys	Gly	Gln	Ser	Ile	Ala	Val	Glu	Ala	Asn	Ser	Lys
				20					25					30		
25																
	Gly	Glu	Thr	Arg	Glu	Val	Val	Glu	Gly	Lys	Val	Asp	Trp	Arg	Gly	Arg
			35					40					45			
30																
	Pro	Ala	Ile	Arg	Gly	Ser	His	Gly	Gly	Val	Ala	Asn	Ser	Phe	Phe	Ile
		50					55					60				
35																
	Leu	Val	Asn	Phe	Gly	Leu	Glu	Asn	Leu	Ala	Ser	Leu	Ser	Leu	Ala	Val
	65					70				75						80
40																
	Asn	Leu	Ile	Ile	Tyr	Phe	Met	Thr	Val	Met	His	Ile	Gly	Leu	Thr	Asp
					85					90					95	
45																
	Gly	Ser	Asn	Leu	Leu	Thr	Asn	Tyr	Met	Gly	Thr	Ser	Tyr	Met	Val	Ala
				100					105					110		
50																
	Val	Leu	Ile	Ser	Val	Phe	Ala	Asp	Thr	Phe	Ile	Gly	Arg	Tyr	Lys	Thr
			115					120					125			
55																
	Val	Ile	Ile	Ser	Ser	Val	Ile	Glu	Leu	Val	Gly	Leu	Leu	Ile	Leu	Thr
		130					135					140				
60																
	Leu	Gln	Ala	His	Ser	Asn	Lys	Leu	Lys	Pro	Pro	Tyr	Cys	Val	Phe	Pro
	145					150				155						160
65																
	Phe	Asp	Pro	Lys	Cys	Glu	Thr	Val	Ser	Gly	Asp	Gly	Arg	Thr	His	Leu
					165					170					175	
70																
	Tyr	Val	Gly	Leu	Tyr	Leu	Val	Ala	Ile	Gly	Ser	Ala	Gly	Ile	Lys	Ala
				180					185					190		
75																
	Ala	Leu	Pro	Ala	His	Cys	Ala	Asp	Gln	Phe	Asp	Glu	Lys	His	Pro	Thr
			195					200					205			

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	465		470		475		480									
5	Ile	Leu	Gly	Lys	Gln	Leu	Pro	Ile	Ser	Cys	Phe	Trp	Leu	Ala	Pro	Gln
				485						490					495	
10	Phe	Thr	Val	Phe	Gly	Val	Ala	Asp	Met	Phe	Thr	Phe	Ile	Gly	Leu	Leu
				500					505					510		
15	Glu	Phe	Phe	Tyr	Ser	Gln	Ala	Pro	Pro	Ala	Leu	Lys	Ser	Met	Ser	Ser
			515					520					525			
20	Ser	Phe	Leu	Trp	Cys	Pro	Met	Ser	Leu	Gly	Tyr	Phe	Leu	Ser	Thr	Ile
		530					535					540				
25	Ile	Val	Lys	Ala	Val	Asn	Ala	Ala	Thr	Arg	Gly	Ala	Thr	Ala	Ser	Gly
	545					550					555					560
30	Gly	Trp	Leu	Ala	Gly	Asn	Asn	Ile	Asn	Arg	Asn	His	Leu	Asp	Leu	Phe
					565					570					575	
35	Phe	Trp	Leu	Leu	Ala	Val	Leu	Ser	Phe	Leu	Asn	Phe	Leu	Asn	Tyr	Leu
				580					585					590		
40	Phe	Trp	Ala	Ser	Trp	Tyr	Lys	Tyr	Lys	Pro	Gln	Gln	Ser	Ala	His	Val
			595					600					605			
45	Pro	Ala	Glu	His	Lys	Val										
		610														
50	<210> 103															
	<211> 557															
	<212> PRT															
	<213> <i>Oryza sativa</i>															
55	<400> 103															
	Met	Val	Val	Gly	Gly	Phe	Val	Asp	Trp	Arg	Gly	Asn	Pro	Ile	Asp	Arg
	1				5					10					15	
60	Lys	Val	His	Gly	Gly	Val	Arg	Ala	Ala	Trp	Phe	Met	Phe	Phe	Leu	Ser
				20				25						30		
65	Val	Val	Thr	Asn	Met	Glu	Asn	Ile	Pro	Asn	Met	Leu	Asn	Leu	Val	Thr
			35					40					45			
70	Tyr	Leu	His	Gly	Thr	Met	His	Met	Gly	Val	Ser	Ser	Ser	Ala	Thr	Thr
	50						55					60				
75	Val	Thr	Asn	Phe	Ile	Gly	Ala	Thr	Ser	Gly	Phe	Ala	Leu	Leu	Gly	Ala
	65					70					75				80	
80	Phe	Leu	Ser	Asp	Ser	Tyr	Ile	Thr	Arg	Ser	Arg	Thr	Ile	Leu	Leu	Phe

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Leu	Gly	Lys	Ile	His	Ile	Ser	Pro	Ala	Thr	Leu	Phe	Val	Ile	Pro	Ile	
			355					360					365				
5	Thr	Phe	Gln	Met	Leu	Met	Leu	Ala	Val	Tyr	Asp	Arg	Phe	Leu	Val	Pro	
		370					375					380					
10	Phe	Met	Arg	Lys	Arg	Thr	Gly	Tyr	Ala	Cys	Gly	Ile	Thr	His	Leu	Gln	
	385					390					395					400	
	Arg	Val	Gly	Leu	Gly	Phe	Ala	Ser	Met	Ile	Val	Ala	Ser	Ala	Val	Ala	
					405					410						415	
15	Ala	Val	Val	Glu	Arg	Lys	Arg	Lys	Glu	Ala	Ala	Val	Gln	Met	Ser	Leu	
				420					425					430			
20	Phe	Trp	Leu	Ala	Pro	Gln	Phe	Phe	Leu	Leu	Gly	Val	Ser	Asp	Val	Thr	
			435					440						445			
25	Ser	Phe	Val	Gly	Leu	Leu	Glu	Phe	Phe	Asn	Ser	Glu	Ala	Pro	Lys	Asp	
		450					455					460					
30	Met	Lys	Ser	Ile	Gly	Thr	Ala	Leu	Phe	Trp	Cys	Glu	Leu	Gly	Leu	Ala	
	465					470					475					480	
	Ser	Trp	Met	Gly	Thr	Phe	Leu	Val	Glu	Leu	Val	Asn	Lys	Ala	Thr	Arg	
					485					490						495	
35	His	Gly	His	His	Arg	Gly	Trp	Leu	Glu	Gly	Thr	Ser	Leu	Asn	Asn	Ser	
				500					505					510			
40	His	Leu	Asp	Leu	Phe	Tyr	Trp	Val	Val	Ala	Val	Ile	Gly	Leu	Leu	Gly	
			515					520					525				
	Phe	Leu	Asn	Tyr	Leu	Tyr	Trp	Ala	Lys	Lys	Tyr	Ala	Tyr	Arg	His	Asn	
		530					535					540					
45	Pro	Arg	Met	Val	Thr	Pro	Ser	Ala	Asp	Gln	Asp	Ser	Pro				
	545					550					555						
50	<210> 104																
	<211> 572																
	<212> PRT																
	<213> <i>Oryza sativa</i>																
55	<400> 104																
60	Met	Ala	Val	Gly	Gly	Phe	Leu	Asp	Trp	Arg	Gly	Asn	Pro	Ile	Asn	Arg	
	1				5					10					15		
65	Lys	Val	His	Gly	Gly	Val	Arg	Ala	Ala	Trp	Phe	Val	Tyr	Phe	Leu	Thr	
				20				25						30			

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Gly	Lys	Asp	Gly	Ala	Trp	Ser	Val	Cys	Ser	Thr	Lys	Asn	Val	Glu	Glu	305	310	315	320
5	Thr	Lys	Ala	Val	Leu	Arg	Val	Leu	Pro	Val	Phe	Ile	Ser	Ser	Leu	Ile	325	330	335	
10	Gly	Tyr	Met	Ser	Asn	Pro	Leu	Leu	Phe	Thr	Phe	Thr	Val	Gln	Gln	Gly	340	345	350	
15	Gly	Leu	Thr	Asn	Thr	Arg	Leu	Gly	Arg	Ile	His	Val	Ser	Pro	Ala	Thr	355	360	365	
20	Leu	Phe	Ile	Ile	Pro	Ser	Ala	Phe	Gln	Met	Ala	Leu	Leu	Pro	Val	Tyr	370	375	380	
25	Asp	Arg	Phe	Leu	Val	Pro	Leu	Leu	Arg	Arg	Arg	Thr	Gly	Tyr	Ala	Ser	385	390	395	400
30	Gly	Val	Thr	His	Leu	Gln	Arg	Val	Gly	Ala	Gly	Phe	Ala	Ala	Val	Ile	405	410	415	
35	Leu	Ala	Ser	Ala	Ile	Ala	Ala	Val	Val	Glu	Arg	Lys	Arg	Arg	Ala	Asp	420	425	430	
40	Ala	Ala	Ala	Ala	Gly	Gln	Met	Ser	Leu	Phe	Trp	Leu	Ala	Pro	Gln	Phe	435	440	445	
45	Phe	Leu	Leu	Gly	Val	Ser	Asp	Val	Thr	Ser	Phe	Pro	Gly	Leu	Leu	Glu	450	455	460	
50	Leu	Phe	Ser	Ser	Glu	Ala	Pro	Arg	Gly	Met	Lys	Ser	Ile	Ala	Ser	Ala	465	470	475	480
55	Leu	Phe	Trp	Cys	Glu	Leu	Gly	Leu	Ser	Ser	Trp	Leu	Ala	Thr	Leu	Leu	485	490	495	
60	Val	Gln	Val	Val	Asn	Arg	Ala	Thr	Arg	Arg	His	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	500	505	510	
65	Gly	Gly	Trp	Leu	Glu	Gly	Ala	Thr	Leu	Asn	Thr	Ser	Arg	Leu	Asp	Leu	515	520	525	
70	Phe	Tyr	Trp	Val	Val	Ala	Ala	Val	Gly	Leu	Leu	Gly	Phe	Val	Asn	Tyr	530	535	540	
75	Leu	Tyr	Trp	Ala	Ser	Arg	Tyr	Ile	Tyr	Arg	Gln	Asp	Pro	Arg	Val	Val	545	550	555	560
80	Val	Asp	Val	Glu	Pro	Ser	Ala	Asp	His	Asp	Ser	Pro					565	570		

ES 2 364 152 T3

<210> 105

<211> 620

<212> PRT

5 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 105

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

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

				500					505					510			
5		Gln	Phe	Pro	Glu	His	Met	Arg	Ser	Ile	Ala	Asn	Ser	Leu	Phe	Ser	Leu
				515					520					525			
10		Ser	Phe	Ala	Gly	Ser	Ser	Tyr	Leu	Ser	Ser	Phe	Leu	Val	Thr	Val	Val
				530				535					540				
15		His	Lys	Phe	Ser	Gly	Gly	His	Asp	Arg	Pro	Asp	Trp	Leu	Asn	Lys	Asn
		545					550					555					560
20		Leu	Asn	Ala	Gly	Lys	Leu	Asp	Tyr	Phe	Tyr	Tyr	Leu	Ile	Ala	Val	Leu
						565					570					575	
25		Gly	Val	Val	Asn	Leu	Val	Tyr	Phe	Trp	Tyr	Cys	Ala	Arg	Gly	Tyr	Arg
					580					585					590		
30		Tyr	Lys	Val	Gly	Leu	Pro	Ile	Glu	Asp	Phe	Glu	Glu	Asp	Lys	Ser	Ser
				595					600					605			
35		Asp	Asp	Val	Glu	Met	Thr	Ser	Lys	Lys	Ser	Met	Lys				
			610					615					620				
	<210>	106															
	<211>	644															
	<212>	PRT															
	<213>	<i>Arabidopsis thaliana</i>															
	<400>	106															
40		Met	Val	Leu	Glu	Asp	Arg	Lys	Asp	Gly	Ser	Ser	Leu	Pro	Gly	Arg	Ser
		1				5					10					15	
45		Gly	Ser	Phe	Ser	Lys	Ser	Ser	Pro	Ser	Glu	Leu	Asp	Val	Val	Asp	Pro
					20					25					30		
50		Tyr	Lys	Arg	Ile	Ser	Ser	Pro	Gly	Ser	Ile	Leu	Asp	Ala	Glu	Lys	Val
				35					40					45			
55		Glu	Lys	Lys	Pro	Gly	Gly	Trp	Arg	Ala	Val	Ser	Phe	Ile	Leu	Gly	Asn
			50					55					60				
60		Glu	Thr	Leu	Glu	Arg	Leu	Gly	Ser	Ile	Gly	Leu	Leu	Ala	Asn	Phe	Met
						70						75					80
65		Val	Tyr	Leu	Thr	Lys	Val	Phe	His	Leu	Glu	Gln	Val	Asp	Ala	Ala	Asn
						85					90					95	
		Val	Ile	Asn	Ile	Trp	Ser	Gly	Phe	Thr	Asn	Leu	Thr	Pro	Leu	Val	Gly
					100					105					110		
		Ala	Tyr	Ile	Ser	Asp	Thr	Tyr	Val	Gly	Arg	Phe	Lys	Thr	Ile	Ala	Phe

ES 2 364 152 T3

[illegible]

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

<210> 107

<211> 600

<212> PRT

5 <213> *Oryza sativa*

<400> 107

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

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Thr	Ala	Leu	Ala	Asn	Ile	Met	Arg	Lys	Val	Thr	Thr	Arg	Asp	Gly	His	
			515					520					525				
5	Ser	Ser	Trp	Leu	Thr	Asp	Asn	Ile	Asn	Leu	Gly	Lys	Leu	Asp	Tyr	Tyr	
			530				535					540					
10	Phe	Tyr	Phe	Ile	Ala	Leu	Met	Gly	Val	Leu	Asn	Leu	Ile	Tyr	Phe	Leu	
	545					550					555					560	
15	Ile	Cys	Ser	His	Phe	Tyr	Gln	Tyr	Lys	Val	Met	Ser	Leu	His	Ser	Glu	
				565						570					575		
20	Glu	Ser	Ile	Lys	Ile	Pro	Thr	Lys	Glu	Glu	Glu	Ala	Thr	Glu	Ile	Asp	
				580					585					590			
25	Ile	Asp	Thr	Asp	Ala	Pro	Ser	Lys									
			595					600									
30	<210>	108															
	<211>	591															
	<212>	PRT															
	<213>	<i>Oryza sativa</i>															
35	<400>	108															
	Met	Glu	Ile	Gly	Ala	Val	Glu	Asn	Gly	Gly	Val	Val	Gly	Gly	Glu	Val	
	1				5					10					15		
40	Val	Ala	Gly	Lys	Arg	Gly	Lys	Thr	Pro	Gln	Ala	Thr	Glu	Thr	Phe	Glu	
				20					25					30			
45	Lys	Val	Ala	Thr	Ile	Gly	Val	Val	Ala	Asn	Leu	Thr	Val	Tyr	Leu	Val	
			35					40					45				
50	Lys	Arg	Phe	Asn	Ile	Gly	Gln	Ile	Glu	Ala	Ala	Asn	Ile	Thr	Asn	Ile	
		50					55					60					
55	Phe	Phe	Gly	Thr	Leu	Asn	Phe	Ala	Pro	Leu	Leu	Gly	Ala	Phe	Ile	Ser	
	65				70					75						80	
60	Asp	Val	Tyr	Leu	Gly	Arg	Phe	Lys	Thr	Leu	Ala	Tyr	Gly	Cys	Phe	Ala	
				85						90					95		
65	Ser	Leu	Leu	Gly	Met	Leu	Gly	Met	Thr	Leu	Tyr	Ala	Ser	Leu	Pro	Ala	
				100					105					110			
70	Leu	Lys	Pro	Pro	Ile	Cys	His	Glu	Lys	Thr	Arg	Leu	Gly	Gly	Gly	Cys	
			115					120					125				
75	Asn	Ser	Pro	Ser	Thr	Leu	Gln	Leu	Ser	Val	Leu	Tyr	Leu	Ser	Leu	Gly	
		130					135					140					

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	405	410	415
5	Ile Gly Leu Ala Ile Ser Pro Ile Ser Met Val Val Ala Gly Leu Val 420 425 430		
10	Glu Arg Lys Arg Arg Asn Ser Ala Leu Ser Asn Gly Gly Ile Ser Pro 435 440 445		
15	Met Ser Val Leu Trp Leu Ala Pro Gln Leu Val Leu Met Gly Ile Ala 450 455 460		
20	Glu Ala Phe Asn Ala Val Gly Gln Ile Glu Phe Tyr Asn Lys Gln Phe 465 470 475 480		
25	Pro Glu Asn Met Gln Thr Leu Ala Gly Ser Leu Phe Phe Cys Thr Ile 485 490 495		
30	Ala Gly Ala Asn Tyr Leu Ser Thr Ala Leu Ala Asn Ile Met Arg Lys 500 505 510		
35	Val Thr Thr Arg Asp Gly His Ser Ser Trp Leu Thr Asp Asn Ile Asn 515 520 525		
40	Leu Gly Lys Leu Asp Tyr Tyr Phe Tyr Phe Ile Ala Leu Met Gly Val 530 535 540		
45	Leu Asn Leu Ile Tyr Phe Leu Ile Cys Ser His Phe Tyr Gln Tyr Lys 545 550 555 560		
50	Val Met Ser Leu His Ser Glu Glu Ser Ile Lys Ile Pro Thr Lys Glu 565 570 575		
55	Glu Glu Ala Thr Glu Ile Asp Ile Asp Thr Asp Ala Pro Ser Lys 580 585 590		
60	Ile Ile Gly Asn Glu Thr Phe Glu Lys Leu Gly Ala Ile Gly Thr Leu 20 25 30		
65	Ala Asn Leu Leu Val Tyr Leu Thr Thr Val Phe Asn Leu Lys Asn Ile 35 40 45		
	Thr Ala Thr Asn Ile Ile Asn Ile Phe Asn Gly Ser Thr Asn Phe Ala		

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Pro	Ile	Trp	Phe	Ala	Ala	Ile	Val	Tyr	His	Leu	Val	Ile	Val	Gln	Met	
					325					330					335		
5	His	Thr	Leu	Leu	Val	Phe	Gln	Ala	Leu	Gln	Ser	Asp	Arg	Arg	Leu	Gly	
				340					345					350			
	Ser	Ser	Asn	Phe	Lys	Ile	Pro	Gly	Ala	Ser	Phe	Asn	Val	Phe	Leu	Met	
			355					360					365				
10	Leu	Ser	Met	Thr	Leu	Trp	Leu	Pro	Ile	Tyr	Asp	Arg	Ile	Val	Val	Pro	
		370					375					380					
15	Phe	Ser	Leu	Ser	Asn	Thr	Pro	Glu	Lys	Ser	Gly	Gly	Ile	Thr	Leu	Leu	
	385					390					395					400	
	Gln	Ser	Asp	Gly	Ile	Gly	Ile	Phe	Ile	Ser	Ala	Leu	Cys	Met	Ile	Val	
20					405					410					415		
	Ala	Gly	Val	Val	Glu	Glu	His	Arg	Arg	Ser	Leu	Ala	Leu	Thr	Asn	Pro	
25				420				425						430			
	Ile	Gly	Val	Gln	Pro	Arg	Lys	Gly	Ala	Ile	Ser	Ser	Met	Ser	Gly	Leu	
		435					440						445				
30	Trp	Leu	Ile	Pro	Gln	Leu	Ser	Leu	Ala	Gly	Leu	Ser	Glu	Ser	Phe	Thr	
	450						455					460					
	Ala	Val	Gly	Gln	Val	Glu	Phe	Tyr	Tyr	Lys	Gln	Phe	Pro	Glu	Asn	Met	
35	465					470				475						480	
	Arg	Ser	Ile	Ala	Gly	Ser	Leu	Phe	Tyr	Cys	Gly	Met	Ala	Gly	Ser	Ser	
				485						490					495		
40	Tyr	Leu	Ser	Thr	Leu	Leu	Ile	Ser	Ile	Val	His	Asn	Thr	Ser	Glu	Lys	
			500					505					510				
45	Ser	Ala	Thr	Gly	Asn	Trp	Leu	Pro	Glu	Asp	Leu	Asn	Lys	Gly	Arg	Leu	
		515					520					525					
	Asp	Phe	Phe	Tyr	Tyr	Met	Ile	Ala	Ala	Leu	Glu	Ile	Met	Asn	Leu	Gly	
50	530					535						540					
	Tyr	Phe	Leu	Leu	Cys	Ser	Lys	Trp	Tyr	Lys	Tyr	Lys	Glu	Ile	Gly	Ser	
55	545					550				555					560		
	Ser	Asp	Leu	Glu	Leu	Asn	Gln	Val	Pro	Lys	His	Ile					
				565				570									
60	<210> 110																
	<211> 572																
	<212> PRT																
65	<213> <i>Glicina max</i>																

ES 2 364 152 T3

<400> 110

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

ES 2 364 152 T3

	Ser	Leu	Phe	Asn	Tyr	Val	Pro	Pro	Met	Ser	Val	Asn	Ser	Lys	Leu	Pro	
				260					265					270			
5																	
	Tyr	Thr	Phe	Gln	Phe	Arg	Leu	Leu	Asp	Lys	Ala	Ala	Ile	Val	Thr	Pro	
			275					280					285				
10																	
	Lys	Asp	Lys	Ile	Lys	Pro	Asp	Gly	Ser	Ala	Ala	Asp	Pro	Trp	Asn	Leu	
		290					295					300					
15																	
	Cys	Ser	Ile	Gln	Gln	Val	Glu	Glu	Ala	Lys	Cys	Val	Val	Arg	Val	Leu	
	305					310					315					320	
20																	
	Pro	Ile	Trp	Phe	Ala	Ala	Ile	Val	Tyr	His	Leu	Val	Ile	Val	Gln	Met	
				325						330					335		
25																	
	His	Thr	Leu	Leu	Val	Phe	Gln	Ala	Leu	Gln	Ser	Asp	Arg	Arg	Leu	Gly	
			340						345					350			
30																	
	Ser	Ser	Asn	Phe	Lys	Ile	Pro	Gly	Ala	Ser	Phe	Asn	Val	Phe	Leu	Met	
			355					360					365				
35																	
	Leu	Ser	Met	Thr	Leu	Trp	Leu	Pro	Ile	Tyr	Asp	Arg	Ile	Val	Val	Pro	
		370					375					380					
40																	
	Phe	Ser	Leu	Ser	Asn	Thr	Pro	Glu	Lys	Ser	Gly	Gly	Ile	Thr	Leu	Leu	
	385				390						395					400	
45																	
	Gln	Ser	Asp	Gly	Ile	Gly	Ile	Phe	Ile	Ser	Ala	Leu	Cys	Met	Ile	Val	
				405						410					415		
50																	
	Ala	Gly	Val	Val	Glu	Glu	His	Arg	Arg	Ser	Leu	Ala	Leu	Thr	Asn	Pro	
			420						425					430			
55																	
	Ile	Gly	Val	Gln	Pro	Arg	Lys	Gly	Ala	Ile	Ser	Ser	Met	Ser	Gly	Leu	
		435					440						445				
60																	
	Trp	Leu	Ile	Pro	Gln	Leu	Ser	Leu	Ala	Gly	Leu	Ser	Glu	Ser	Phe	Thr	
		450				455						460					
65																	
	Ala	Val	Gly	Gln	Val	Glu	Phe	Tyr	Tyr	Lys	Gln	Phe	Pro	Glu	Asn	Met	
	465				470						475					480	
70																	
	Arg	Ser	Ile	Ala	Gly	Ser	Leu	Phe	Tyr	Cys	Gly	Met	Ala	Gly	Ser	Ser	
				485						490					495		
75																	
	Tyr	Leu	Ser	Thr	Leu	Leu	Ile	Ser	Ile	Val	His	Asn	Thr	Ser	Glu	Lys	
				500					505					510			
80																	
	Ser	Ala	Thr	Gly	Asn	Trp	Leu	Pro	Glu	Asp	Leu	Asn	Lys	Gly	Arg	Leu	
			515				520						525				

ES 2 364 152 T3

```

    Asp Phe Phe Tyr Tyr Met Ile Ala Ala Leu Glu Ile Met Asn Leu Gly
      530                      535                      540

5
    Tyr Phe Leu Leu Cys Ser Lys Trp Tyr Lys Tyr Lys Glu Ile Gly Ser
    545                      550                      555                      560

10
    Ser Asp Leu Glu Leu Asn Gln Val Pro Lys His Ile
                      565                      570

<210> 111
<211> 604
15 <212> PRT
    <213> Cucumis sativus

20 <400> 111
    Met Glu Ile Glu Ser Leu Arg Val Ser Val Asp Glu Lys Val Leu Lys
      1                      5                      10                      15

25
    Asp Glu Glu Lys Asn Glu Lys Glu Glu Met Lys Met Lys Met Lys Met
      20                      25                      30

30
    Lys Arg Lys Leu Gly Gly Val Lys Thr Met Pro Phe Ile Leu Gly Asn
      35                      40                      45

35
    Glu Val Cys Asp Arg Phe Ala Ser Ser Gly Phe His Ser Asn Ile Ile
      50                      55                      60

40
    Thr Tyr Leu Thr Gln Asp Leu Asn Met Pro Leu Val Pro Ala Ser Asn
      65                      70                      75                      80

45
    Ile Leu Thr Asn Phe Ala Ala Thr Ser Ser Phe Thr Ser Leu Ile Gly
      85                      90                      95

50
    Ala Leu Ile Ala Asp Ser Phe Ala Gly Arg Phe Trp Thr Ile Thr Ile
      100                      105                      110

55
    Ala Ser Ile Ile Tyr Glu Leu Gly Met Val Thr Ile Thr Ile Ser Ala
      115                      120                      125

60
    Ile Leu Pro Ser Leu His Pro Pro Pro Cys Pro Thr Gln Ile Asn Cys
      130                      135                      140

65
    Thr Gln Ala Ser Gly Thr Gln Leu Met Ile Leu Tyr Leu Ala Leu Leu
      145                      150                      155                      160

70
    Leu Thr Ser Leu Gly Ala Gly Gly Ile Arg Pro Cys Val Val Ala Phe
      165                      170                      175

75
    Ala Ala Asp Gln Phe Asp Met Thr Lys Val Gly Ile Ala Gly Arg Thr
      180                      185                      190

```

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	450		455		460	
5	Pro Phe Ser Val Phe Trp Leu Val Pro Gln Phe Trp Leu His Gly Ile	465	470	475	480	
10	Ala Glu Val Phe Met Ser Val Gly His Leu Glu Phe Met Tyr Asp Gln	485	490	495		
15	Ser Pro Glu Ser Leu Arg Ser Thr Ala Thr Ala Leu Tyr Trp Leu Ala	500	505	510		
20	Ile Ser Val Gly Asn Tyr Ile Gly Thr Leu Met Val Tyr Leu Val His	515	520	525		
25	Lys Tyr Thr Gly Glu Glu His Asn Trp Leu Pro Asp Arg Asn Leu Asn	530	535	540		
30	Arg Gly Arg Leu Glu Tyr Tyr Tyr Trp Leu Val Ser Gly Ile Gln Val	545	550	555	560	
35	Met Asn Leu Val Tyr Tyr Val Ile Cys Ala Trp Phe Tyr Thr Tyr Lys	565	570	575		
40	Pro Leu Glu Glu Glu Lys Ile Asn Ile Glu Asn Lys Asp Gly Asp Gln	580	585	590		
45	Glu Trp Glu Arg Cys Glu Asp Thr Ile Lys Ile Ala	595	600			
	<210> 112					
	<211> 574					
	<212> PRT					
	<213> <i>Oryza sativa</i>					
	<400> 112					
50	Met Ala Leu Asn Ala Phe Ala Gln Pro Val Thr Asn Tyr Leu Ile Lys	1	5	10	15	
55	Arg Tyr Asn Met Lys Pro Asn Ala Ala Thr Asn Val Ala Asn Val Phe	20	25	30		
60	Ser Gly Thr Tyr Ser Phe Ser Pro Val Val Gly Ala Phe Val Ala Asp	35	40	45		
65	Ala Phe Cys Gly Arg Phe Trp Thr Leu Leu Phe Gly Ala Val Ala Ala	50	55	60		
70	Phe Val Ala Met Val Val Ile Thr Leu Ser Ala Thr Ile Arg Gln Leu	65	70	75	80	
75	Lys Pro Pro Ser Cys Ser Asp Val Ala Arg Gln Ala Gly Thr Cys Ala					

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Asp	Leu	His	Met	Gly	Arg	Ser	Phe	Thr	Ile	Pro	Pro	Val	Ser	Ile	Ala	
			355					360					365				
5	Ala	Ile	Phe	Asn	Leu	Ala	Ile	Val	Leu	Phe	Val	Pro	Val	Tyr	Asp	Leu	
		370					375					380					
10	Leu	Val	Ala	Arg	Ala	Ala	Gln	Arg	Val	Thr	Gly	Val	Glu	Gly	Gly	Ile	
	385					390					395					400	
15	Thr	Val	Leu	Gln	Arg	Gln	Gly	Val	Gly	Val	Ala	Ile	Ser	Gly	Leu	Ala	
				405					410						415		
20	Leu	Val	Val	Ala	Ala	Val	Val	Glu	Arg	Arg	Arg	Arg	Ala	Ser	Ala	Leu	
				420					425					430			
25	Asp	Asn	Gly	Gly	Thr	Ser	Pro	Met	Ser	Val	Phe	Val	Leu	Ala	Pro	Gln	
			435					440					445				
30	Leu	Ala	Val	Met	Gly	Val	Ser	Ala	Ala	Phe	Asn	Met	Ile	Gly	Gln	Met	
		450					455					460					
35	Glu	Phe	Tyr	Asn	Thr	Glu	Phe	Pro	Asp	Gln	Met	Arg	Thr	Leu	Ala	Asn	
	465					470					475					480	
40	Ala	Ala	Phe	Tyr	Cys	Ala	Gln	Gly	Ala	Ser	Ser	Tyr	Leu	Ala	Thr	Ala	
					485					490					495		
45	Val	Val	Asn	Val	Val	Asn	Ala	Arg	Thr	Arg	Arg	Arg	Gly	Gly	Gly	Gln	
				500					505					510			
50	Gly	Trp	Val	Ala	Glu	Asp	Ile	Asn	Ala	Gly	Lys	Leu	Asp	His	Phe	Tyr	
		515						520					525				
55	Tyr	Ala	Met	Ala	Val	Phe	Ala	Ala	Ile	Asn	Phe	Val	Tyr	Phe	Leu	Val	
		530					535					540					
60	Cys	Ser	Tyr	Phe	Tyr	Arg	Tyr	Lys	Gly	Glu	Pro	Glu	Val	Ala	Ala	Glu	
	545					550					555					560	
65	Asp	Ser	Pro	Pro	Ala	Thr	Pro	Glu	Ala	Val	Leu	Leu	Lys	His			
					565					570							
	<210> 113																
	<211> 580																
	<212> PRT																
	<213> <i>Zea mays</i>																
	<400> 113																
65	Met	Gly	Glu	Val	Glu	Asp	Met	Tyr	Thr	Gln	Asp	Gly	Thr	Val	Asp	Met	
	1				5					10					15		

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Glu	His	Ser	Glu	Gln	Leu	Ala	Cys	Leu	Asp	Arg	Ala	Ala	Val	Val	Thr	
	290						295					300					
5	Ala	Glu	Asp	Gly	Ala	Glu	Ala	Ser	Pro	Trp	Arg	Leu	Cys	Ser	Val	Thr	
	305					310					315					320	
10	Gln	Val	Glu	Glu	Leu	Lys	Ser	Val	Ile	Arg	Leu	Leu	Pro	Ile	Trp	Ala	
					325					330					335		
15	Ser	Gly	Ile	Val	Phe	Ala	Ala	Val	Tyr	Ser	Gln	Met	Ser	Thr	Met	Phe	
				340					345					350			
20	Val	Leu	Gln	Gly	Asn	Thr	Leu	Asp	Gln	Ser	Met	Gly	Pro	Arg	Phe	Lys	
			355					360					365				
25	Ile	Pro	Ser	Ala	Thr	Leu	Ser	Met	Val	Asp	Thr	Ile	Ser	Val	Ile	Val	
	370						375					380					
30	Trp	Val	Pro	Val	Tyr	Asp	Arg	Ala	Ile	Val	Pro	Leu	Val	Arg	Ser	Tyr	
	385					390					395					400	
35	Thr	Gly	Arg	Pro	Arg	Gly	Phe	Thr	Gln	Leu	Gln	Arg	Met	Gly	Ile	Gly	
					405					410					415		
40	Leu	Val	Val	Ser	Ile	Phe	Ser	Met	Val	Ala	Ala	Gly	Val	Leu	Asp	Ile	
				420					425					430			
45	Val	Arg	Leu	Arg	Ala	Ile	Ala	Arg	His	Gly	Leu	Tyr	Gly	Glu	Asp	Asp	
			435					440					445				
50	Ile	Val	Pro	Ile	Ser	Ile	Phe	Trp	Gln	Ile	Pro	Gln	Tyr	Phe	Ile	Ile	
	450						455					460					
55	Gly	Cys	Ala	Glu	Val	Phe	Thr	Phe	Val	Gly	Gln	Leu	Glu	Phe	Phe	Tyr	
	465					470					475					480	
60	Asp	Gln	Ala	Pro	Asp	Ala	Met	Arg	Ser	Met	Cys	Ser	Ala	Leu	Ser	Leu	
					485					490					495		
65	Thr	Thr	Val	Ala	Leu	Gly	Asn	Tyr	Leu	Ser	Thr	Val	Leu	Val	Thr	Ile	
				500					505					510			
70	Val	Thr	His	Ile	Thr	Thr	Arg	His	Gly	Arg	Ile	Gly	Trp	Ile	Pro	Glu	
			515					520					525				
75	Asn	Leu	Asn	Arg	Gly	His	Leu	Asp	Tyr	Phe	Phe	Trp	Leu	Leu	Ala	Val	
	530						535					540					
80	Leu	Ser	Leu	Leu	Asn	Phe	Leu	Ala	Tyr	Leu	Val	Ile	Ala	Ser	Trp	Tyr	
	545					550					555					560	

ES 2 364 152 T3

	Lys	Tyr	Lys	Lys	Thr	Ala	Asp	Asp	Tyr	Pro	Gly	Ala	Lys	Gly	Glu	His
					565					570					575	
5	Gly	Thr	Glu	His												
				580												
<210>	114															
10	<211>	580														
	<212>	PRT														
	<213>	<i>Zea mays</i>														
15	<400>	114														
	Met	Gly	Glu	Val	Glu	Asp	Met	Tyr	Thr	Gln	Asp	Gly	Thr	Val	Asp	Met
	1				5					10					15	
20	Lys	Gly	Asn	Pro	Ala	Val	Lys	Lys	Gly	Thr	Gly	Asn	Trp	Arg	Ala	Cys
				20					25					30		
25	Pro	Tyr	Ile	Leu	Ala	Asn	Glu	Cys	Cys	Glu	Arg	Leu	Ala	Tyr	Tyr	Gly
			35					40					45			
30	Met	Ser	Thr	Asn	Leu	Val	Asn	Tyr	Met	Lys	Thr	Arg	Leu	Gly	Gln	Val
		50					55					60				
35	Asn	Ser	Val	Ala	Ser	Asn	Asn	Val	Thr	Asn	Trp	Gln	Gly	Thr	Cys	Tyr
	65					70				75						80
40	Ile	Thr	Pro	Leu	Ile	Gly	Ala	Phe	Phe	Ala	Asp	Ala	Tyr	Met	Gly	Arg
					85					90					95	
45	Phe	Trp	Thr	Ile	Ala	Ile	Phe	Met	Ile	Ile	Tyr	Ile	Phe	Gly	Leu	Ala
				100					105					110		
50	Leu	Leu	Thr	Met	Ala	Ser	Ser	Val	Lys	Gly	Leu	Val	Pro	Thr	Ser	Cys
			115					120					125			
55	Gly	Asp	Lys	Asp	Val	Cys	His	Pro	Thr	Asp	Ala	Gln	Ala	Ala	Val	Val
		130					135					140				
60	Phe	Val	Ala	Leu	Tyr	Leu	Ile	Ala	Leu	Gly	Thr	Gly	Gly	Ile	Lys	Pro
	145					150					155				160	
65	Cys	Val	Ser	Ser	Phe	Gly	Ala	Asp	Gln	Phe	Asp	Glu	Asn	Asp	Glu	Arg
					165					170					175	
70	Glu	Lys	Lys	Ser	Lys	Ser	Ser	Phe	Phe	Asn	Trp	Phe	Tyr	Phe	Ser	Ile
				180					185					190		
75	Asn	Ile	Gly	Ala	Leu	Val	Ala	Ser	Thr	Val	Leu	Val	Tyr	Val	Gln	Thr
			195					200					205			

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	465		470		475		480									
5	Asp	Gln	Ala	Pro	Asp	Ala	Met	Arg	Ser	Met	Cys	Ser	Ala	Leu	Ser	Leu
					485					490					495	
10	Thr	Thr	Val	Ala	Leu	Gly	Asn	Tyr	Leu	Ser	Thr	Val	Leu	Val	Thr	Ile
				500					505					510		
15	Val	Thr	His	Ile	Thr	Thr	Arg	His	Gly	Arg	Ile	Gly	Trp	Ile	Pro	Glu
			515					520					525			
20	Asn	Leu	Asn	Arg	Gly	His	Leu	Asp	Tyr	Phe	Phe	Trp	Leu	Leu	Ala	Val
		530						535				540				
25	Leu	Ser	Leu	Leu	Asn	Phe	Leu	Ala	Tyr	Leu	Val	Ile	Ala	Ser	Trp	Tyr
	545					550					555					560
30	Lys	Tyr	Lys	Lys	Thr	Ala	Asp	Asp	Tyr	Pro	Gly	Ala	Lys	Gly	Glu	His
					565					570					575	
35	Gly	Thr	Glu	His												
				580												
40	<210>	115														
	<211>	580														
	<212>	PRT														
	<213>	<i>Lycopersicon esculentum</i>														
45	<400>	115														
	Met	Lys	Tyr	Leu	Phe	Ser	Lys	Asn	Gly	Gly	Leu	Leu	Glu	Asp	Glu	Asn
	1				5					10					15	
50	Ser	Gly	Leu	Tyr	Thr	Arg	Asp	Gly	Ser	Val	Asp	Ile	Lys	Gly	Asn	Pro
				20					25					30		
55	Val	Leu	Lys	Ser	Glu	Thr	Gly	Asn	Trp	Arg	Ala	Cys	Pro	Phe	Ile	Leu
			35					40					45			
60	Gly	Asn	Glu	Cys	Cys	Glu	Arg	Leu	Ala	Tyr	Tyr	Gly	Ile	Ala	Ala	Asn
		50					55					60				
65	Leu	Val	Thr	Tyr	Leu	Thr	Lys	Lys	Leu	His	Glu	Gly	Asn	Val	Ser	Ala
	65					70					75					80
70	Ala	Arg	Asn	Val	Thr	Thr	Trp	Gln	Gly	Thr	Cys	Tyr	Ile	Thr	Pro	Leu
					85					90					95	
75	Ile	Gly	Ala	Val	Leu	Ala	Asp	Ala	Tyr	Trp	Gly	Arg	Tyr	Trp	Thr	Ile
				100					105					110		
80	Ala	Thr	Phe	Ser	Thr	Ile	Tyr	Phe	Ile	Gly	Met	Cys	Thr	Leu	Thr	Leu

ES 2 364 152 T3

[illegible]

ES 2 364 152 T3

	Ala	Ala	Ser	Leu	Ser	Thr	Phe	Asp	Thr	Ile	Ser	Val	Ile	Val	Trp	Val	385	390	395	400
5	Pro	Val	Tyr	Asp	Lys	Ile	Leu	Val	Pro	Ile	Ala	Arg	Arg	Phe	Thr	Gly	405	410	415	
10	Ile	Glu	Arg	Gly	Phe	Ser	Glu	Leu	Gln	Arg	Met	Gly	Ile	Gly	Leu	Phe	420	425	430	
15	Leu	Ser	Met	Leu	Cys	Met	Ser	Ala	Ala	Ala	Ile	Val	Glu	Ile	Arg	Arg	435	440	445	
20	Leu	Gln	Leu	Ala	Arg	Asp	Leu	Gly	Leu	Val	Asp	Glu	Ala	Val	Ser	Val	450	455	460	
25	Pro	Leu	Ser	Ile	Phe	Trp	Gln	Ile	Pro	Gln	Tyr	Phe	Ile	Leu	Gly	Ala	465	470	475	480
30	Ala	Glu	Ile	Phe	Thr	Phe	Ile	Gly	Gln	Leu	Glu	Phe	Phe	Tyr	Asp	Gln	485	490	495	
35	Ser	Pro	Asp	Ala	Met	Arg	Ser	Leu	Cys	Ser	Ala	Leu	Ser	Leu	Leu	Thr	500	505	510	
40	Thr	Ala	Leu	Gly	Asn	Tyr	Leu	Ser	Ser	Phe	Ile	Leu	Thr	Val	Val	Thr	515	520	525	
45	Ser	Ile	Thr	Thr	Arg	Gly	Gly	Lys	Pro	Gly	Trp	Ile	Pro	Asn	Asn	Leu	530	535	540	
50	Asn	Gly	Gly	His	Leu	Asp	Tyr	Phe	Phe	Trp	Leu	Leu	Ala	Ala	Leu	Ser	545	550	555	560
55	Phe	Phe	Asn	Leu	Val	Ile	Tyr	Val	Phe	Leu	Cys	Gln	Met	Tyr	Lys	Ser	565	570	575	
60	Lys	Lys	Ala	Ser													580			
	<210> 116																			
	<211> 579																			
	<212> PRT																			
	<213> <i>Hordeum vulgare</i>																			
	<400> 116																			
65	Met	Gly	Glu	Val	Ala	Ala	Glu	Met	Tyr	Thr	Gln	Asp	Gly	Thr	Val	Asp	1	5	10	15
	Ile	Lys	Gly	Asn	Pro	Ala	Leu	Lys	Lys	Asp	Thr	Gly	Asn	Trp	Arg	Ala	20	25	30	

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Asp	Arg	Thr	Ala	Ala	Ala	Pro	Ser	Pro	Trp	Arg	Leu	Cys	Thr	Val	Thr	305	310	315	320
5	Gln	Val	Glu	Glu	Leu	Lys	Ser	Val	Val	Arg	Leu	Leu	Pro	Ile	Trp	Ala	325	330	335	
10	Ser	Gly	Ile	Val	Phe	Ala	Thr	Val	Tyr	Gly	Gln	Met	Ser	Thr	Met	Phe	340	345	350	
15	Val	Leu	Gln	Gly	Asn	Thr	Leu	Asp	Ala	Ser	Met	Gly	Pro	Lys	Phe	Lys	355	360	365	
20	Ile	Pro	Ser	Ala	Ser	Leu	Ser	Ile	Phe	Asp	Thr	Leu	Ser	Val	Ile	Ala	370	375	380	
25	Trp	Val	Pro	Val	Tyr	Asp	Arg	Ile	Leu	Val	Pro	Ala	Val	Arg	Ser	Val	385	390	395	400
30	Thr	Gly	Arg	Pro	Arg	Gly	Phe	Thr	Gln	Leu	Gln	Arg	Met	Gly	Ile	Gly	405	410	415	
35	Leu	Val	Val	Ser	Met	Phe	Ala	Met	Leu	Ala	Ala	Gly	Val	Leu	Glu	Leu	420	425	430	
40	Val	Arg	Leu	Arg	Thr	Ile	Ala	Gln	His	Gly	Leu	Tyr	Gly	Glu	Lys	Asp	435	440	445	
45	Val	Val	Pro	Ile	Ser	Ile	Phe	Trp	Gln	Val	Pro	Gln	Tyr	Phe	Ile	Ile	450	455	460	
50	Gly	Cys	Ala	Glu	Val	Phe	Thr	Phe	Val	Gly	Gln	Leu	Glu	Phe	Phe	Tyr	465	470	475	480
55	Asp	Gln	Ala	Pro	Asp	Ala	Met	Arg	Ser	Met	Cys	Ser	Ala	Leu	Ser	Leu	485	490	495	
60	Thr	Thr	Val	Ala	Leu	Gly	Asn	Tyr	Leu	Ser	Thr	Leu	Leu	Val	Thr	Val	500	505	510	
65	Val	Ala	Lys	Val	Thr	Thr	Arg	Gly	Gly	Lys	Gln	Gly	Trp	Ile	Pro	Asp	515	520	525	
70	Asn	Leu	Asn	Val	Gly	His	Leu	Asp	Tyr	Phe	Phe	Trp	Leu	Leu	Ala	Ala	530	535	540	
75	Leu	Ser	Leu	Val	Asn	Phe	Ala	Val	Tyr	Leu	Leu	Ile	Ala	Ser	Trp	Tyr	545	550	555	560
80	Thr	Tyr	Lys	Lys	Thr	Ala	Gly	Asp	Ser	Pro	Asp	Ala	Lys	Gly	Gly	Ala	565	570	575	
85	His	Asp	Gln																	

ES 2 364 152 T3

<210> 117

<211> 584

<212> PRT

5 <213> *Vicia faba*

<400> 117

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

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

					485					490					495				
5		Phe	Phe	Tyr	Asp	Gln	Ser	Pro	Asp	Ala	Met	Arg	Ser	Leu	Cys	Ser	Ala		
					500					505					510				
10		Leu	Ser	Leu	Leu	Thr	Thr	Ser	Leu	Gly	Asn	Tyr	Leu	Ser	Ser	Phe	Ile		
				515					520					525					
15		Leu	Thr	Val	Val	Leu	Tyr	Phe	Thr	Thr	Arg	Gly	Gly	Asn	Pro	Gly	Trp		
			530					535					540						
20		Ile	Pro	Asp	Asn	Leu	Asn	Lys	Gly	His	Leu	Asp	Tyr	Phe	Ser	Gly	Leu		
		545					550					555					560		
25		Ala	Gly	Leu	Ser	Phe	Leu	Asn	Met	Phe	Leu	Tyr	Ile	Val	Ala	Ala	Lys		
						565					570					575			
30		Arg	Tyr	Lys	Ser	Lys	Lys	Ala	Ser										
					580														
		<210> 118																	
		<211> 594																	
		<212> PRT																	
		<213> <i>Prunus persica</i>																	
		<400> 118																	
35		Met	Ser	Asn	Cys	Thr	Leu	Pro	Glu	Thr	Gln	Glu	Lys	Leu	Thr	Leu	Pro		
		1				5					10					15			
40		Asp	Ala	Trp	Asp	Phe	Lys	Gly	Arg	Pro	Ala	Glu	Arg	Ser	Lys	Thr	Gly		
					20					25					30				
45		Gly	Trp	Thr	Ala	Ala	Ala	Met	Ile	Leu	Gly	Gly	Glu	Ala	Cys	Glu	Arg		
				35					40					45					
50		Leu	Thr	Thr	Leu	Gly	Ile	Ala	Val	Asn	Leu	Val	Thr	Tyr	Leu	Thr	Gly		
			50				55						60						
55		Thr	Met	His	Leu	Gly	Asn	Ala	Thr	Ser	Ala	Asn	Thr	Val	Thr	Asn	Phe		
		65					70					75					80		
60		Leu	Gly	Thr	Ser	Phe	Met	Leu	Cys	Leu	Leu	Gly	Gly	Phe	Val	Ala	Asp		
						85					90					95			
65		Thr	Phe	Leu	Gly	Arg	Tyr	Leu	Thr	Ile	Ala	Ile	Phe	Ala	Thr	Phe	Gln		
					100					105					110				
70		Ala	Met	Gly	Val	Thr	Ile	Leu	Thr	Ile	Ser	Thr	Thr	Ile	Pro	Ser	Leu		
				115					120					125					
75		Arg	Pro	Pro	Lys	Cys	Thr	Ser	Asp	Thr	Ser	Thr	Pro	Cys	Ile	Pro	Ala		

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Pro Val Tyr Asp Arg Leu Ile Val Pro Met Ala Arg Lys Ala Leu Glu	405	410	415
5	Asn Pro Gln Gly Leu Thr Pro Leu Gln Arg Met Gly Val Gly Leu Val	420	425	430
10	Phe Ser Ile Phe Ala Met Val Ala Ala Ala Leu Thr Glu Val Lys Arg	435	440	445
15	Leu Asn Ile Ala Arg Ser His Gly Leu Thr Asp Asn Pro Thr Ala Glu	450	455	460
20	Ile Pro Leu Ser Val Phe Trp Leu Val Pro Gln Phe Phe Phe Val Gly	465	470	475
25	Ser Gly Glu Ala Phe Thr Tyr Ile Gly Gln Leu Asp Phe Phe Leu Arg	485	490	495
30	Glu Cys Pro Lys Gly Met Lys Thr Met Ser Thr Gly Leu Phe Leu Ser	500	505	510
35	Thr Leu Ser Leu Gly Phe Phe Phe Ser Ser Leu Leu Val Thr Ile Val	515	520	525
40	His Lys Thr Thr Gly His Asn Lys Pro Trp Leu Ala Asp Asn Leu Asn	530	535	540
45	Gln Gly Lys Leu Tyr Asp Phe Tyr Trp Leu Leu Ala Leu Leu Ser Ala	545	550	555
50	Leu Asn Leu Val Ile Tyr Leu Phe Cys Ala Asn Trp Tyr Val Tyr Lys	565	570	575
55	Asp Lys Arg Leu Ala Glu Glu Gly Ile Glu Leu Glu Glu Pro Glu Ile	580	585	590
60	Cys Ala			
	<210> 119			
	<211> 567			
	<212> PRT			
	<213> <i>Solanum demissum</i>			
	<400> 119			
65	Met Glu Ser Ser Val Arg Gly Val Asp Glu Ala Ala Ile Met Lys Ser	1	5	10
	Ser Thr Arg Arg Lys Asn Gly Gly Trp Ile Thr Phe Pro Phe Ile Ile	20	25	30

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Pro	Asp	Gly	Ser	Ile	Ser	Asn	Pro	Trp	Arg	Leu	Cys	Thr	Val	Gln	Gln
	305					310					315					320
5	Val	Glu	Asp	Leu	Lys	Ser	Leu	Ile	Lys	Leu	Phe	Pro	Leu	Trp	Ala	Ser
					325					330					335	
10	Gly	Phe	Leu	Ile	Ser	Thr	Gln	Leu	Val	Ile	Gln	Ala	Ser	Leu	Leu	Ile
				340					345					350		
15	Leu	Gln	Ala	Leu	Lys	Met	Asp	Arg	His	Met	Gly	Pro	His	Phe	Glu	Ile
			355					360					365			
20	Pro	Ala	Gly	Ser	Met	Leu	Val	Phe	Ile	Leu	Leu	Phe	Thr	Cys	Ile	Ala
		370					375					380				
25	Ile	Phe	Ile	Ile	Asp	Arg	Phe	Leu	Tyr	Pro	Phe	Leu	Ala	Lys	Tyr	Thr
	385					390					395					400
30	Thr	Phe	Ser	Leu	Thr	Pro	Leu	Gln	Arg	Ile	Gly	Ile	Gly	His	Val	Ile
					405					410					415	
35	Thr	Ile	Ile	Ser	Met	Ala	Val	Ser	Ala	Leu	Val	Glu	Ser	Arg	Arg	Leu
				420					425					430		
40	Arg	Ile	Val	Arg	Thr	His	Lys	Leu	Gln	Gly	Gln	Asn	Asn	Asp	Ile	Val
			435					440					445			
45	Pro	Met	Ser	Val	Phe	Trp	Leu	Val	Pro	Gln	Leu	Ala	Leu	Asn	Gly	Ile
		450					455					460				
50	Gly	Glu	Gly	Phe	His	Phe	Pro	Gly	His	Ile	Ala	Phe	Tyr	Tyr	Gln	Glu
	465					470					475					480
55	Phe	Pro	Thr	Ser	Leu	Lys	Ser	Thr	Ser	Thr	Ala	Met	Val	Ala	Leu	Phe
					485					490					495	
60	Ile	Gly	Ile	Ala	His	Tyr	Leu	Gly	Asn	Thr	Leu	Ile	Asp	Leu	Val	Gln
				500					505					510		
65	Arg	Leu	Ser	Gly	Trp	Leu	Pro	Asp	Asn	Ile	Asn	Lys	Gly	Arg	Thr	Asp
			515					520					525			
70	Asn	Val	Phe	Trp	Leu	Cys	Cys	Ile	Leu	Gly	Ser	Ala	Asn	Phe	Met	Tyr
		530					535					540				
75	Tyr	Val	Val	Cys	Ala	Ser	Leu	Tyr	Lys	Tyr	Lys	Asn	Val	Asp	Asn	Lys
	545					550					555					560
80	Ser	Asn	Ile	Ala	Pro	Ser	Lys									
					565											

ES 2 364 152 T3

<210> 120
 <211> 559
 <212> PRT
 5 <213> *Prunus dulcis*

 <220>
 <221> carac_divers
 10 <222> (46)..(46)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 <400> 120
 15

 Met Gly Ser Leu Glu Glu Glu Arg Ser Leu Leu Glu Asp Gly Leu Ile
 1 5 10 15

 20 Gln Asp Glu Thr Asn Gly Leu Tyr Thr Gly Asp Gly Ser Val Asp Ile
 20 25 30

 25 Thr Gly Lys Pro Val Leu Lys Gln Ser Thr Gly Asn Trp Xaa Ala Cys
 35 40 45

 30 Pro Phe Ile Leu Gly Thr Glu Cys Cys Glu Arg Leu Ala Phe Tyr Gly
 50 55 60

 35 Ile Ser Thr Asn Leu Val Thr Tyr Leu Thr His Lys Leu His Glu Gly
 65 70 75 80

 Asn Val Ser Ala Ala Arg Asn Val Thr Thr Trp Ser Gly Thr Cys Tyr
 85 90 95

 40 Leu Thr Pro Leu Ile Gly Ala Val Leu Ala Asp Ala Tyr Trp Gly Arg
 100 105 110

 45 Tyr Trp Thr Ile Ala Ile Phe Ser Thr Ile Tyr Phe Ile Gly Met Cys
 115 120 125

 50 Thr Leu Thr Ile Ser Ala Ser Val Pro Ala Leu Lys Pro Pro Gln Cys
 130 135 140

 55 Val Asp Ser Val Cys Pro Ser Ala Ser Pro Ala Gln Tyr Gly Val Phe
 145 150 155 160

 Phe Phe Gly Leu Tyr Leu Ile Ala Leu Arg Thr Gly Gly Ile Lys Pro
 165 170 175

 60 Cys Val Ser Ser Phe Gly Ala Asp Gln Phe Asp Asp Thr Asp Ser Arg
 180 185 190

 65 Glu Arg Val Lys Lys Gly Ser Phe Phe Asn Trp Phe Tyr Phe Ser Ile
 195 200 205

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Leu	Leu	Gly	Ala	Ala	Glu	Ile	Phe	Thr	Phe	Ile	Gly	Gln	Leu	Glu	Phe	
					485					490					495		
5	Phe	Tyr	Asp	Gln	Ser	Ser	Asp	Ala	Met	Arg	Ser	Leu	Cys	Ser	Ala	Leu	
				500					505					510			
10	Ser	Ala	Ser	Asp	Asp	Phe	Ile	Gly	Lys	Leu	Ser	Glu	Leu	Phe	Asp	Ser	
			515					520					525				
15	Asp	Ile	Val	Thr	Tyr	Phe	Thr	Thr	Gln	Gly	Gly	Lys	Ala	Gly	Trp	Ile	
		530					535					540					
20	Pro	Asp	Asn	Leu	Asn	Asp	Gly	His	Leu	Asp	Tyr	Phe	Ser	Gly	Ser		
	545					550					555						
	<210> 121																
	<211> 228																
	<212> PRT																
25	<213> <i>Glicina max</i>																
	<400> 121																
30	Arg	Ala	Leu	Asn	Lys	Ala	Ala	Leu	Ile	Met	Glu	Gly	Glu	Leu	Asn	Pro	
	1				5					10					15		
35	Asp	Gly	Thr	Arg	Val	Asn	Gln	Trp	Arg	Leu	Val	Ser	Ile	Gln	Gln	Val	
				20					25					30			
40	Glu	Glu	Val	Lys	Cys	Leu	Ala	Arg	Ile	Ile	Pro	Ile	Trp	Ala	Ala	Gly	
			35					40					45				
45	Ile	Leu	Ser	Leu	Ile	Ser	Met	Thr	Gln	Gln	Gly	Thr	Phe	Thr	Val	Ser	
		50					55					60					
50	Gln	Ala	Met	Lys	Met	Asn	Arg	His	Leu	Gly	Ala	Lys	Phe	Gln	Ile	Pro	
	65					70					75					80	
55	Ala	Gly	Ser	Val	Ser	Val	Ile	Ser	Leu	Ile	Thr	Ile	Ala	Leu	Trp	Leu	
					85					90					95		
60	Pro	Phe	Tyr	Asp	Arg	Ile	Leu	Val	Pro	Lys	Leu	Arg	Lys	Met	Thr	Lys	
				100					105					110			
65	His	Glu	Gly	Gly	Ile	Thr	Leu	Leu	Leu	Arg	Ile	Gly	Ile	Gly	Met	Val	
			115					120					125				
70	Phe	Ser	Ile	Leu	Ser	Met	Val	Val	Ala	Gly	Tyr	Val	Glu	Lys	Val	Arg	
		130					135					140					
75	Arg	Asp	Ser	Ala	Asn	Ser	Asn	Pro	Thr	Pro	Leu	Gly	Ile	Ala	Pro	Met	
	145					150					155					160	

ES 2 364 152 T3

	Ser Val Leu Trp Leu Ala Pro His Leu Ile Leu Met Gly Leu Cys Glu	
	165	170 175
5	Ala Phe Asn Ile Ile Gly Gln Ile Glu Phe Phe Asn Arg Gln Phe Pro	
	180	185 190
10	Glu His Met Arg Ser Ile Gly Asn Ser Phe Phe Ser Cys Ser Phe Gly	
	195	200 205
15	Val Ser Ser Tyr Val Ser Ser Ile Ile Gly Gln His Ser Ser Ser Phe	
	210	215 220
	Tyr Lys Asn Thr	
	225	
20	<210> 122	
	<211> 594	
	<212> PRT	
25	<213> <i>Nicotiana plumbaginifolia</i>	
	<400> 122	
30	Met Ala Leu Pro Glu Thr Gln Gln Asp Ser Lys Ala Leu Pro Asp Ala	
	1	5 10 15
35	Trp Asp Tyr Lys Gly Arg Pro Ala Leu Arg Ser Ser Ser Gly Gly Trp	
	20	25 30
40	Ala Ser Gly Ala Met Ile Leu Gly Val Glu Ala Val Glu Arg Leu Thr	
	35	40 45
45	Thr Leu Gly Ile Ala Val Asn Leu Val Thr Tyr Leu Thr Gly Thr Met	
	50	55 60
50	His Leu Gly Asn Ala Thr Ala Ala Asn Asn Val Thr Asn Phe Leu Gly	
	65	70 75 80
55	Thr Ser Phe Met Leu Thr Leu Leu Gly Gly Phe Val Ala Asp Thr Phe	
	85	90 95
60	Leu Gly Arg Tyr Leu Thr Ile Gly Ile Phe Ala Thr Val Gln Ala Met	
	100	105 110
65	Gly Val Thr Ile Leu Thr Ile Ser Thr Ile Ile Pro Ser Leu Arg Pro	
	115	120 125
70	Pro Lys Cys Glu Gln Val Gly Ser Ser Ser Cys Ile Pro Ala Asn Ser	
	130	135 140
75	Lys Gln Leu Met Val Leu Tyr Ile Ala Leu Tyr Met Thr Ala Leu Gly	
	145	150 155 160

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Ser	Ile	Leu	Ala	Met	Ile	Ala	Ala	Ala	Leu	Thr	Glu	Val	Lys	Arg	Leu	
			435					440					445				
5	Lys	Val	Ala	His	Leu	His	Gly	Leu	Thr	Asn	Asp	Ala	Asn	Ala	Thr	Ile	
		450					455					460					
10	Pro	Leu	Thr	Val	Phe	Trp	Leu	Val	Pro	Gln	Phe	Leu	Leu	Val	Gly	Ala	
	465					470					475					480	
15	Gly	Glu	Ala	Phe	Thr	Tyr	Ile	Gly	Gln	Leu	Asp	Phe	Phe	Leu	Arg	Glu	
					485					490					495		
20	Cys	Pro	Lys	Gly	Met	Lys	Thr	Met	Ser	Thr	Gly	Leu	Phe	Leu	Ser	Thr	
				500					505					510			
25	Leu	Ala	Leu	Gly	Phe	Phe	Val	Ser	Ser	Ile	Leu	Val	Thr	Ile	Val	His	
			515					520					525				
30	Val	Val	Thr	Gly	Thr	Lys	Asn	Pro	Trp	Leu	Ala	Asp	Asn	Leu	Asn	Gln	
		530					535					540					
35	Gly	Arg	Leu	Tyr	Asp	Phe	Tyr	Trp	Leu	Leu	Ala	Ile	Leu	Ser	Val	Phe	
	545					550					555					560	
40	Asn	Leu	Met	Phe	Phe	Leu	Tyr	Ser	Ser	Arg	Lys	Tyr	Val	Tyr	Lys	Glu	
					565					570					575		
45	Lys	Arg	Leu	Ala	Glu	Met	Gly	Ile	Glu	Leu	Glu	Asp	Asp	Gly	Pro	Val	
				580					585					590			
50	Cys	His															
55	Met	Glu	Ala	Gly	Ala	Ala	Asp	Glu	Glu	Thr	Pro	Leu	Ile	Gln	Gln	Leu	
	1				5					10				15			
60	Pro	Pro	Glu	Glu	Gln	Cys	Ser	Gln	Tyr	Thr	Cys	Asp	Gly	Thr	Val	Asn	
				20					25					30			
65	Ser	Asp	Lys	Lys	Pro	Ala	Leu	Lys	Gln	Ser	Thr	Gly	His	Trp	Arg	Ala	
		35						40					45				
70	Cys	Phe	Phe	Ile	Leu	Gly	Ala	Gln	Phe	Ala	Glu	Thr	Leu	Cys	Phe	Phe	
		50					55					60					

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

[illegible]

ES 2 364 152 T3

<222> (3)..(3)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza
 5 <220>
 <221> carac_divers
 <222> (21)..(21)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza
 10 <220>
 <221> carac_divers
 <222> (328)..(328)
 15 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza
 <220>
 <221> carac_divers
 20 <222> (342)..(342)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza
 <220>
 <221> carac_divers
 25 <222> (398)..(398)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza
 30 <220>
 <221> carac_divers
 <222> (400)..(400)
 35 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza
 <220>
 <221> carac_divers
 40 <222> (432)..(432)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza
 <400> 124
 45 Met Ser Xaa Gly Ala Gly Gly Ile Arg Pro Cys Ser Met Ala Phe Gly
 1 5 10 15
 Ala Asp Gln Phe Xaa Arg His Pro Lys Glu Arg Arg Ser Arg Ile Leu
 50 20 25 30
 Gln Ala Tyr Phe Asn Ala Tyr Tyr Ala Ser Ile Gly Val Ala Phe Thr
 35 40 45
 55 Val Ala Val Thr Val Ile Val Tyr Val Gln Asp Asn Val Gly Trp Lys
 50 55 60
 Ala Gly Phe Ala Val Pro Met Gly Leu Met Met Leu Ser Ala Val Ser
 60 65 70 75 80
 Phe Leu Leu Gly Ser Arg Leu Tyr Val Lys Glu Lys Gly Ser Lys Gln
 85 90 95
 65 Met Phe Ala Gly Ile Gly Ala Ala Leu Val Ala Ala Ile Arg Asn Tyr
 100 105 110

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Asn	Ala	Gly	His	Tyr	Asp	Tyr	Tyr	Tyr	Trp	Leu	Leu	Ala	Xaa	Leu	Xaa	385	390	395	400
5	Ala	Val	Asn	Phe	Val	Tyr	Phe	Leu	Trp	Cys	Ala	Trp	Lys	Tyr	Gly	Glu	405	410	415	
10	Glu	Gly	Lys	Asn	Val	Glu	Trp	Glu	Glu	Gly	Glu	Gly	Glu	Arg	Glu	Xaa	420	425	430	
15	Pro	Met	Ala														435			
	<210> 125																			
	<211> 583																			
	<212> PRT																			
20	<213> <i>Alnus glutinosa</i>																			
	<400> 125																			
25	Met	Glu	Glu	Ser	Lys	Lys	Ser	Cys	Phe	Ile	Ser	Asp	Arg	Val	Asp	Tyr	1	5	10	15
30	Lys	Gly	Asp	Pro	Ala	Asp	Arg	Asn	Thr	Thr	Gly	Gly	Trp	Val	Pro	Ala	20	25	30	
35	Ala	Leu	Ile	Val	Gly	Ile	Glu	Val	Ser	Glu	Arg	Leu	Ser	Thr	Met	Gly	35	40	45	
40	Ile	Ile	Val	Asn	Leu	Val	Thr	Tyr	Leu	Lys	Gly	Thr	Met	His	Gln	Ser	50	55	60	
45	Ser	Thr	Thr	Ser	Ser	Asn	Ser	Thr	Ser	Asn	Val	Ala	Gly	Thr	Ser	Phe	65	70	75	80
50	Leu	Leu	Cys	Leu	Leu	Gly	Gly	Ile	Leu	Ala	Asp	Ser	Phe	Leu	Gly	Arg	85	90	95	
55	Tyr	Trp	Thr	Ile	Ala	Ile	Phe	Ser	Val	Ile	His	Ala	Leu	Gly	Thr	Cys	100	105	110	
60	Met	Leu	Ala	Ile	Ser	Ala	Ala	Leu	Pro	Glu	Leu	Arg	Pro	Ser	Glu	Cys	115	120	125	
65	Asn	Leu	His	His	Asp	Phe	Pro	Leu	Lys	Cys	Glu	Glu	Pro	Ser	Ser	Phe	130	135	140	
70	Gln	Met	Gly	Ile	Leu	Tyr	Thr	Ala	Leu	Tyr	Ser	Met	Ala	Leu	Gly	Val	145	150	155	160
75	Gly	Gly	Ile	Lys	Ser	Ser	Val	Ser	Gly	Phe	Gly	Thr	Glu	Gln	Phe	Asp	165	170	175	

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Ser	Thr	Ser	Ser	Thr	Leu	Pro	Ile	Thr	Ala	Phe	Tyr	Leu	Leu	Pro	Gln	
	450						455					460					
5	Phe	Val	Leu	Val	Gly	Ile	Gly	Asp	Gly	Phe	Met	Tyr	Thr	Gly	Gln	Leu	
	465					470				475						480	
10	Asp	Phe	Phe	Ile	Thr	Glu	Ser	Pro	Lys	Gly	Met	Lys	Ala	Ile	Ser	Thr	
					485					490					495		
15	Gly	Leu	Phe	Leu	Thr	Thr	Asn	Ala	Leu	Gly	Phe	Phe	Gly	Ser	Ser	Ile	
				500					505					510			
20	Leu	Val	Thr	Ile	Ile	Thr	Lys	Val	Thr	Gly	Glu	Glu	Val	Gly	His	Gly	
			515				520							525			
25	Trp	Leu	Leu	Ser	Arg	Ile	Asn	Asp	Ser	Arg	Leu	Asp	Phe	Phe	Tyr	Ala	
	530					535						540					
30	Leu	Leu	Ala	Val	Leu	Gly	Phe	Ile	Asn	Leu	Val	Phe	Tyr	Leu	Val	Leu	
	545				550					555						560	
35	Ala	Ser	Trp	Tyr	Lys	Pro	Ser	Pro	Val	Glu	Asp	Ala	His	Gln	Lys	Ile	
					565					570					575		
40	Asn	Gly	Lys	Glu	Glu	Lys	Val										
				580													
	<210>	126															
	<211>	275															
	<212>	PRT															
	<213>	<i>Xerophyta humilis</i>															
	<400>	126															
45	Ser	Leu	Gln	Gln	Val	Glu	Glu	Val	Lys	Cys	Leu	Leu	Arg	Ile	Ile	Pro	
	1				5					10				15			
50	Ile	Trp	Ser	Thr	Gly	Ile	Ile	Tyr	Tyr	Ile	Ala	Ile	Val	Gln	Gln	Gln	
				20					25				30				
55	Thr	Tyr	Val	Val	Tyr	Glu	Ala	Leu	Gln	Ser	Asp	Arg	His	Leu	Gly	Asn	
			35				40					45					
60	Thr	Ser	Phe	Leu	Ile	Pro	Ala	Ala	Ser	Tyr	Ser	Val	Phe	Ala	Met	Leu	
	50				55					60							
65	Ala	Met	Thr	Ile	Trp	Ile	Pro	Ile	Tyr	Asp	Arg	Ile	Ile	Val	Pro	Arg	
	65				70				75				80				
70	Phe	Arg	Lys	Leu	Thr	Gly	Gln	Glu	Gly	Gly	Ile	Thr	Leu	Leu	Gln	Arg	
				85				90					95				

ES 2 364 152 T3

	Met	Gly	Val	Gly	Leu	Val	Leu	Ala	Ile	Ile	Gly	Met	Val	Val	Ser	Ala	
				100					105					110			
5	Ile	Ile	Glu	Ile	Gln	Arg	Arg	Ser	Tyr	Ala	Ile	His	Arg	Pro	Thr	Ile	
			115					120					125				
10	Gly	Thr	Ala	Pro	Ser	Gly	Gly	Ala	Ile	Ser	Ser	Met	Ser	Ser	Leu	Trp	
		130					135					140					
15	Leu	Ile	Pro	Gln	Leu	Val	Ile	Leu	Gly	Leu	Ser	Glu	Ala	Phe	Asn	Ala	
	145					150					155					160	
20	Ile	Gly	Gln	Ile	Glu	Phe	Tyr	Tyr	Lys	Gln	Phe	Pro	Glu	Asn	Met	Arg	
					165					170					175		
25	Ser	Val	Ala	Gly	Ser	Leu	Phe	Phe	Leu	Gly	Ala	Ala	Thr	Ala	Asn	Tyr	
				180					185					190			
30	Leu	Ser	Gly	Ala	Leu	Ile	Gly	Val	Val	His	Arg	Val	Thr	Gly	Arg	Gly	
			195					200					205				
35	Ala	Gly	Lys	Asn	Trp	Leu	Ala	Gly	Asp	Leu	Asn	Lys	Gly	Arg	Leu	Asp	
	210						215					220					
40	Tyr	Tyr	Tyr	Phe	Phe	Ile	Ala	Gly	Leu	Gly	Val	Leu	Asn	Leu	Val	Tyr	
	225					230					235				240		
45	Phe	Met	Met	Cys	Ala	Lys	Trp	Tyr	Lys	Tyr	Lys	Glu	Ala	Asp	Ser	Ser	
					245					250					255		
50	Ser	Asn	Ala	Gly	Glu	Ile	Ser	Leu	Val	Asp	Glu	Ile	Ile	Ser	Lys	Glu	
				260					265					270			
55	Pro	Leu	Val														
			275														
	<210> 127																
	<211> 297																
	<212> PRT																
	<213> <i>Nepenthes alata</i>																
60	Asp	Gln	Phe	Asp	Asp	Thr	Asp	Pro	Arg	Glu	Lys	Ile	Lys	Lys	Gly	Ser	
	1				5					10					15		
65	Phe	Phe	Asn	Trp	Phe	Tyr	Phe	Ser	Val	Asn	Ile	Gly	Ala	Leu	Ile	Ser	
				20				25						30			
70	Ser	Ser	Leu	Ile	Val	Trp	Val	Gln	Glu	Asn	Leu	Gly	Trp	Ala	Leu	Gly	
			35					40					45				

ES 2 364 152 T3

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

<210> 128

<211> 84

65 <212> PRT

<213> *Brassica napus*

ES 2 364 152 T3

<400> 128

5 Arg Val Leu Val Pro Phe Leu Arg Arg Ile Thr Gly His Lys Ser Gly
1 5 10 15

10 Ile Thr Leu Leu Gln Arg Ile Gly Thr Gly Ile Val Phe Ala Ile Leu
20 25 30

15 Ser Met Ile Val Ala Gly Leu Val Glu Arg Lys Arg Arg Ile Arg Ser
35 40 45

Ile Asn Ala Gly Asp Ala Thr Gly Met Thr Pro Met Ser Val Phe Trp
50 55 60

20 Leu Ser Pro Gln Leu Ile Leu Met Gly Leu Cys Glu Ala Phe Asn Ile
65 70 75 80

Ile Gly Thr Asp

25

<210> 129

<211> 201

<212> PRT

30

<213> *Cicer arietinum*

<400> 129

35

Ala Ile Leu Ile Thr Leu Ala Val Asn Asp Arg Ile Ile Met Pro Leu
1 5 10 15

40

Trp Lys Lys Met Lys Gly Lys Pro Gly Phe Thr Asn Leu Gln Arg Ile
20 25 30

45

Ala Ile Gly Leu Leu Leu Ser Thr Phe Gly Met Ala Ala Ala Ser Leu
35 40 45

50

Cys Glu Val Lys Arg Leu Ser Val Ala Lys Ser Val Lys Gly Asn Gln
50 55 60

55

Ala Thr Ile Pro Ile Ser Val Phe Leu Leu Ile Pro Gln Phe Phe Leu
65 70 75 80

60

Ile Thr Gln Ser Pro Lys Gly Met Lys Thr Met Ser Thr Gly Leu Phe
100 105 110

65

Leu Thr Thr Leu Ser Leu Gly Phe Phe Ile Ser Ser Phe Leu Val Ser
115 120 125

ES 2 364 152 T3

	Val	Val	Lys	Lys	Val	Thr	Gly	Thr	Arg	Asp	Gly	Gln	Gly	Trp	Leu	Ala	
	130						135					140					
5	Asp	Asn	Ile	Asn	Lys	Gly	Arg	Leu	Asp	Leu	Phe	Phe	Ala	Leu	Leu	Thr	
	145					150					155					160	
10	Ile	Leu	Ser	Phe	Ile	Asn	Phe	Val	Ala	Phe	Leu	Val	Cys	Ala	Phe	Trp	
					165					170					175		
15	Tyr	Lys	Pro	Lys	Lys	Ala	Lys	Pro	Ser	Met	Gln	Met	Gly	Ala	Ile	Asn	
				180					185					190			
20	Asn	Gly	Ser	Ser	Val	Glu	Glu	Lys	Cys								
			195					200									
	<210> 130																
	<211> 159																
	<212> PRT																
25	<213> <i>Plantago major</i>																
	<400> 130																
30	Met	Leu	Gln	Arg	Ile	Gly	Ile	Gly	Leu	Val	Leu	Ser	Leu	Val	Ser	Ile	
	1				5					10					15		
35	Val	Tyr	Ala	Ala	Ile	Ile	Glu	Arg	Lys	Arg	Leu	Ala	Thr	Ala	Met	Glu	
				20					25					30			
40	Tyr	Gly	Leu	Val	Asp	Met	Pro	Lys	Ala	Val	Val	Pro	Met	Ser	Ala	Leu	
			35					40					45				
45	Trp	Leu	Ala	Pro	Gln	Tyr	Val	Leu	Ser	Gly	Val	Ala	Asp	Val	Phe	Thr	
	50						55					60					
50	Met	Ile	Gly	Leu	Gln	Glu	Phe	Phe	Tyr	Asp	Gln	Ile	Pro	Cys	Asp	Leu	
	65					70					75					80	
55	Lys	Ser	Ile	Gly	Leu	Ala	Met	Tyr	Leu	Ser	Ile	Leu	Gly	Ile	Gly	Ser	
					85					90					95		
60	Leu	Leu	Ser	Ser	Phe	Leu	Val	Ser	Phe	Ile	Gln	Asn	Met	Thr	Lys	Gly	
				100					105					110			
65	His	Gly	Gln	Asp	Gly	Trp	Phe	Ala	Asp	Asn	Leu	Asn	Lys	Ala	His	Leu	
			115					120					125				
70	Asp	Tyr	Phe	Tyr	Trp	Leu	Leu	Ala	Gly	Leu	Ser	Thr	Val	Gly	Leu	Ser	
		130					135					140					
75	Ala	Tyr	Ile	Tyr	Phe	Ala	Arg	Ser	Tyr	Val	Tyr	Arg	Arg	Lys	Val		
	145					150					155						

ES 2 364 152 T3

<210> 131
 <211> 138
 <212> PRT
 5 <213> *Glicina max*

 <220>
 <221> carac_divers
 10 <222> (92)..(92)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 <220>
 15 <221> carac_divers
 <222> (130)..(130)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 20 <400> 131

 Leu Asp Gln Val Tyr Ala Ser Asn Ile Leu Asn Ile Trp Ser Gly Ile
 1 5 10 15
 25
 Thr Asn Phe Phe Pro Leu Ile Gly Ala Phe Ile Ser Asp Ala Tyr Val
 20 25 30
 30
 Gly Arg Phe Trp Thr Ile Ala Phe Ala Ser Phe Ser Ser Leu Leu Gly
 35 40 45
 35
 Met Val Val Val Thr Leu Thr Ala Trp Leu Pro Glu Leu His Pro Pro
 50 55 60
 40
 Pro Cys Thr Pro Gln Gln Gln Ala Leu Asn Gln Cys Val Lys Ala Ser
 65 70 75 80
 45
 Thr Pro His Leu Gly Ala Leu Leu Thr Gly Leu Xaa Leu Leu Ser Val
 85 90 95
 50
 Gly Ser Ala Gly Ile Arg Pro Cys Ser Ile Pro Phe Gly Val Asp Gln
 100 105 110
 55
 Phe Asp Pro Ser Thr Asp Glu Gly Lys Lys Gly Ile Asn Ser Phe Phe
 115 120 125
 60
 Asn Xaa Tyr Tyr Thr Thr Phe Thr Val Val
 130 135
 <210> 132
 <211> 112
 60 <212> PRT
 <213> *Fragaria x ananassa*

 <400> 132
 65
 Glu Ile Thr Gly His Pro Ala Gly Ile Thr Gln Leu Gln Arg Val Gly
 1 5 10 15

ES 2 364 152 T3

Ile Gly Leu Val Leu Ser Ala Val Ser Met Ala Val Ala Gly Ile Val
 20 25 30
 5 Glu Val Lys Arg Arg Asn Tyr Ala Leu Ala His Ser Pro Leu Ala Pro
 35 40 45
 10 Gly Gly Ile Ser Leu Phe Trp Leu Ser Phe Gln Tyr Ala Ile Phe Gly
 50 55 60
 15 Ile Ala Asp Met Phe Thr Leu Val Gly Leu Leu Glu Phe Phe Tyr Arg
 65 70 75 80
 20 Glu Ala Pro Ala Gly Met Lys Ser Leu Ser Thr Ser Phe Thr Trp Leu
 85 90 95
 Ser Leu Ser Phe Gly Tyr Phe Leu Ser Ser Thr Leu Leu Arg Thr His
 100 105 110
 <210> 133
 <211> 110
 <212> PRT
 <213> *Arabidopsis thaliana*
 30 <400> 133
 Met Glu Ala Gly Lys Thr Pro Pro Thr Thr Thr Thr Thr Thr Glu Lys
 1 5 10 15
 35 Lys Thr Glu Gln Val Lys Asp Asn Asp Leu Pro Thr Asp Ser Pro Tyr
 20 25 30
 40 Met Ala Thr Gly Thr Leu Glu Asp Tyr Lys Leu Lys Ala Tyr Gly Ala
 35 40 45
 45 Glu Val Thr Lys Ser Leu Leu Leu Val Leu Glu Val Ala Pro Pro Met
 50 55 60
 50 Leu Leu Leu Leu Leu Ala Thr His Pro Pro Pro Leu Pro Pro Met Arg
 65 70 75 80
 Lys Ser Val Lys Lys Lys Lys Asp Tyr Asn Asn Glu Arg Val Leu Trp
 85 90 95
 55 Ile Val Gly Lys Gln Thr His Asn Cys Ser Met Phe Asn Asn
 100 105 110
 <210> 134
 <211> 111
 <212> PRT
 <213> *Arabidopsis thaliana*
 65 <220>
 <221> carac_divers

ES 2 364 152 T3

<222> (62)..(62)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

5 <400> 134

Met Glu Ala Gly Lys Thr Pro Pro Thr Thr Thr Thr Thr Thr Glu Lys
1 5 10 15

10

Lys Thr Glu Gln Val Lys Asp Asn Asp Leu Pro Thr Asp Ser Pro Tyr
20 25 30

15

Met Ala Thr Gly Thr Leu Glu Asp Tyr Lys Leu Lys Ala Tyr Gly Ala
35 40 45

20

Glu Gly His Gln Glu Pro Thr Pro Gly Leu Gly Gly Gly Xaa His Arg
50 55 60

25

Cys Ser Tyr Ser Phe Trp Arg Arg Thr Arg Arg His Tyr His Arg Cys
65 70 75 80

Glu Ser Ser Val Lys Lys Lys Lys Asp Tyr Asn Asn Glu Arg Val Leu
85 90 95

30

Trp Ile Val Gly Lys Gln Thr His Asn Cys Ser Met Phe Asn Asn
100 105 110

<210> 135

35 <211> 83

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

40 <400> 135

Met Glu Ala Gly Lys Thr Pro Pro Thr Thr Thr Thr Thr Thr Glu Lys
1 5 10 15

45

Lys Thr Glu Gln Val Lys Asp Asn Asp Leu Pro Thr Asp Ser Pro Tyr
20 25 30

50

Met Ala Thr Gly Thr Leu Glu Asp Tyr Lys Leu Lys Ala Tyr Gly Ala
35 40 45

55

Glu Gly His Gln Glu Pro Thr Pro Gly Leu Gly Gly Gly Ser Thr Asp
50 55 60

Ala Pro Thr Pro Ser Gly Asp Ala Pro Ala Ala Thr Thr Thr Asp Ala
65 70 75 80

60

Lys Ala Pro

<210> 136

65 <211> 83

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

ES 2 364 152 T3

<400> 136

```

5      Met Glu Ala Gly Lys Thr Pro Pro Thr Thr Thr Thr Thr Thr Glu Lys
      1          5          10          15

      Lys Thr Glu Gln Val Lys Asp Asn Asp Leu Pro Thr Asp Ser Pro Tyr
      20          25          30

10     Met Ala Thr Gly Thr Leu Glu Asp Tyr Lys Leu Lys Ala Tyr Gly Ala
      35          40          45

15     Glu Gly His Gln Glu Pro Thr Pro Gly Leu Gly Gly Gly Ser Thr Asp
      50          55          60

20     Ala Pro Thr Pro Ser Gly Asp Ala Pro Ala Ala Thr Thr Thr Asp Ala
      65          70          75          80

```

Lys Ala Pro

25 <210> 137

<211> 83

<212> PRT

30 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 137

```

35     Met Glu Ala Gly Lys Thr Pro Pro Thr Thr Thr Thr Thr Thr Glu Lys
      1          5          10          15

      Lys Thr Glu Gln Val Lys Asp Asn Asp Leu Pro Thr Asp Ser Pro Tyr
      20          25          30

40     Met Ala Thr Gly Thr Leu Glu Asp Tyr Lys Leu Lys Ala Tyr Gly Ala
      35          40          45

45     Glu Gly His Gln Glu Pro Thr Pro Gly Leu Gly Gly Gly Ser Thr Asp
      50          55          60

50     Ala Pro Thr Pro Ser Gly Asp Ala Pro Ala Ala Thr Thr Thr Asp Ala
      65          70          75          80

```

Lys Ala Pro

55 <210> 138

<211> 83

<212> PRT

60 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 138

```

65     Met Glu Ala Gly Lys Thr Pro Pro Thr Thr Thr Thr Thr Thr Glu Lys

```

ES 2 364 152 T3

	1		5		10		15									
5	Lys	Thr	Glu	Gln	Val	Lys	Asp	Asn	Asp	Leu	Pro	Thr	Asp	Ser	Pro	Tyr
			20					25					30			
10	Met	Ala	Thr	Gly	Thr	Leu	Glu	Asp	Tyr	Lys	Leu	Lys	Ala	Tyr	Gly	Ala
			35					40					45			
15	Glu	Gly	His	Gln	Glu	Pro	Thr	Pro	Gly	Leu	Gly	Gly	Gly	Ser	Thr	Asn
		50					55					60				
20	Ala	Pro	Thr	Pro	Ser	Gly	Asp	Ala	Pro	Ala	Ala	Thr	Thr	Thr	Asp	Ala
	65					70					75				80	
25	Lys	Ala	Pro													
	<210> 139															
	<211> 83															
	<212> PRT															
	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>															
30	Met	Glu	Ala	Gly	Lys	Thr	Pro	Pro	Thr	Thr	Thr	Thr	Thr	Thr	Glu	Lys
	1				5					10					15	
35	Lys	Thr	Glu	Gln	Val	Lys	Asp	Asn	Asp	Leu	Pro	Thr	Asp	Ser	Pro	Tyr
				20					25					30		
40	Met	Ala	Thr	Gly	Thr	Leu	Glu	Asp	Tyr	Lys	Leu	Lys	Ala	Tyr	Gly	Ala
			35					40					45			
45	Glu	Gly	His	Gln	Glu	Pro	Thr	Pro	Gly	Leu	Gly	Gly	Gly	Ser	Thr	Asp
		50					55					60				
50	Ala	Pro	Thr	Pro	Ser	Gly	Asp	Ala	Pro	Ala	Ala	Thr	Thr	Thr	Asp	Ala
	65					70					75				80	
55	Lys	Ala	Pro													
	<210> 140															
	<211> 83															
	<212> PRT															
	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>															
60	Met	Glu	Ala	Gly	Lys	Thr	Pro	Pro	Thr	Thr	Thr	Thr	Thr	Thr	Glu	Lys
	1				5					10					15	
65	Lys	Thr	Glu	Gln	Val	Lys	Asp	Asn	Asp	Leu	Pro	Thr	Asp	Ser	Pro	Tyr
				20					25					30		

ES 2 364 152 T3

	Met	Ala	Thr	Gly	Thr	Leu	Glu	Asp	His	Lys	Leu	Lys	Ala	Tyr	Gly	Ala	
				35				40					45				
5	Glu	Gly	His	Gln	Glu	Pro	Thr	Pro	Gly	Leu	Gly	Gly	Gly	Ser	Thr	Asp	
		50					55					60					
10	Ala	Pro	Thr	Pro	Ser	Gly	Asp	Ala	Pro	Ala	Ala	Thr	Thr	Thr	Asp	Ala	
	65					70					75					80	
	Lys	Ala	Pro														
15	<210>	141															
	<211>	83															
	<212>	PRT															
	<213>	<i>Arabidopsis thaliana</i>															
20	<400>	141															
25	Met	Glu	Ala	Gly	Lys	Thr	Pro	Pro	Thr	Thr	Thr	Thr	Thr	Thr	Glu	Asn	
	1				5					10					15		
30	Lys	Thr	Glu	Gln	Val	Lys	Asp	Asn	Asp	Leu	Pro	Thr	Asp	Ser	Pro	Tyr	
				20				25						30			
35	Met	Ala	Thr	Gly	Thr	Leu	Glu	Asp	Tyr	Lys	Leu	Lys	Ala	Tyr	Gly	Ala	
				35				40					45				
40	Glu	Gly	His	Gln	Glu	Pro	Thr	Pro	Gly	Leu	Gly	Gly	Gly	Ser	Thr	Asp	
		50					55					60					
45	Ala	Pro	Thr	Pro	Ser	Gly	Asp	Ala	Pro	Ala	Ala	Thr	Thr	Thr	Asp	Ala	
	65					70					75					80	
	Lys	Ala	Pro														
50	<210>	142															
	<211>	82															
	<212>	PRT															
	<213>	<i>Brassica napus</i>															
55	<400>	142															
60	Met	Glu	Ala	Glu	Lys	Ile	Pro	Pro	Ala	Thr	Thr	Thr	Thr	Glu	Lys	Lys	
	1				5					10					15		
65	Pro	Glu	Gln	Glu	Val	Lys	Asn	Asp	Asp	Leu	Pro	Thr	Asn	Ser	Pro	Tyr	
				20				25						30			
65	Val	Asp	Glu	Ser	Gly	Ser	Leu	Glu	Asp	Tyr	Lys	Met	Lys	Ala	Tyr	Gly	
		35						40					45				

ES 2 364 152 T3

	Ala	Gln	Gly	His	Gln	Glu	Val	Lys	Ala	Gly	Leu	Gly	Gly	Gly	Ser	Thr	
	50						55				60						
5	Asp	Ala	Pro	Thr	Pro	Ser	Gly	Gly	Val	Thr	Thr	Ala	Thr	Ala	Glu	Lys	
	65					70					75					80	
10	Ala	Pro															
	<210> 143																
	<211> 228																
15	<212> PRT																
	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>																
	<400> 143																
20	Met	Asn	Leu	Lys	Glu	Thr	Glu	Leu	Cys	Leu	Gly	Leu	Pro	Gly	Gly	Thr	
	1				5					10					15		
25	Glu	Thr	Val	Glu	Ser	Pro	Ala	Lys	Ser	Gly	Val	Gly	Asn	Lys	Arg	Gly	
				20					25					30			
30	Phe	Ser	Glu	Thr	Val	Asp	Leu	Lys	Leu	Asn	Leu	Gln	Ser	Asn	Lys	Gln	
			35					40					45				
35	Gly	His	Val	Asp	Leu	Asn	Thr	Asn	Gly	Ala	Pro	Lys	Glu	Lys	Thr	Phe	
		50					55					60					
40	Leu	Lys	Asp	Pro	Ser	Lys	Pro	Pro	Ala	Lys	Ala	Gln	Val	Val	Gly	Trp	
	65					70					75					80	
45	Pro	Pro	Val	Arg	Asn	Tyr	Arg	Lys	Asn	Val	Met	Ala	Asn	Gln	Lys	Ser	
					85					90					95		
50	Gly	Glu	Ala	Glu	Glu	Ala	Met	Ser	Ser	Gly	Gly	Gly	Thr	Val	Ala	Phe	
				100					105					110			
55	Val	Lys	Val	Ser	Met	Asp	Gly	Ala	Pro	Tyr	Leu	Arg	Lys	Val	Asp	Leu	
			115					120					125				
60	Lys	Met	Tyr	Thr	Ser	Tyr	Lys	Asp	Leu	Ser	Asp	Ala	Leu	Ala	Lys	Met	
		130					135					140					
65	Phe	Ser	Ser	Phe	Thr	Met	Gly	Ser	Tyr	Gly	Ala	Gln	Gly	Met	Ile	Asp	
	145					150					155					160	
70	Phe	Met	Asn	Glu	Ser	Lys	Val	Met	Asp	Leu	Leu	Asn	Ser	Ser	Glu	Tyr	
					165					170					175		
75	Val	Pro	Ser	Tyr	Glu	Asp	Lys	Asp	Gly	Asp	Trp	Met	Leu	Val	Gly	Asp	
				180					185					190			

ES 2 364 152 T3

	Val	Pro	Trp	Pro	Met	Phe	Val	Glu	Ser	Cys	Lys	Arg	Leu	Arg	Ile	Met
			195					200					205			
5	Lys	Gly	Ser	Glu	Ala	Ile	Gly	Leu	Ala	Pro	Arg	Ala	Met	Glu	Lys	Phe
		210					215					220				
10	Lys	Asn	Arg	Ser												
	225															
	<210> 144															
	<211> 225															
15	<212> PRT															
	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>															
	<400> 144															
20	Met	Asn	Leu	Lys	Glu	Thr	Glu	Leu	Cys	Leu	Gly	Leu	Pro	Gly	Gly	Thr
	1				5					10					15	
25	Glu	Thr	Val	Glu	Ser	Pro	Ala	Lys	Ser	Gly	Val	Gly	Asn	Lys	Arg	Gly
				20					25					30		
30	Phe	Ser	Glu	Thr	Val	Asp	Leu	Lys	Leu	Asn	Leu	Gln	Ser	Asn	Lys	Gln
			35					40						45		
35	Gly	His	Val	Asp	Leu	Asn	Thr	Asn	Gly	Ala	Pro	Lys	Glu	Lys	Thr	Phe
		50					55					60				
40	Leu	Lys	Asp	Pro	Ser	Lys	Pro	Pro	Ala	Lys	Ala	Gln	Val	Val	Gly	Trp
	65					70					75					80
45	Pro	Pro	Val	Arg	Asn	Tyr	Arg	Lys	Asn	Val	Met	Ala	Asn	Gln	Lys	Ser
					85					90					95	
50	Gly	Glu	Ala	Glu	Glu	Ala	Met	Ser	Ser	Gly	Gly	Gly	Thr	Val	Ala	Phe
				100					105					110		
55	Val	Lys	Val	Ser	Met	Asp	Gly	Ala	Pro	Tyr	Leu	Arg	Lys	Val	Asp	Leu
			115					120					125			
60	Lys	Met	Tyr	Thr	Ser	Tyr	Lys	Asp	Leu	Ser	Asp	Ala	Leu	Ala	Lys	Met
		130					135					140				
65	Phe	Ser	Ser	Phe	Thr	Met	Gly	Ser	Tyr	Gly	Ala	Gln	Gly	Met	Ile	Asp
	145					150					155					160
70	Phe	Met	Asn	Glu	Ser	Lys	Val	Met	Asp	Leu	Leu	Asn	Ser	Ser	Glu	Tyr
					165					170					175	
75	Val	Pro	Ser	Tyr	Glu	Asp	Lys	Asp	Gly	Asp	Trp	Met	Leu	Val	Gly	Asp
				180					185					190		

ES 2 364 152 T3

	Val	Pro	Trp	Pro	Met	Phe	Val	Glu	Ser	Cys	Lys	Arg	Leu	Arg	Ile	Met	
			195					200					205				
5	Lys	Gly	Ser	Glu	Ala	Ile	Gly	Leu	Gly	Lys	Phe	Ser	Phe	Leu	Phe	Val	
		210					215					220					
10	Ser																
	225																
	<210>	145															
	<211>	234															
	<212>	PRT															
15	<213>	<i>Arabidopsis thaliana</i>															
	<400>	145															
20	Met	Asn	Leu	Lys	Glu	Thr	Glu	Leu	Cys	Leu	Gly	Leu	Pro	Gly	Gly	Thr	
	1				5					10					15		
25	Glu	Thr	Val	Glu	Ser	Pro	Ala	Lys	Ser	Gly	Val	Gly	Asn	Lys	Arg	Gly	
				20					25					30			
30	Phe	Ser	Glu	Thr	Val	Asp	Leu	Lys	Leu	Asn	Leu	Gln	Ser	Asn	Lys	Gln	
			35					40					45				
35	Gly	His	Val	Asp	Leu	Asn	Thr	Asn	Gly	Ala	Pro	Lys	Glu	Lys	Thr	Phe	
		50					55					60					
40	Leu	Lys	Asp	Pro	Ser	Lys	Pro	Pro	Ala	Lys	Ala	Gln	Val	Val	Gly	Trp	
	65					70					75					80	
45	Pro	Pro	Val	Arg	Asn	Tyr	Arg	Lys	Asn	Val	Met	Ala	Asn	Gln	Lys	Ser	
					85					90					95		
50	Gly	Glu	Ala	Glu	Glu	Ala	Met	Ser	Ser	Gly	Gly	Gly	Thr	Val	Ala	Phe	
				100					105					110			
55	Val	Lys	Val	Ser	Met	Asp	Gly	Ala	Pro	Tyr	Leu	Arg	Lys	Val	Asp	Leu	
			115					120					125				
60	Lys	Met	Tyr	Thr	Ser	Tyr	Lys	Asp	Leu	Ser	Asp	Ala	Leu	Ala	Lys	Met	
		130					135					140					
65	Phe	Ser	Ser	Phe	Thr	Met	Gly	Ser	Tyr	Gly	Ala	Gln	Gly	Met	Ile	Asp	
	145					150					155					160	
70	Phe	Met	Asn	Glu	Ser	Lys	Val	Met	Asp	Leu	Leu	Asn	Ser	Ser	Glu	Tyr	
					165					170					175		
75	Val	Pro	Ser	Tyr	Glu	Asp	Lys	Asp	Gly	Asp	Trp	Met	Leu	Val	Gly	Asp	
				180					185					190			

ES 2 364 152 T3

	Val	Pro	Trp	Pro	Met	Phe	Val	Glu	Ser	Cys	Lys	Arg	Leu	Arg	Ile	Met	195	200	205	
5	Lys	Gly	Ser	Glu	Ala	Ile	Gly	Leu	Gly	Lys	Phe	Ser	Phe	Leu	Phe	Val	210	215	220	
10	Ser	Ile	Ser	Gly	Ser	Phe	Leu	Phe	Phe	Gln								225	230	
	<210> 146																			
	<211> 247																			
15	<212> PRT																			
	<213> <i>Glicina max</i>																			
	<400> 146																			
20	Met	Ala	Thr	Met	Leu	Thr	Lys	Glu	His	Gly	Leu	Asn	Leu	Lys	Glu	Thr	1	5	10	15
25	Glu	Leu	Cys	Leu	Gly	Leu	Pro	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	20	25	30	
30	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Glu	Val	Glu	Thr	Pro	Arg	Ala	Thr	Gly	Lys	35	40	45	
35	Arg	Gly	Phe	Ser	Glu	Thr	Val	Asp	Leu	Lys	Leu	Asn	Leu	His	Ser	Lys	50	55	60	
40	Glu	Asp	Leu	Asn	Glu	Asn	Leu	Lys	Asn	Val	Ser	Lys	Glu	Lys	Thr	Leu	65	70	75	80
45	Leu	Lys	Asp	Pro	Ala	Lys	Pro	Pro	Ala	Lys	Ala	Gln	Val	Val	Gly	Trp	85	90	95	
50	Pro	Pro	Val	Arg	Ser	Tyr	Arg	Lys	Asn	Met	Met	Ala	Val	Gln	Lys	Val	100	105	110	
55	Ser	Thr	Glu	Asp	Val	Ala	Glu	Lys	Thr	Thr	Ser	Ser	Thr	Ala	Asn	Pro	115	120	125	
60	Gly	Ala	Phe	Val	Lys	Val	Ser	Met	Asp	Gly	Ala	Pro	Tyr	Leu	Arg	Lys	130	135	140	
65	Val	Asp	Leu	Thr	Met	Tyr	Lys	Ser	Tyr	Lys	Glu	Leu	Ser	Asp	Ala	Leu	145	150	155	160
	Ala	Lys	Met	Phe	Ser	Ser	Phe	Thr	Met	Gly	Asn	Tyr	Gly	Ala	Gln	Gly	165	170	175	
	Met	Ile	Asp	Phe	Met	Asn	Glu	Ser	Lys	Leu	Met	Asp	Leu	Leu	Asn	Ser	180	185	190	

ES 2 364 152 T3

```

Ser Glu Tyr Val Pro Ser Tyr Glu Asp Lys Asp Gly Asp Trp Met Leu
    195                200                205

5      Val Gly Asp Val Pro Trp Glu Met Phe Val Glu Ser Cys Lys Arg Leu
    210                215                220

10     Arg Ile Met Lys Gly Ser Glu Ala Ile Gly Leu Ala Pro Arg Ala Met
    225                230                235                240

      Glu Lys Cys Lys Ser Arg Ser
    245

15     <210> 147
      <211> 277
20     <212> PRT
      <213> Populus tremula x Populus tremuloides

      <400> 147

25     Met Ala Thr Ala Thr Val Leu Gly Thr Glu Arg Ala Asp Leu Asn Tyr
    1          5          10          15

30     Lys Ala Thr Glu Leu Cys Leu Gly Leu Pro Gly Ala Val Gly Val Lys
    20          25          30

35     Asn Glu Val Glu Thr Pro Asn Lys Ala Thr Gly Lys Arg Gly Phe Ala
    35          40          45

40     Glu Thr Val Asp Leu Lys Leu Asn Leu Gln Ala Lys Glu Gly Val Met
    50          55          60

45     Asp Leu Asn Glu Asn Ile Asn Asn Ile Ala Ser Glu Asp Lys Asn His
    65          70          75          80

50     Leu Pro Ser Ala Thr Ile Lys Asp Pro Ala Lys Pro Pro Ala Lys Ala
    85          90          95

55     Gln Val Val Gly Trp Pro Pro Val Arg Ser Tyr Arg Lys Asn Val Leu
    100         105         110

      Ala Gln Lys Asn Ala Ser Glu Glu Gly Phe Gly Ala Gln Val Glu Gly
    115         120         125

55     Trp Pro Pro Val Arg Ser Tyr Arg Lys Asn Val Leu Val Gln Lys Asn
    130         135         140

60     Ala Ser Glu Glu Gly Glu Lys Ala Ser Thr Gly Gly Cys Ser Ala Ala
    145         150         155         160

65     Phe Val Lys Val Cys Met Asp Gly Ala Pro Tyr Leu Arg Lys Val Asp
    165         170         175

```

ES 2 364 152 T3

	Leu Lys Met Tyr Lys Ser Tyr Gln Glu Leu Ser Asp Ala Leu Ala Lys	180	185	190
5	Met Phe Ser Ser Leu Thr Met Gly Asn Tyr Gly Ala Gln Gly Met Ile	195	200	205
10	Asp Phe Met Asn Glu Ser Lys Leu Met Asp Leu Leu Asn Ser Ser Glu	210	215	220
15	Tyr Val Pro Ser Tyr Glu Asp Lys Asp Gly Asp Trp Met Leu Val Gly	225	230	235
20	Asp Val Pro Trp Glu Met Phe Val Asp Ser Cys Lys Arg Pro Arg Ile	245	250	255
25	Met Lys Gly Ser Glu Ala Val Gly Leu Ala Pro Arg Ala Met Glu Lys	260	265	270
30	Cys Lys Ser Arg Thr	275		
	<210> 148			
	<211> 240			
	<212> PRT			
	<213> <i>Nicotiana tabacum</i>			
35	<400> 148			
40	Met Thr Ser Val Met Gly Ala Glu Cys Asp Lys Ile Gln Leu Asp Tyr	1	5	10
45	Glu Ala Glu Thr Glu Leu Arg Leu Gly Leu Arg Ser Ala Ile Asn Gly	20	25	30
50	Asn Glu Gly Glu Met Thr Ser Lys Asn Asn Gly Lys Arg Val Phe Ser	35	40	45
55	Glu Thr Val Asp Leu Lys Leu Asn Leu Ser Ser Lys Asp Ser Thr Val	50	55	60
60	Asp Asn Gln Val Asp Asn Ile Lys Glu Lys Lys Asn Ile Ala Pro Thr	65	70	75
65	Asp Pro Ala Lys Pro Pro Ala Lys Ala Gln Val Val Gly Trp Pro Pro	85	90	95
70	Val Arg Ser Phe Arg Lys Asn Val Leu Thr Val Gln Lys Asn Ser Thr	100	105	110
75	Gly Asn Gly Glu Ser Ser Gly Gly Gly Ala Ala Phe Val Lys Val Ser	115	120	125

ES 2 364 152 T3

	Val	Asp	Gly	Ala	Pro	Tyr	Leu	Arg	Lys	Val	Asp	Leu	Lys	Met	Tyr	Lys	
	130						135					140					
5	Ser	Tyr	Gln	Gln	Leu	Ser	Asp	Ala	Leu	Gly	Lys	Met	Phe	Ser	Ser	Phe	
	145					150					155					160	
10	Thr	Ile	Gly	Asn	Cys	Gly	Thr	His	Gly	Phe	Lys	Asp	Phe	Met	Asn	Glu	
					165					170					175		
15	Ser	Lys	Leu	Ile	Asp	Leu	Leu	Asn	Gly	Ser	Asp	Tyr	Val	Pro	Thr	Tyr	
				180					185					190			
20	Glu	Asp	Lys	Asp	Gly	Asp	Trp	Met	Leu	Val	Gly	Asp	Val	Pro	Trp	Glu	
			195					200					205				
25	Met	Phe	Val	Asp	Ser	Cys	Lys	Arg	Leu	Arg	Ile	Met	Lys	Gly	Ser	Glu	
	210						215					220					
30	Ala	Ile	Gly	Leu	Ala	Pro	Arg	Ala	Val	Glu	Lys	Cys	Lys	Asn	Arg	Ser	
	225					230					235					240	
	<210> 149																
	<211> 227																
	<212> PRT																
	<213> <i>Plantago major</i>																
35	<400> 149																
	Met	Val	Glu	Ser	Cys	Thr	Lys	Met	Asn	Phe	Glu	Glu	Thr	Glu	Leu	Arg	
	1				5					10					15		
40	Leu	Gly	Leu	Pro	Gly	Gly	Ala	Ala	Ala	Ala	Gly	Glu	Lys	Thr	Thr	Asn	
				20					25					30			
45	Asn	Asn	Asn	Tyr	Gly	Lys	Arg	Gly	Tyr	Glu	Gln	Thr	Val	Asp	Leu	Lys	
			35					40					45				
50	Leu	Asn	Leu	Ser	Ser	Lys	Asp	Leu	Pro	Asn	Gln	Thr	Asp	Leu	Ala	Glu	
	50						55					60					
55	Asn	Lys	Lys	Asn	Asp	Gln	Pro	Val	Lys	Pro	Pro	Ala	Lys	Ala	Gln	Val	
	65					70					75				80		
60	Val	Gly	Trp	Pro	Pro	Val	Arg	Asn	Phe	Arg	Lys	Asn	Val	Met	Ala	Val	
				85					90					95			
65	Gln	Lys	Thr	Glu	Lys	Ala	Glu	Glu	Ser	Gly	Gly	Ser	Ala	Ala	Phe	Val	
				100				105						110			
70	Lys	Val	Ser	Met	Asp	Gly	Ala	Pro	Tyr	Leu	Arg	Lys	Val	Asp	Leu	Lys	
			115					120					125				

ES 2 364 152 T3

	Met	Tyr	Lys	Thr	Tyr	Glu	Glu	Leu	Ser	Asp	Ala	Leu	Gly	Lys	Met	Phe	
	130						135					140					
5	Ser	Ser	Phe	Thr	Met	Ser	Lys	Cys	Asp	Ala	Gln	Gly	Met	Met	Asp	Phe	
	145					150					155					160	
10	Met	Asn	Glu	Ser	Lys	Leu	Met	Asp	Leu	Leu	Asn	Gly	Ser	Asp	Tyr	Val	
					165					170					175		
15	Pro	Thr	Tyr	Glu	Asp	Lys	Asp	Gly	Asp	Trp	Met	Leu	Val	Gly	Asp	Val	
				180					185					190			
20	Pro	Trp	Glu	Met	Phe	Val	Gly	Ser	Cys	Lys	Arg	Leu	Arg	Ile	Met	Lys	
			195					200					205				
25	Gly	Thr	Glu	Ala	Ile	Gly	Leu	Ala	Pro	Arg	Ala	Met	Glu	Lys	Cys	Lys	
	210						215					220					
30	Ser	Arg	Ser														
	225																
	<210>	150															
	<211>	246															
	<212>	PRT															
	<213>	<i>Glicina max</i>															
35	<400>	150															
40	Met	Val	Phe	Glu	Glu	Thr	Glu	Leu	Arg	Leu	Gly	Leu	Gly	Leu	Cys	Leu	
	1				5					10					15		
45	Pro	Gly	Asn	Gly	Thr	Thr	Ala	Thr	Thr	Glu	Ala	Ala	Ala	Ala	Glu	Leu	
				20					25						30		
50	Gly	Val	Arg	Lys	Arg	Gly	Phe	Ser	Glu	Thr	Glu	Thr	Asp	Glu	Thr	Ala	
			35					40					45				
55	Thr	Val	Asp	Leu	Met	Leu	Asn	Leu	Ser	Pro	Lys	Glu	Ala	Ala	Ala	Ala	
	50						55					60					
60	Asp	Gly	Ala	Asp	Pro	Arg	Glu	Lys	Pro	Lys	Thr	Ser	Pro	Lys	Glu	Lys	
	65					70					75					80	
65	Thr	Leu	Leu	Leu	Pro	Asp	Pro	Ala	Lys	Pro	Pro	Ala	Lys	Ala	Gln	Val	
					85					90					95		
70	Val	Gly	Trp	Pro	Pro	Val	Arg	Ser	Phe	Arg	Lys	Asn	Met	Phe	Ala	Ala	
				100					105					110			
75	Gln	Lys	Ser	Ser	Gly	Gly	Glu	Glu	Ser	Glu	Lys	Ser	Ser	Pro	Asn	Ala	
			115					120					125				

ES 2 364 152 T3

	Ser Phe Val Lys Val Ser Met Asp Gly Ala Pro Tyr Leu Arg Lys Val	130	135	140
5	Asp Leu Lys Met Tyr Lys Ser Tyr Pro Glu Leu Ser Asp Ala Leu Gly	145	150	155
10	Lys Met Phe Ser Ser Phe Thr Ile Gly Asn Cys Glu Ser Gln Gly Phe		165	170
15	Lys Asp Phe Met Asn Glu Ser Lys Leu Met Asp Leu Leu Asn Ser Ser		180	185
20	Asp Tyr Val Pro Thr Tyr Glu Asp Arg Asp Gly Asp Trp Met Leu Val		195	200
25	Gly Asp Val Pro Trp Glu Met Phe Val Glu Ser Cys Lys Arg Leu Arg		210	220
30	Ile Met Lys Gly Lys Glu Ala Ile Gly Leu Ala Pro Arg Ala Val Glu		225	235
35	Lys Cys Lys Asn Arg Ser		245	
40	<210> 151			
	<211> 248			
	<212> PRT			
	<213> <i>Glicina max</i>			
45	<400> 151			
50	Met Val Phe Glu Glu Thr Glu Leu Arg Leu Gly Leu Arg Leu Gly Leu		5	10
55	Pro Gly Asn Gly Ala Ala Pro Thr Thr Glu Ala Ala Ala Glu Leu Gly		20	25
60	Val Arg Lys Arg Gly Phe Ser Glu Thr Glu Thr Asp Glu Thr Thr Ser		35	40
65	Val Asp Leu Met Leu Asn Leu Ser Pro Lys Glu Ala Ser Ala Ala Ala		50	55
70	Thr Thr Asp Gly Ala Asp Pro Arg Glu Asn Pro Lys Thr Ser Pro Lys		65	70
75	Asp Lys Asn Leu Pro Leu Leu Asp Pro Ala Lys Pro Pro Ala Lys Ala		85	90
80	Gln Val Val Gly Trp Pro Pro Val Arg Ser Phe Arg Lys Asn Met Phe		100	105

ES 2 364 152 T3

	Ala	Ala	Gln	Lys	Ser	Ser	Gly	Gly	Glu	Glu	Ser	Glu	Lys	Asn	Ser	Pro	
			115					120					125				
5	Asn	Ala	Ser	Phe	Val	Lys	Val	Ser	Met	Asp	Gly	Ala	Pro	Tyr	Leu	Arg	
		130					135					140					
10	Lys	Val	Asp	Leu	Lys	Met	Tyr	Lys	Ser	Tyr	Pro	Glu	Leu	Ser	Asp	Ala	
	145					150					155					160	
15	Leu	Gly	Lys	Met	Phe	Ser	Ser	Phe	Thr	Ile	Gly	Asn	Cys	Glu	Ser	Gln	
					165					170					175		
20	Gly	Phe	Lys	Asp	Phe	Met	Asn	Glu	Ser	Lys	Leu	Met	Asp	Leu	Leu	Asn	
				180					185					190			
25	Ser	Ser	Asp	Tyr	Val	Pro	Thr	Tyr	Glu	Asp	Arg	Asp	Gly	Asp	Trp	Met	
			195					200					205				
30	Leu	Val	Gly	Asp	Val	Pro	Trp	Glu	Met	Phe	Val	Glu	Ser	Cys	Lys	Arg	
		210					215					220					
35	Leu	Arg	Ile	Met	Lys	Gly	Lys	Glu	Ala	Ile	Gly	Leu	Ala	Pro	Arg	Ala	
	225					230					235					240	
40	Val	Glu	Lys	Cys	Lys	Asn	Arg	Ser									
					245												
	<210> 152																
	<211> 164																
	<212> PRT																
	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>																
	<400> 152																
45	Leu	Lys	Asp	Pro	Ser	Lys	Pro	Pro	Ala	Lys	Ala	Gln	Val	Val	Gly	Trp	
	1				5					10					15		
50	Pro	Pro	Val	Arg	Asn	Tyr	Arg	Lys	Asn	Val	Met	Ala	Asn	Gln	Lys	Ser	
				20					25					30			
55	Gly	Glu	Ala	Glu	Glu	Ala	Met	Ser	Ser	Gly	Gly	Gly	Thr	Val	Ala	Phe	
			35					40					45				
60	Val	Lys	Val	Ser	Met	Asp	Gly	Ala	Pro	Tyr	Leu	Arg	Lys	Val	Asp	Leu	
		50					55					60					
65	Lys	Met	Tyr	Thr	Ser	Tyr	Lys	Asp	Leu	Ser	Asp	Ala	Leu	Ala	Lys	Met	
	65					70					75					80	
70	Phe	Ser	Ser	Phe	Thr	Met	Gly	Ser	Tyr	Gly	Ala	Gln	Gly	Met	Ile	Asp	
					85					90					95		

ES 2 364 152 T3

	Phe Met Asn Glu Ser Lys Val Met Asp Leu Leu Asn Ser Ser Glu Tyr	
	100 105 110	
5	Val Pro Ser Tyr Glu Asp Lys Asp Gly Asp Trp Met Leu Val Gly Asp	
	115 120 125	
10	Val Pro Trp Pro Met Phe Val Glu Ser Cys Lys Arg Leu Arg Ile Met	
	130 135 140	
15	Lys Gly Ser Glu Ala Ile Gly Leu Ala Pro Arg Ala Met Glu Lys Phe	
	145 150 155 160	
	Lys Asn Arg Ser	
20	<210> 153	
	<211> 164	
	<212> PRT	
	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>	
25	<400> 153	
30	Leu Lys Asp Pro Ser Lys Pro Pro Ala Lys Ala Gln Val Val Gly Trp	
	1 5 10 15	
	Pro Pro Val Arg Asn Tyr Arg Lys Asn Val Met Ala Asn Gln Lys Ser	
	20 25 30	
35	Gly Glu Ala Glu Glu Ala Met Ser Ser Gly Gly Gly Thr Val Ala Phe	
	35 40 45	
40	Val Lys Val Ser Met Asp Gly Ala Pro Tyr Leu Arg Lys Val Asp Leu	
	50 55 60	
45	Lys Met Tyr Thr Ser Tyr Lys Asp Leu Ser Asp Ala Leu Ala Lys Met	
	65 70 75 80	
	Phe Ser Ser Phe Thr Met Gly Ser Tyr Gly Ala Gln Gly Met Ile Asp	
	85 90 95	
50	Phe Met Asn Glu Ser Lys Val Met Asp Leu Leu Asn Ser Phe Glu Tyr	
	100 105 110	
55	Val Pro Ser Tyr Glu Asp Lys Asp Gly Asp Trp Met Leu Val Gly Asp	
	115 120 125	
60	Val Pro Trp Pro Met Phe Val Glu Ser Cys Lys Arg Leu Arg Ile Met	
	130 135 140	
65	Lys Gly Ser Glu Ala Ile Gly Leu Ala Pro Arg Ala Met Glu Lys Phe	
	145 150 155 160	
	Lys Asn Arg Ser	

ES 2 364 152 T3

<210> 154

<211> 231

<212> PRT

5 <213> *Glicina max*

<400> 154

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

ES 2 364 152 T3

<210> 155

<211> 194

<212> PRT

5 <213> *Mirabilis jalapa*

<400> 155

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

<210> 156

<211> 229

<212> PRT

65 <213> *Populus tremula x Populus tremuloides*

ES 2 364 152 T3

<400> 156

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

<210> 157

<211> 243

65 <212> PRT

<213> *Glicina max*

ES 2 364 152 T3

<400> 157

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

ES 2 364 152 T3

<210> 158

<211> 252

<212> PRT

5 <213> *Glicina max*

<400> 158

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

ES 2 364 152 T3

Ala Pro Arg Ala Met Ala Lys Cys Lys Asn Arg Ser
245 250

5 <210> 159
<211> 254
<212> PRT
<213> *Glicina max*

10 <220>
<221> carac_divers
<222> (162)..(162)
15 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

<400> 159

20 Met Glu Val Gly Leu Asn Lys Lys Glu Asn Met Gly Phe Glu Glu Thr
1 5 10 15

Glu Leu Arg Leu Gly Leu Pro Gly Asn Val Gly Gly Thr Gly Thr Glu
25 20 25 30

Glu Val Leu Ile Arg Lys Arg Gly Phe Ser Glu Thr Glu Thr Glu Thr
30 35 40 45

Glu Glu Asp Glu Ser Ala Thr Thr Val Asp Leu Met Leu Asn Leu Ser
50 55 60

35 Ser Lys Glu Ala Ala Ala Ala Asp Pro Thr Asp Lys His Lys Thr
65 70 75 80

Leu Pro Lys Glu Lys Thr Leu Leu Pro Ala Asp Pro Ala Lys Pro Pro
40 85 90 95

Ala Lys Ala Gln Val Val Gly Trp Pro Pro Val Arg Ser Phe Arg Lys
100 105 110

45 Asn Met Leu Ala Val Gln Lys Ser Val Gly Glu Glu Asn Glu Lys Asn
115 120 125

50 Ser Ser Ser Pro Asn Ala Ser Phe Val Lys Val Ser Met Asp Gly Ala
130 135 140

Pro Tyr Leu Arg Lys Val Asp Leu Lys Met Tyr Lys Ser Tyr Arg Glu
55 145 150 155 160

Leu Xaa Asp Ser Leu Gly Lys Met Phe Ser Ser Phe Thr Ile Gly Asn
165 170 175

60 Cys Glu Ser Gln Gly Met Lys Asp Phe Met Asn Glu Ser Lys Leu Asn
180 185 190

65 Asp Leu Leu Asn Ser Ser Asp Tyr Val Pro Thr Tyr Glu Asp Lys Asp

ES 2 364 152 T3

	195	200	205
5	Gly Asp Trp Met Leu Val	Gly Asp Val Pro Trp	Glu Met Phe Val Glu
	210	215	220
10	Ser Cys Lys Arg Leu Arg Ile Met Lys Gly Lys Glu Ala Ile Gly Leu		
	225	230	235
	Gly Leu Ala Pro Arg Ala Met Ala Lys Ser Lys Asn Arg Ser		
		245	250
15	<210> 160		
	<211> 275		
	<212> PRT		
20	<213> <i>Zea mays</i>		
	<400> 160		
25	Met Ala Thr Thr Thr Asp Leu Gly Phe Glu Ala Thr Glu Leu Arg Leu		
	1	5	10
	Gly Leu Pro Gly Gly Gly Gly Gly Gly Glu Pro Ala Leu Gly Gly Glu		
		20	25
30			30
	Gly Arg Ser Ser Ser Ser Ala Ser Gly Lys Arg Gly Phe Ala Glu Thr		
		35	40
			45
35	Ile Asp Leu Lys Leu Lys Leu Glu Pro Ala Ala Val Val Glu Ala Glu		
	50	55	60
	Glu Glu Glu Glu Asp His Gly Val Ala Val Ala Leu Glu Lys Glu Glu		
40	65	70	75
			80
	Glu Ala Gly Lys Met Lys Arg Ser Pro Ser Gln Ser Ser Val Ala Ala		
		85	90
45			95
	Ala Ala Ala Ala Val Leu Ala Asp Pro Ala Glu Lys Pro Arg Ala Ala		
		100	105
			110
50	Lys Ala Gln Val Val Gly Trp Pro Pro Val Arg Ser Phe Arg Lys Asn		
		115	120
			125
55	Ile Met Ser Val Gln Ser Asp Lys Gly Ala Gly Lys Asp Ala Ala Ala		
	130	135	140
	Ala Asn Gly Asp Lys Ser Ser Ala Ala Ala Gly Gly Gly Ala Ala Phe		
	145	150	155
60			160
	Val Lys Val Ser Leu Asp Gly Ala Pro Tyr Leu Arg Lys Val Asp Leu		
		165	170
			175
65	Lys Met Tyr Arg Ser Tyr Gln Gln Leu Ser Lys Ala Leu Glu Asn Met		

ES 2 364 152 T3

	180	185	190
5	Phe Ser Ser Phe Thr Ile Gly Ser Cys Gly Ser Gln Gly Met Asn Gly		
	195	200	205
10	Met Asn Glu Ser Lys Leu Val Asp Leu Leu Asn Gly Ser Glu Tyr Val		
	210	215	220
15	Pro Thr Tyr Glu Asp Lys Asp Gly Asp Trp Met Leu Val Gly Asp Val		
	225	230	235
20	Pro Trp Glu Met Phe Val Glu Ser Cys Lys Arg Leu Arg Ile Met Lys		
	245	250	255
25	Gly Ser Glu Ala Ile Gly Leu Ala Pro Arg Ala Met Glu Lys Cys Lys		
	260	265	270
30	Asn Arg Ser		
	275		
	<210> 161		
	<211> 230		
	<212> PRT		
	<213> <i>Cucumis sativus</i>		
35	<400> 161		
	Met Glu Lys Lys Lys Met Gly Phe Glu Glu Thr Glu Leu Arg Leu Gly		
	1	5	10
40	Leu Pro Gly Asn Asn Asn Ile Gly Ser Ser Glu Leu Gly Glu Val Ala		
	20	25	30
45	Ala Arg Lys Arg Gly Phe Ala Glu Thr Val Ser Ser Glu Thr Ile Ser		
	35	40	45
50	Lys Val Asp Leu Lys Leu Asn Leu Ser Ser Lys Glu Thr Val Gly Val		
	50	55	60
55	Gly Asp Asp Asp Leu Val Ala Asp Ser Asn Pro Ser Asn Lys Asp Lys		
	65	70	75
60	Ala Val Leu Thr Ala Asp Pro Ala Lys Pro Pro Ala Lys Ala Gln Val		
	85	90	95
65	Val Gly Trp Pro Pro Val Arg Ser Phe Arg Lys Asn Asn Met Leu Ala		
	100	105	110
	Phe Val Lys Val Ser Met Asp Gly Ala Pro Tyr Leu Arg Lys Val Asp		
	115	120	125
	Leu Lys Met Tyr Lys Ser Tyr Lys Gln Leu Ser Asp Ala Leu Ala Ala		

ES 2 364 152 T3

	130		135		140	
5	Met Phe Gly Ser Phe Thr Thr Ile Gly Asn Cys Gly Ser Gln Glu Met					
	145		150		155	160
10	Lys Asp Phe Met Asn Glu Ser Lys Leu Met Asp Leu Leu Ser Gly Ser					
		165		170		175
15	Asp Tyr Val Pro Thr Tyr Glu Asp Lys Asp Gly Asp Trp Met Leu Val					
		180		185		190
20	Gly Asp Val Pro Trp Glu Met Phe Val Glu Ser Cys Lys Arg Leu Arg					
		195		200		205
25	Ile Met Lys Gly Lys Glu Ala Ile Gly Leu Ala Pro Arg Ala Met Glu					
		210		215		220
30	Lys Cys Lys Asn Arg Ser					
	225		230			
	<210> 162					
	<211> 252					
	<212> PRT					
	<213> <i>Triticum aestivum</i>					
35	<400> 162					
40	Met Ala Ala Asp Leu Gly Phe Glu Ala Thr Glu Leu Arg Leu Gly Leu					
	1	5		10		15
45	Pro Gly Gly Gly Glu Gly Glu Ala Arg Ser Ser Ser Gly Lys Arg Gly					
		20		25		30
50	Phe Ala Glu Thr Ile Asp Leu Lys Leu Lys Leu Glu Pro Ala Gly Glu					
		35		40		45
55	Glu Ala Pro Ala Glu Glu Asp Arg Ala Asp Val Ala Val Val Ala Ala					
		50		55		60
60	Ala Ala Ala Glu Asn Gln Glu Glu Thr Ala Thr Asp Ala Gly Gly Gly					
		65		70		75
65	Lys Met Lys Arg Ser Pro Ser Gln Ser Ser Val Val Thr Thr Ala Ala					
		85		90		95
70	Leu Pro Asp Pro Ala Glu Lys Pro Arg Ala Pro Lys Ala Gln Val Val					
		100		105		110
75	Gly Trp Pro Pro Val Arg Ser Phe Arg Lys Asn Ile Leu Ala Glu Lys					
		115		120		125
80	Ser Ser Pro Ala Ala Ala Ala Ala Phe Val Lys Val Ser Met Asp Gly					

ES 2 364 152 T3

	130	135	140
5	Ala Pro Tyr Leu Arg Lys Val Asp Leu Asn Met Tyr Lys Thr Tyr Gln 145 150 155 160		
10	Asp Leu Ser Lys Ala Leu Glu Lys Met Phe Ser Ser Phe Thr Ile Gly 165 170 175		
15	Asn Cys Gly Thr Pro Gly Met Asn Gly Met Asn Glu Ser Lys Leu Met 180 185 190		
20	Asp Leu Leu Asn Gly Ser Glu Tyr Val Pro Thr Tyr Glu Asp Lys Asp 195 200 205		
25	Gly Asp Trp Met Leu Val Gly Asp Val Pro Trp Glu Met Phe Val Glu 210 215 220		
30	Ser Cys Lys Arg Leu Arg Ile Met Lys Gly Ser Glu Ala Ile Gly Leu 225 230 235 240		
35	Ala Pro Arg Ala Met Glu Lys Cys Lys Asn Arg Ser 245 250		
	<210> 163		
	<211> 233		
	<212> PRT		
	<213> <i>Triticum aestivum</i>		
	<400> 163		
40	Met Ala Gly Ala Asp Val Asp Val Gly Thr Glu Leu Arg Leu Gly Leu 1 5 10 15		
45	Pro Gly Gly Gly Ala Glu Ala Ala Lys Ala Gly Lys Arg Gly Tyr Glu 20 25 30		
50	Asp Thr Ile Asp Leu Lys Leu Thr Leu Pro Thr Gly Gly Met Gln Glu 35 40 45		
55	Asp Ser Ala Gly Lys Pro Glu Pro Ala Ala Asp Lys Ala Lys Arg Pro 50 55 60		
60	Ala Glu Ala Ala Ala Ala Asp Pro Glu Lys Pro Pro Ala Pro Lys Ala 65 70 75 80		
65	Gln Ala Val Gly Trp Pro Pro Val Arg Ser Tyr Arg Arg Asn Ala Met 85 90 95		
	Thr Val Gln Ser Val Lys Ile Lys Lys Glu Glu Glu Thr Glu Lys Gln 100 105 110		
	Gln Pro Ala Ala Ala Ala Ala Gly Ala Asn Gly Ser Asn Phe Val		

ES 2 364 152 T3

	115	120	125
5	Lys Val Ser Met Asp Gly Ala Pro Tyr Leu Arg Lys Val Asp Leu Lys 130 135 140		
10	Met Tyr Asn Thr Tyr Lys Asp Leu Ser Ile Ala Leu Gln Lys Met Phe 145 150 155 160		
15	Ser Thr Phe Thr Ala Thr Gly Asn Glu Gly Lys Met Val Glu Ala Val 165 170 175		
20	Asn Gly Ser Asp Val Val Thr Thr Tyr Glu Asp Lys Asp Gly Asp Trp 180 185 190		
25	Met Leu Val Gly Asp Val Pro Trp Glu Met Phe Val Ala Ser Cys Lys 195 200 205		
30	Arg Leu Arg Ile Met Lys Gly Ser Glu Ala Ile Gly Leu Ala Pro Arg 210 215 220		
35	Ala Lys Asp Lys Tyr Lys Asn Lys Ser 225 230		
	<210> 164		
	<211> 233		
	<212> PRT		
	<213> <i>Triticum aestivum</i>		
	<400> 164		
40	Met Ala Gly Ala Asp Val Asp Val Gly Thr Glu Leu Arg Leu Gly Leu 1 5 10 15		
45	Pro Gly Gly Gly Ala Glu Ala Ala Lys Ala Gly Lys Arg Gly Tyr Glu 20 25 30		
50	Asp Thr Ile Asp Leu Lys Leu Thr Leu Pro Thr Gly Gly Met Gln Glu 35 40 45		
55	Asp Ser Ala Gly Lys Pro Glu Pro Ala Ala Asp Lys Ala Lys Arg Pro 50 55 60		
60	Ala Glu Ala Ala Ala Asp Pro Glu Lys Pro Pro Ala Pro Lys Ala 65 70 75 80		
65	Gln Ala Val Gly Trp Pro Pro Val Arg Ser Tyr Arg Arg Asn Ala Met 85 90 95		
	Thr Val Gln Ser Val Lys Ile Lys Lys Glu Glu Glu Thr Glu Lys Gln 100 105 110		

ES 2 364 152 T3

115
120
125

5 Lys Val Ser Met Asp Gly Ala Pro Tyr Leu Arg Lys Val Asp Leu Lys
130 135 140

10 Met Tyr Asn Thr Tyr Lys Asp Leu Ser Ile Ala Leu Gln Lys Met Phe
145 150 155 160

15 Ser Thr Phe Thr Ala Thr Gly Asn Glu Gly Lys Met Val Glu Ala Val
165 170 175

20 Asn Gly Ser Asp Val Val Thr Thr Tyr Glu Asp Lys Asp Gly Asp Trp
180 185 190

25 Met Leu Val Gly Asp Val Pro Trp Glu Met Phe Val Ala Ser Cys Lys
195 200 205

30 Arg Leu Arg Ile Met Lys Gly Ser Glu Ala Ile Gly Leu Ala Pro Arg
210 215 220

Ala Lys Asp Lys Tyr Lys Asn Lys Ser
225 230

<210> 165
<211> 302
<212> PRT
<213> *Pinus pinaster*

<400> 165

40 Met Glu Arg Phe Ala Asn Asp Val Asp Glu His Ser Leu Lys Glu Thr
1 5 10 15

Glu Leu Arg Leu Gly Leu Pro Gly Val Cys Glu Ser Asp Thr Gly Pro
20 25 30

45 Gly Gln Thr Arg Asn Gly Lys Arg Gly Phe Ser Glu Val Met Asp Ser
35 40 45

50 Thr Lys Ala Ser Ser Phe Asn Asp Asn Lys Trp Ile Phe Pro Ser Val
50 55 60

Lys Cys Gln Pro Ala Thr Ser Ala Ile Thr Glu Thr Ala Glu Ala Cys
65 70 75 80

Lys Gly Ser Gln Pro Gly Leu Phe Ser Ala Thr Pro Ser Gln Lys Ile
85 90 95

60 Met Met Gln Gly Gly Cys Gly Ala Pro Gln Ser Trp Ala Gly Asp Asn
100 105 110

65 Gly Leu Ser Arg Ser Thr Ala Pro Lys Asp Glu Leu His Pro Lys Thr

ES 2 364 152 T3

ES 2 364 152 T3

	50	55	60
5	Ala Val Gly Gly Ala	Ala Phe Val Lys Val	Ser Leu Asp Gly Ala Pro
	65	70	75 80
10	Tyr Leu Arg Lys Val	Asp Leu Lys Met Tyr	Lys Met Tyr Lys Ser Tyr
		85	90 95
15	Gln Glu Leu Ser Lys	Ala Leu Glu Lys Met	Phe Ser Ser Thr Ile Gly
		100	105 110
20	Ser Cys Gly Ser Gln	Gly Met Asn Gly Met	Asn Glu Ser Lys Leu Val
		115	120 125
25	Asp Leu Leu Asn Gly	Ser Glu Tyr Val Pro	Thr Tyr Glu Asp Lys Glu
		130	135 140
30	Gly Asp Trp Met Leu	Val Gly Asp Val Pro	Trp Glu Met Phe Val Glu
		145	150 155 160
35	Ser Cys Lys Arg Leu	Arg Ile Met Lys Gly	Ser Glu Ala Ile Gly Leu
		165	170 175
40	Ala Pro Arg Ala Met	Glu Lys Cys Lys Asn	Arg Ser
		180	185
45	<210> 167		
	<211> 252		
	<212> PRT		
	<213> <i>Glicina max</i>		
	<220>		
	<221> carac_divers		
	<222> (157)..(157)		
	<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza		
50	<400> 167		
	Met Ala Gly Leu Gly	Phe Glu Glu Thr Lys	Leu Arg Leu Gly Leu Pro
	1	5	10 15
55	Gly Gly Ser Asn Glu	Ala Glu Glu Ala Ala	Ala Ala Val Arg Ser Ser
		20	25 30
60	Gly Lys Arg Gly Tyr	Ala Glu Thr Ile Asp	Leu Val Leu Lys Leu Glu
		35	40 45
65	Pro Ala Ser Val Ala	Ala Pro Pro Phe Glu	Asp Asp Glu Glu Val Ala
		50	55 60
	Asp Gly Val Ala Glu	Ala Gln Pro Ser Pro	Ala Ala Ala Asp Gly Gln
	65	70	75 80

ES 2 364 152 T3

	Leu	Lys	Arg	Ser	Pro	Ser	Gln	Cys	Ser	Val	Val	Thr	Ala	Ala	Gln	Pro	
					85					90					95		
5	Asp	Ala	Asp	Pro	Glu	Lys	Pro	Arg	Ala	Pro	Lys	Ala	Gln	Ala	Val	Gly	
				100					105					110			
10	Trp	Pro	Pro	Val	Arg	Ser	Phe	Arg	Arg	Asn	Met	Leu	Ala	Ala	Thr	Ala	
				115				120					125				
15	Glu	Arg	Gly	Gly	Ala	Ala	Leu	Val	Lys	Val	Ser	Met	Asp	Gly	Ala	Pro	
		130					135					140					
20	Tyr	Leu	Arg	Lys	Val	Asp	Met	Gly	Thr	Tyr	Lys	Ser	Xaa	Gln	Glu	Leu	
	145					150					155					160	
25	Ser	Lys	Ala	Leu	Glu	Lys	Met	Phe	Ser	Ser	Phe	Thr	Ile	Gly	Asn	Asp	
					165					170					175		
30	Cys	Ser	Gln	Ala	Gln	Gly	Met	Thr	Gly	Met	Asn	Glu	Ser	Lys	Leu	Val	
				180					185					190			
35	Asp	Leu	Leu	Asn	Gly	Ser	Asp	Tyr	Val	Pro	Thr	Tyr	Glu	Asp	Lys	Asp	
		195						200					205				
40	Gly	Asp	Trp	Met	Leu	Val	Gly	Asp	Val	Pro	Trp	Glu	Met	Phe	Val	Ala	
		210					215					220					
45	Ser	Cys	Lys	Arg	Leu	Arg	Ile	Met	Lys	Gly	Ser	Glu	Ala	Ile	Gly	Leu	
	225					230					235					240	
50	Ala	Pro	Arg	Ala	Met	Glu	Lys	Cys	Lys	Ser	Arg	Ser					
					245					250							
55	<210>	168															
	<211>	236															
	<212>	PRT															
	<213>	<i>Oryza sativa</i>															
60	<400>	168															
65	Met	Ala	Gly	Ala	Asp	Val	Asp	Val	Gly	Thr	Glu	Leu	Arg	Leu	Gly	Leu	
	1				5					10					15		
70	Pro	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Ala	Ala	Glu	Ala	Ala	Ala	Lys	Ala	Ala	Lys	
				20					25					30			
75	Arg	Gly	Phe	Glu	Glu	Thr	Ile	Asp	Leu	Lys	Leu	Lys	Leu	Pro	Thr	Ala	
			35					40					45				
80	Gly	Met	Glu	Glu	Ala	Ala	Ala	Gly	Lys	Ala	Glu	Ala	Pro	Ala	Ala	Glu	
		50						55					60				

ES 2 364 152 T3

	Lys	Ala	Lys	Arg	Pro	Ala	Glu	Ala	Ala	Ala	Ala	Asp	Ala	Glu	Lys	Pro	65	70	75	80
5	Pro	Ala	Pro	Lys	Ala	Gln	Ala	Val	Gly	Trp	Pro	Pro	Val	Arg	Ser	Phe	85	90	95	
10	Arg	Arg	Asn	Ile	Met	Thr	Val	Gln	Ser	Val	Lys	Ser	Lys	Lys	Glu	Glu	100	105	110	
15	Glu	Ala	Asp	Lys	Gln	Gln	Gln	Gln	Pro	Ala	Ala	Asn	Ala	Ser	Gly	Ser	115	120	125	
20	Asn	Ser	Ser	Ala	Phe	Val	Lys	Val	Ser	Met	Asp	Gly	Ala	Pro	Tyr	Leu	130	135	140	
25	Arg	Lys	Val	Asp	Leu	Lys	Met	Tyr	Asn	Ser	Tyr	Lys	Asp	Leu	Ser	Leu	145	150	155	160
30	Ala	Leu	Gln	Lys	Met	Phe	Gly	Thr	Phe	Thr	Ala	Thr	Gly	Asn	Asn	Met	165	170	175	
35	Asn	Glu	Val	Asn	Gly	Ser	Asp	Ala	Val	Thr	Thr	Tyr	Glu	Asp	Lys	Asp	180	185	190	
40	Gly	Asp	Trp	Met	Leu	Val	Gly	Asp	Val	Pro	Trp	Gln	Met	Phe	Val	Glu	195	200	205	
45	Ser	Cys	Lys	Arg	Leu	Arg	Ile	Met	Lys	Gly	Ser	Glu	Ala	Ile	Gly	Leu	210	215	220	
50	Ala	Pro	Arg	Ala	Lys	Asp	Lys	Tyr	Lys	Asn	Lys	Ser					225	230	235	
	<210> 169																			
	<211> 302																			
	<212> PRT																			
	<213> <i>Pinus taeda</i>																			
55	<400> 169																			
60	Met	Glu	Arg	Phe	Ala	Asn	Asp	Gly	Asp	Glu	His	Ser	Leu	Lys	Glu	Thr	1	5	10	15
65	Glu	Leu	Arg	Leu	Gly	Leu	Pro	Gly	Val	Cys	Glu	Ser	Asp	Thr	Gly	Leu	20	25	30	
	Gly	Gln	Thr	Arg	Asn	Gly	Lys	Arg	Ala	Phe	Ser	Glu	Val	Met	Asp	Ser	35	40	45	
	Thr	Lys	Ala	Ser	Ser	Phe	Asn	Asp	Asn	Lys	Trp	Ile	Phe	Pro	Ser	Val	50	55	60	

ES 2 364 152 T3

	Lys	Cys	Gln	Pro	Pro	Thr	Ser	Ala	Ile	Thr	Glu	Thr	Ala	Glu	Ala	Cys	65	70	75	80
5	Lys	Gly	Ser	Gln	Pro	Gly	Leu	Phe	Ser	Ala	Thr	Pro	Gly	Gln	Lys	Ile	85	90	95	
10	Met	Met	Gln	Gly	Gly	Cys	Gly	Ala	Pro	Gln	Ser	Trp	Ala	Gly	Asp	Asn	100	105	110	
15	Gly	Leu	Ser	Lys	Ser	Thr	Ala	Pro	Lys	Asp	Glu	Leu	His	Pro	Lys	Thr	115	120	125	
20	Pro	Arg	Gly	Gly	Pro	Thr	Glu	Lys	Thr	Asn	Ala	Ala	Ser	Gln	Ser	Gln	130	135	140	
25	Ala	Ala	Thr	Asp	Pro	Ala	Met	Ala	Pro	Ala	Pro	Lys	Ala	Gln	Val	Val	145	150	155	160
30	Gly	Trp	Pro	Pro	Ile	Arg	Ser	Phe	Arg	Lys	Asn	Thr	Leu	Ala	Ala	Asn	165	170	175	
35	Ser	Lys	Pro	Asn	Asp	Glu	Gly	Ser	Ser	Ser	Asn	Ala	Leu	Tyr	Val	Lys	180	185	190	
40	Val	Ser	Met	Asp	Gly	Ala	Pro	Tyr	Leu	Arg	Lys	Val	Asp	Leu	Lys	Met	195	200	205	
45	Tyr	Ser	Thr	Tyr	His	Glu	Leu	Ser	Ser	Ala	Leu	Glu	Lys	Met	Phe	Ser	210	215	220	
50	Cys	Phe	Thr	Met	Gly	Gln	Cys	Gly	Ser	Pro	Gly	Leu	Ser	Glu	Ser	Lys	225	230	235	240
55	Leu	Ile	Asp	Leu	Leu	Asn	Gly	Ser	Glu	Tyr	Val	Pro	Thr	Tyr	Glu	Asp	245	250	255	
60	Lys	Asp	Gly	Asp	Trp	Met	Leu	Val	Gly	Asp	Val	Pro	Trp	Glu	Met	Phe	260	265	270	
65	Val	Asp	Ser	Cys	Lys	Arg	Leu	Arg	Ile	Thr	Lys	Ala	Ser	Glu	Ala	Ile	275	280	285	
	Gly	Leu	Ala	Pro	Arg	Ala	Met	Glu	Lys	Ser	Arg	Ser	Lys	Asn			290	295	300	
	<210> 170																			
	<211> 351																			
	<212> PRT																			
	<213> <i>Zinnia elegans</i>																			

ES 2 364 152 T3

<400> 170

5	Met	Pro	Pro	Pro	Leu	Leu	Gly	Val	Glu	Gly	Asp	Gly	Leu	Gly	Asn	Val	1	5	10	15
10	Ser	Leu	Met	Thr	Ser	Ala	Ser	Thr	Met	Glu	Ser	Ile	Phe	Gln	Lys	Asn	20	25	30	
15	Ala	Glu	Leu	Thr	Glu	Arg	Asn	Tyr	Leu	Gly	Leu	Ser	Asp	Cys	Ser	Ser	35	40	45	
20	Phe	Asp	Ser	Thr	Ala	Val	Ser	Gly	Ile	Ser	Glu	Val	Lys	Arg	Asn	Asn	50	55	60	
25	Leu	Asn	Leu	Lys	Ala	Thr	Glu	Leu	Arg	Leu	Gly	Leu	Pro	Gly	Ser	Gln	65	70	75	80
30	Ser	Pro	Glu	Arg	Asp	Val	Asp	Val	Asp	Leu	Val	Asn	Ser	Glu	Ser	Leu	85	90	95	
35	Asp	Glu	Lys	Pro	Leu	Phe	Pro	Leu	Leu	Pro	Ser	Lys	Asp	Gly	Ile	Cys	100	105	110	
40	Ser	Asn	Ser	Gln	Lys	Val	Phe	Val	Ser	Gly	Asn	Lys	Arg	Gly	Phe	Ser	115	120	125	
45	Asp	Ala	Ile	Asp	Glu	Gly	Lys	Trp	Met	Phe	Gly	Ser	Ser	Gly	Thr	Asp	130	135	140	
50	Ser	Glu	Thr	Ser	Asn	Met	Asn	Gly	Lys	Ile	Ser	Ser	Gly	Ala	Gln	Pro	145	150	155	160
55	Val	Met	Ile	Lys	Asp	Ala	Thr	Ser	Lys	Val	Val	Thr	Gln	Glu	Gln	Thr	165	170	175	
60	His	Ala	Thr	Phe	Gly	Thr	Asn	Leu	Asn	Ile	Val	Asn	Thr	Ser	Asn	Pro	180	185	190	
65	Pro	Ala	Ala	Lys	Ala	Gln	Val	Val	Gly	Trp	Pro	Pro	Val	Arg	Ser	Phe	195	200	205	
	Arg	Lys	Asn	Ile	Leu	Ala	Thr	Asn	Ser	Lys	Thr	Asn	Asp	Glu	Val	Asp	210	215	220	
	Gly	Lys	Pro	Gly	Pro	Gly	Ala	Leu	Phe	Val	Lys	Val	Ser	Met	Asp	Gly	225	230	235	240
	Ala	Pro	Tyr	Leu	Arg	Lys	Val	Asp	Leu	Arg	Ser	Tyr	Ser	Thr	Tyr	Gln	245	250	255	
	Gln	Leu	Ser	Ser	Ala	Ile	Glu	Lys	Met	Phe	Ser	Cys	Phe	Thr	Ile	Gly	260	265	270	

ES 2 364 152 T3

	Gln	Cys	Gly	Ser	Gln	Gly	Ala	Pro	Gly	Arg	Glu	Ser	Leu	Ser	Glu	Ser	
			275					280					285				
5	Lys	Leu	Arg	Asp	Leu	Leu	His	Gly	Ser	Glu	Tyr	Val	Leu	Thr	Tyr	Glu	
		290					295					300					
10	Asp	Lys	Asp	Gly	Asp	Trp	Met	Leu	Val	Gly	Asp	Val	Pro	Trp	Asp	Met	
	305					310					315					320	
15	Phe	Ile	Gly	Ser	Cys	Lys	Arg	Leu	Lys	Ile	Met	Lys	Gly	Ser	Asp	Ala	
					325					330					335		
20	Ile	Gly	Leu	Ala	Pro	Arg	Ala	Met	Glu	Lys	Ser	Lys	Asn	Arg	Asn		
				340					345					350			
25	<210> 171																
	<211> 359																
	<212> PRT																
	<213> <i>Vitis vinifera</i>																
30	<400> 171																
	Met	Ser	Pro	Pro	Leu	Leu	Gly	Val	Gly	Glu	Glu	Glu	Gly	Gln	Ser	Asn	
	1				5					10					15		
35	Val	Thr	Ile	Leu	Ala	Ser	Ser	Ala	Ser	Met	Glu	Ser	Val	Cys	Gln	Ile	
				20					25					30			
40	Ser	Ser	Gly	Leu	Lys	Glu	Arg	Asn	Tyr	Met	Gly	Leu	Ser	Glu	Cys	Ser	
			35					40					45				
45	Ser	Val	Asp	Ser	Ser	Ala	Ile	Ser	Thr	Asp	Ser	Asp	Gly	Asn	Lys	Ser	
		50					55					60					
50	Ser	Leu	Asn	Leu	Lys	Ala	Thr	Glu	Leu	Arg	Leu	Gly	Leu	Pro	Gly	Phe	
	65					70				75						80	
55	Leu	Ser	Pro	Gly	Arg	Glu	Pro	Glu	Leu	Cys	Leu	Leu	Ser	Ser	Thr	Lys	
					85					90					95		
60	Leu	Asp	Glu	Lys	Pro	Leu	Phe	Pro	Leu	His	Pro	Ser	Lys	Asp	Leu	Thr	
				100					105					110			
65	Tyr	Thr	Ser	Ser	Gln	Lys	Thr	Val	Val	Ser	Gly	Asn	Lys	Arg	Gly	Phe	
			115					120					125				
70	Ala	Asp	Ala	Met	Asn	Gly	Phe	Ser	Glu	Gly	Lys	Phe	Leu	Ala	Asn	Ser	
		130					135					140					
75	Glu	Val	Asn	Val	Met	Leu	Ser	Pro	Arg	Pro	Ser	Pro	Asn	Lys	Glu	Asn	
	145					150					155					160	

ES 2 364 152 T3

	Leu	Gly	Ser	Gln	Pro	Ala	Lys	Met	Lys	Glu	Met	Ala	Ser	Pro	Lys	Ile
					165					170					175	
5	Val	Gln	Glu	Arg	Pro	Arg	Ala	Thr	Asn	Glu	Thr	Pro	Pro	Asn	His	Thr
				180					185					190		
10	Gly	Thr	Gly	Asn	Asn	Asn	Ser	Ser	Ala	Pro	Ala	Thr	Lys	Ala	Gln	Val
			195					200					205			
15	Val	Gly	Trp	Pro	Pro	Ile	Arg	Ser	Phe	Arg	Lys	Asn	Thr	Leu	Ala	Thr
		210					215					220				
20	Thr	Ser	Lys	Asn	Thr	Glu	Val	Asp	Gly	Lys	Ala	Gly	Pro	Gly	Ala	Leu
	225					230					235					240
25	Phe	Val	Lys	Val	Ser	Met	Asp	Gly	Ala	Pro	Tyr	Leu	Arg	Lys	Val	Asp
					245					250					255	
30	Leu	Arg	Asn	Tyr	Ser	Ala	Tyr	Gln	Glu	Leu	Ser	Ser	Ala	Leu	Glu	Lys
				260					265					270		
35	Met	Phe	Ser	Cys	Phe	Thr	Ile	Gly	Gln	Tyr	Gly	Ser	His	Gly	Ala	Pro
			275					280					285			
40	Gly	Arg	Glu	Met	Leu	Ser	Glu	Ser	Lys	Leu	Lys	Asp	Leu	Leu	His	Gly
		290					295					300				
45	Ser	Glu	Tyr	Val	Leu	Thr	Tyr	Glu	Asp	Lys	Asp	Gly	Asp	Trp	Met	Leu
	305					310					315					320
50	Val	Gly	Asp	Val	Pro	Trp	Gln	Met	Phe	Ile	Glu	Thr	Cys	Lys	Arg	Leu
					325					330					335	
55	Arg	Ile	Met	Lys	Ser	Cys	Asp	Ala	Ile	Gly	Leu	Ala	Pro	Arg	Ala	Val
				340					345					350		
60	Glu	Lys	Cys	Lys	Asn	Arg	Asn									
			355													
	<210> 172															
	<211> 349															
	<212> PRT															
	<213> <i>Solanum tuberosum</i>															
	<400> 172															
60	Met	Ser	Pro	Pro	Leu	Leu	Gly	Val	Gly	Glu	Glu	Glu	Gly	Gln	Ser	Asn
	1				5					10					15	
65	Val	Thr	Leu	Leu	Ala	Ser	Ser	Thr	Ser	Leu	Gly	Ser	Ile	Cys	Lys	Lys
				20					25					30		

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	290		295		300
	Asp Gly Asp Trp Met Leu Val Gly Asp Val Pro Trp Glu Met Phe Ile				
	305		310		315
5					
	Asp Thr Cys Lys Arg Leu Arg Ile Met Lys Gly Ser Asp Ala Ile Gly				
		325		330	335
	Leu Ala Pro Arg Ala Met Glu Lys Cys Arg Ser Arg Asn				
10		340		345	
	<210> 173				
	<211> 130				
	<212> PRT				
15	<213> <i>Brassica napus</i>				
	<220>				
20	<221> carac_divers				
	<222> (122)..(122)				
	<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza				
25	<400> 173				
	Met Ile Gly Gln Leu Met Asn Leu Asn Ala Thr Glu Leu Cys Leu Gly				
	1	5		10	15
30					
	Leu Pro Gly Gly Thr Lys Ala Val Glu Ser Pro Ala Lys Ser Ser Val				
		20		25	30
35					
	Arg Asn Lys Arg Gly Phe Ser Glu Thr Met Asp Leu Met Leu Asn Leu				
		35		40	45
40					
	Gln Cys Asn Lys Glu Glu Thr Val Asp Leu Asn Asn Ala Thr Ala Ser				
		50		55	60
45					
	Lys Glu Lys Thr Leu Leu Lys Asp Pro Ala Lys Pro Pro Ala Lys Ala				
	65	70		75	80
	Gln Val Val Gly Trp Pro Pro Val Arg Asn Tyr Arg Lys Asn Met Met				
		85		90	95
50					
	Thr Gln Gln Lys Thr Ser Gly Glu Glu Glu Ala Ser Ser Glu Lys Ala				
		100		105	110
55					
	Gly Asn Gly Gly Gly Ala Ala Leu Val Xaa Val Ser Met Asp Gly Ala				
		115		120	125
60					
	Pro Tyr				
	130				
	<210> 174				
	<211> 308				
	<212> PRT				
65	<213> <i>Lycopersicon esculentum</i>				

ES 2 364 152 T3

<400> 174

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

ES 2 364 152 T3

Val Leu Thr Tyr Glu Asp Lys Asp Gly Asp Trp Met Leu Val Gly Asp
 260 265 270

5 Val Pro Trp Glu Met Phe Ile Asp Thr Cys Lys Arg Leu Arg Ile Met
 275 280 285

10 Lys Gly Ser Asp Ala Ile Gly Leu Ala Pro Arg Ala Met Glu Lys Cys
 290 295 300

15 Arg Ser Arg Asn
 305

<210> 175
 <211> 129
 20 <212> PRT
 <213> *Brassica napus*

<220>
 25 <221> carac_divers
 <222> (42)..(42)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

30 <400> 175

Met Ile Gly Gln Leu Met Asn Leu Lys Ala Thr Glu Leu Cys Leu Ser
 1 5 10 15

35 Leu Pro Gly Gly Ala Glu Thr Leu Asp Thr Pro Ala Lys Ser Ala Val
 20 25 30

40 Gly Asn Lys Arg Gly Phe Ser Glu Thr Xaa Asp Leu Met Leu Asn Leu
 35 40 45

45 Gln Ser Asn Lys Glu Arg Ala Ile Asp Leu Asn Asn Ala Thr Ala Ser
 50 55 60

Lys Gln Lys Thr Leu Leu Lys Asp Pro Val Lys Pro Pro Ala Lys Ala
 65 70 75 80

50 Gln Val Val Gly Trp Pro Pro Val Arg Asn Tyr Arg Lys Asn Ile Met
 85 90 95

55 Thr Asn Gln Lys Thr Ser Gly Ala Asp Glu Ala Ser Ser Glu Lys Ala
 100 105 110

60 Gly Asn Gly Gly Gly Gly Ala Thr Gly Ala Thr Leu Val Lys Val Ser
 115 120 125

65 Met

<210> 176
 <211> 233

ES 2 364 152 T3

<212> PRT

<213> *Oryza*

5 <400> 176

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

<210> 177

<211> 228

ES 2 364 152 T3

<212> PRT

<213> *Zea mays*

5 <400> 177

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

<210> 178

<211> 252

ES 2 364 152 T3

<212> PRT

<213> *Pinus taeda*

5 <400> 178

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

ES 2 364 152 T3

<210> 179

<211> 231

<212> PRT

5 <213> *Pinus taeda*

<400> 179

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

ES 2 364 152 T3

<210> 180

<211> 106

<212> PRT

5 <213> *Glicina max*

<400> 180

```

10      Met Asp Gly Ala Pro Tyr Leu Arg Lys Val Asp Ile Lys Leu Tyr Lys
      1              5              10              15

      Ser Tyr Gln Glu Leu Ser Asp Ala Leu Ala Lys Met Phe Ser Ser Phe
15              20              25              30

      Thr Ile Glu Lys Cys Gly Ser Gln Gly Met Lys Asp Phe Met Asn Glu
20              35              40              45

      Thr Asn Gly Ser Asp Tyr Val Pro Thr Tyr Glu Asp Lys Asp Gly Asp
      50              55              60

25      Trp Met Leu Val Gly Asp Val Pro Trp Glu Met Phe Val Glu Ser Cys
      65              70              75              80

30      Lys Arg Leu Arg Ile Met Lys Gly Ser Glu Ala Ile Gly Leu Ala Pro
              85              90              95

      Arg Ala Val Glu Lys Cys Lys Asn Arg Ser
35              100              105

```

<210> 181

<211> 97

<212> PRT

40 <213> *Mirabilis jalapa*

<400> 181

```

45      Lys Ser Tyr Gln Asp Leu Ser Asp Ala Leu Gly Lys Met Phe Ser Ser
      1              5              10              15

      Phe Thr Leu Gly Asn Tyr Gly Ser Gln Gly Met Ile Asp Phe Met Asn
50              20              25              30

      Glu Ser Lys Leu Met Asp Leu Ile Asn Gly Ser Asp Tyr Val Pro Thr
      35              40              45

55      Tyr Glu Asp Lys Asp Gly Asp Trp Met Leu Val Gly Asp Val Pro Trp
      50              55              60

60      Glu Met Phe Val Glu Ser Cys Lys Arg Leu Arg Ile Met Lys Gly Lys
      65              70              75              80

      Glu Ala Ala Gly Leu Ala Pro Arg Ala Met Glu Lys Cys Lys Asn Arg
65              85              90              95

      Ile

```

ES 2 364 152 T3

<210> 182

<211> 208

<212> PRT

5 <213> *Gossypium hirsutum*

<400> 182

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

<210> 183

<211> 193

65 <212> PRT

<213> *Vigna radiata*

ES 2 364 152 T3

<400> 183

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

<210> 184

<211> 167

<212> PRT

<213> *Pisum sativum*

<400> 184

65	Val	Val	Val	Ser	Lys	Arg	Gly	Phe	Ser	Glu	Thr	Glu	Ser	Glu	Ser	Glu	1	5	10	15

ES 2 364 152 T3

	Ser	Glu	Ser	Glu	Ile	Thr	Thr	Val	Asp	Leu	Lys	Leu	Asn	Leu	Ser	Pro	
				20					25					30			
5	Lys	Glu	Gly	Ala	Ala	Asp	Pro	Gln	Leu	Lys	Pro	Lys	Glu	Lys	Ser	Leu	
			35					40					45				
10	Leu	Val	Ser	Asp	Ser	Gly	Thr	Lys	Pro	Pro	Ala	Lys	Ala	Gln	Val	Val	
		50					55					60					
15	Gly	Trp	Pro	Pro	Val	Arg	Ser	Phe	Arg	Lys	Asn	Met	Phe	Ala	Gly	Gln	
	65					70					75					80	
20	Lys	Ser	Ile	Gly	Gly	Ser	Glu	Glu	Thr	Thr	Lys	Lys	Ser	Ser	Asp	Gly	
					85					90					95		
25	Ser	Asn	Ala	Ile	Ser	Phe	Val	Lys	Val	Ser	Met	Asp	Gly	Ala	Pro	Tyr	
				100					105					110			
30	Leu	Arg	Lys	Ile	Asp	Leu	Lys	Met	Tyr	Lys	Ser	Tyr	Pro	Glu	Leu	Ser	
			115					120					125				
35	Asp	Ala	Leu	Ala	Lys	Met	Phe	Asn	Ser	Ile	Thr	Asn	Gly	Asn	Cys	Glu	
		130					135					140					
40	Ser	Gln	Gly	Ile	Lys	Asp	Phe	Met	Lys	Glu	Ser	Asn	Lys	Met	Met	Asp	
	145					150					155					160	
45	Leu	Leu	Asn	Thr	Ser	Asp	Tyr										
					165												
	<210> 185																
	<211> 190																
	<212> PRT																
	<213> <i>Gossypium barbadense</i>																
	<400> 185																
50	Met	Glu	Gly	Ser	Val	Gly	Tyr	Asp	Asn	Asp	Leu	Asn	Leu	Arg	Ala	Thr	
	1				5					10					15		
55	Glu	Leu	Arg	Leu	Gly	Leu	Pro	Gly	Thr	Glu	Pro	Val	Ser	Ile	Val	Arg	
			20						25					30			
60	Ser	Asn	Lys	Arg	Ser	Leu	Gln	Gln	Val	Ala	Asp	Asp	Asp	Cys	Gly	Val	
			35					40					45				
65	Asn	Gly	Cys	Arg	Ser	Asp	Asp	Gln	Asn	Glu	Thr	Ala	Pro	Pro	Pro	Pro	
		50					55					60					
	Lys	Ala	Gln	Ile	Val	Gly	Trp	Pro	Pro	Ile	Arg	Ser	Tyr	Arg	Lys	Asn	
	65					70					75					80	

ES 2 364 152 T3

	Asn	Ile	Gln	Thr	Lys	Lys	Asn	Glu	Ser	Glu	Gly	Gly	Gly	Ile	Tyr	Val	
					85					90					95		
5	Lys	Val	Ser	Met	Asp	Gly	Ala	Pro	Tyr	Leu	Arg	Lys	Ile	Asp	Leu	Lys	
				100					105					110			
10	Ile	Tyr	Ser	Gly	Tyr	Pro	Glu	Leu	Leu	Gln	Ala	Ile	Glu	Asn	Met	Phe	
			115					120					125				
15	Lys	Phe	Thr	Ile	Gly	Glu	Tyr	Ser	Glu	Arg	Glu	Gly	Tyr	Lys	Gly	Ser	
		130						135				140					
20	Asp	Tyr	Ala	Pro	Thr	Tyr	Glu	Asp	Lys	Asp	Gly	Asp	Trp	Met	Leu	Val	
	145					150					155				160		
25	Gly	Asp	Val	Pro	Trp	Glu	Met	Phe	Ile	Thr	Ser	Cys	Lys	Arg	Leu	Arg	
					165					170					175		
30	Ile	Met	Lys	Gly	Ser	Glu	Ala	Arg	Gly	Leu	Gly	Cys	Gly	Val			
				180					185					190			
	<210>	186															
	<211>	218															
	<212>	PRT															
	<213>	<i>Glicina max</i>															
35	<400>	186															
40	Thr	Asn	Pro	Pro	Ala	Lys	Ala	Gln	Val	Val	Gly	Trp	Pro	Pro	Val	Arg	
	1				5					10					15		
45	Ser	Tyr	Arg	Lys	Asn	Met	Ile	Ala	Val	Gln	Lys	Val	Ser	Asn	Glu	Glu	
				20					25					30			
50	Val	Ala	Asp	Asn	Thr	Thr	Ile	Ser	Thr	Leu	Ala	Asn	Ser	Gly	Ala	Phe	
			35					40					45				
55	Val	Gln	Val	Ser	Met	Asp	Gly	Ala	Pro	Tyr	Leu	Arg	Lys	Val	Asp	Leu	
		50					55					60					
60	Pro	Met	Tyr	Lys	Ser	Tyr	Ile	Arg	Leu	Ile	Ser	Cys	Leu	Gly	Gln	Asn	
	65					70					75					80	
65	Val	Gln	Leu	Leu	His	His	Gly	Tyr	Leu	Trp	Gly	Pro	Arg	Asn	Asp	Ile	
					85					90					95		
70	Phe	Met	Asn	Asp	Ser	Lys	Leu	Met	Asp	Leu	Pro	Pro	Ser	Ser	Glu	Tyr	
				100					105					110			
75	Val	Pro	Pro	His	Gln	Asn	Thr	Asp	Gly	Asp	Trp	Met	Leu	Val	Gly	Asp	
			115					120					125				

ES 2 364 152 T3

	Val	Pro	Trp	Glu	Met	Phe	Val	Val	Val	Met	Gln	Pro	Pro	Gly	Glu	Ile	
	130						135					140					
5	Met	Asn	Gly	Ser	Glu	Thr	Ile	Gly	Pro	Cys	Val	Gln	Asn	Ile	Gly	Lys	
	145					150					155					160	
10	Met	Gln	Lys	Gln	Lys	Gly	Lys	Leu	Ala	Gln	Tyr	Asn	Val	Leu	Arg	Glu	
					165					170					175		
15	Ile	Pro	Tyr	Ala	Thr	Gly	Pro	Met	Glu	Gln	Ile	Ile	Ser	Pro	Thr	Ser	
				180					185					190			
20	Ala	Thr	Leu	Trp	Ser	Gly	Met	Leu	Leu	Val	Glu	Cys	Val	Trp	Cys	Leu	
			195					200					205				
25	Ala	Phe	Cys	Ser	Tyr	Lys	Asp	Cys	Val	Val							
	210						215										
30	<210> 187																
	<211> 172																
	<212> PRT																
	<213> <i>Antirrhinum majus</i>																
35	<400> 187																
35	Lys	Ala	Thr	Glu	Leu	Arg	Leu	Gly	Leu	Pro	Gly	Thr	Asp	Glu	Ser	Glu	
	1				5					10					15		
40	Pro	Gln	Thr	Ser	Ser	Ser	Ile	Lys	Asn	Asn	Asn	Asn	Lys	Arg	Ser	Ser	
				20					25					30			
45	Ser	Glu	Met	Gln	Gly	Ser	Cys	Gln	Lys	Ser	Thr	Gln	Gln	Glu	Glu	Ser	
			35					40					45				
50	Ile	Ala	Pro	Ala	Pro	Lys	Ala	Gln	Val	Val	Gly	Trp	Pro	Pro	Val	Arg	
	50						55					60					
55	Ser	Phe	Arg	Lys	Asn	Val	Met	Lys	Ala	Ser	Glu	Ser	Asp	Gly	Ser	Gly	
	65					70					75					80	
60	Met	Phe	Val	Lys	Val	Ser	Met	Asp	Gly	Ala	Pro	Tyr	Leu	Arg	Lys	Ile	
					85					90					95		
65	Asp	Leu	Lys	Phe	Tyr	Asn	Asn	Tyr	Phe	Asp	Leu	Leu	Lys	Ala	Leu	Glu	
				100					105					110			
70	Asn	Met	Phe	Lys	Cys	Thr	Ile	Gly	Val	Tyr	Ser	Glu	Arg	Glu	Gly	Tyr	
			115					120					125				
75	Asn	Gly	Ser	Glu	Phe	Ala	Pro	Thr	Tyr	Glu	Asp	Lys	Asp	Gly	Asp	Trp	
	130						135					140					

ES 2 364 152 T3

Met Leu Val Gly Asp Val Pro Trp Asp Met Phe Ile Thr Ser Cys Lys
145 150 155 160

5 Arg Leu Arg Ile Met Gln Ser Lys Leu Cys Cys Leu
165 170

<210> 188

10 <211> 71

<212> PRT

<213> *Glicina max*

15 <400> 188

Met Ile Asp Phe Met Asn Glu Ser Lys Leu Met Asp Leu Leu Asn Ser
1 5 10 15

20 Ser Glu Tyr Val Pro Ser Tyr Glu Asp Lys Asp Gly Asp Trp Met Leu
20 25 30

25 Val Gly Asp Val Pro Trp Glu Met Phe Val Glu Ser Cys Lys Arg Leu
35 40 45

30 Arg Ile Met Lys Gly Ser Glu Ala Ile Gly Leu Ala Pro Arg Ala Met
50 55 60

Glu Lys Cys Lys Ser Arg Ser
65 70

35 <210> 189

<211> 99

<212> PRT

40 <213> *Lycopersicon esculentum*

<220>

<221> carac_divers

45 <222> (76)..(77)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

<400> 189

50 Val Arg Ser Phe Arg Lys Asn Val Met Thr Val Gln Lys Asn Thr Thr
1 5 10 15

55 Gly Ala Gly Glu Ile Ser Gly Thr Gly Thr Gly Ala Ala Phe Val Lys
20 25 30

60 Val Ser Val Asp Gly Ala Pro Tyr Leu Arg Lys Val Asp Leu Lys Met
35 40 45

Tyr Lys Ser Tyr Gln Gln Leu Ser Asp Ala Leu Gly Lys Met Phe Ser
50 55 60

65 Ser Phe Thr Ile Gly Asn Cys Gly Thr Gln Gly Xaa Xaa Asp Phe Met
65 70 75 80

ES 2 364 152 T3

	Asn	Glu	Ser	Lys	Leu	Ile	Asp	Leu	Leu	Asn	Gly	Ser	Asp	Tyr	Val	Pro
					85					90					95	
5	Thr	Tyr	Glu													
	<210> 190															
10	<211> 484															
	<212> PRT															
	<213> <i>Physcomitrella patens</i>															
15	<400> 190															
	Met	Asn	Val	Ser	Glu	Gly	Cys	Ser	Thr	Leu	Thr	Gly	Ala	Gln	Leu	Lys
	1				5					10					15	
20																
	Tyr	Ser	Thr	Asp	Lys	Ser	Asn	Met	Ser	Tyr	Glu	Thr	Val	Tyr	Arg	Asp
				20					25					30		
25																
	Ala	Ala	Val	Glu	Ser	Pro	Gln	Arg	Glu	Val	Ser	Asn	Glu	Ser	Gly	Ser
			35					40					45			
30																
	Thr	Leu	Lys	Glu	His	Asp	Tyr	Phe	Gly	Leu	Ser	Glu	Val	Leu	Ser	Ser
	50						55					60				
35																
	Asn	Ser	Ser	Ser	Gly	Lys	Gln	Pro	Glu	Lys	Cys	Cys	Arg	Glu	Glu	Leu
	65					70					75					80
40																
	Asn	Leu	Asn	Glu	Ser	Ala	Thr	Thr	Leu	Gln	Leu	Gly	Pro	Pro	Ala	Ala
					85					90					95	
45																
	Val	Lys	Pro	Ser	Gly	Gln	Ala	Asp	Gly	Asp	Asp	Ala	His	Asp	Glu	Gly
				100					105					110		
50																
	Ala	Gly	Pro	Glu	Asn	Pro	Ala	Lys	Arg	Ser	Ala	Tyr	His	Met	Gln	Gln
			115					120					125			
55																
	Glu	Ser	Leu	Ala	Asp	Gly	Arg	Lys	Ala	Ala	Ala	Glu	Met	Gly	Ser	Phe
	130						135					140				
60																
	Lys	Ile	Gln	Arg	Lys	Asn	Ile	Leu	Glu	Glu	Phe	Arg	Ala	Met	Lys	Ala
	145					150					155					160
65																
	His	Ala	His	Met	Thr	Lys	Ser	Pro	Lys	Thr	Val	Gln	Thr	Met	Gln	His
					165					170					175	
70																
	Asn	Met	His	Val	Ser	Tyr	Ser	Gly	Ala	Gln	Met	Ala	Phe	Gly	Gly	Ala
				180					185					190		
75																
	Lys	Asn	Asn	Gly	Val	Lys	Arg	Val	Phe	Ser	Glu	Ala	Val	Val	Ala	Asn
			195					200					205			

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

465 470 475 480

5 Val Ala Val Gly

<210> 191

<211> 503

10 <212> PRT

<213> *Physcomitrella patens*

15 <400> 191

Met Lys Phe Ser Asn Glu Val Val His Lys Ser Met Asn Ile Thr Glu
1 5 10 15

20 Asp Cys Ser Ala Leu Thr Gly Ala Leu Leu Lys Tyr Ser Thr Asp Lys
20 25 30

25 Ser Asn Met Asn Phe Glu Thr Leu Tyr Arg Asp Ala Ala Val Glu Ser
35 40 45

Pro Gln His Glu Val Ser Asn Glu Ser Gly Ser Thr Leu Lys Glu His
50 55 60

30 Asp Tyr Phe Gly Leu Ser Glu Val Ser Ser Ser Asn Ser Ser Ser Gly
65 70 75 80

35 Lys Gln Pro Glu Lys Cys Cys Arg Glu Glu Leu Asn Leu Asn Glu Ser
85 90 95

Ala Thr Thr Leu Gln Leu Gly Pro Pro Ala Ala Val Lys Pro Ser Gly
100 105 110

40 His Ala Asp Gly Ala Asp Ala His Asp Glu Gly Ala Gly Pro Glu Asn
115 120 125

45 Pro Ala Lys Arg Pro Ala His His Met Gln Gln Glu Ser Leu Ala Asp
130 135 140

50 Gly Arg Lys Ala Ala Ala Glu Met Gly Ser Phe Lys Ile Gln Arg Lys
145 150 155 160

Asn Ile Leu Glu Glu Phe Arg Ala Met Lys Ala Gln Ala His Met Thr
165 170 175

55 Lys Ser Pro Lys Pro Val His Thr Met Gln His Asn Met His Ala Ser
180 185 190

60 Phe Ser Gly Ala Gln Met Ala Phe Gly Gly Ala Lys Asn Asn Gly Val
195 200 205

Lys Arg Val Phe Ser Glu Ala Val Gly Gly Asn His Ile Ala Ala Ser

65

ES 2 364 152 T3

[illegible]

ES 2 364 152 T3

<210> 192

<211> 102

<212> PRT

5 <213> *Lycopersicon esculentum*

<400> 192

```

10      Val Arg Ser Phe Arg Lys Asn Met Leu Ser Gln Lys Gly Asn Asn Asn
      1              5              10              15

15      Asn Asn Asn Asn Glu Glu Ile Ser Glu Lys Asp Glu Lys Thr Ile Ala
      20              25              30

20      Phe Val Lys Val Ser Met Asp Gly Ala Pro Tyr Leu Arg Lys Val Asp
      35              40              45

25      Leu Lys Met Tyr Lys Ser Tyr Gln Gln Leu Ser His Ser Leu Thr Asn
      50              55              60

30      Met Phe Ser Ser Phe Thr Met Gly Asn Tyr Gly Ser Gln Gly Met Ile
      65              70              75              80

35      Asp Phe Met Asn Glu Arg Lys Leu Met Asp Val Leu Asn Ser Ser Asp
      85              90              95

40      Tyr Val Pro Thr Tyr Glu
      100

```

<210> 193

40 <211> 183

<212> PRT

<213> *Avena sativa*

45 <400> 193

```

50      Tyr Arg Val Ser Ile Gly Leu Pro Gly Asn Gly Gly Trp Cys Ser Gly
      1              5              10              15

55      Trp Gly Arg Gly Asp Asp Gly Gly Ala Ala Asn Ala Arg Ala Ser Val
      20              25              30

60      Gln Gly Arg Gly Glu Thr Trp Val Arg Arg Arg Ser Gly Arg Gln Gly
      35              40              45

65      Cys Gly Gly Gly Gly Gly Arg Arg Glu Glu Glu Gly Ala Gly Pro Ala
      50              55              60

70      Ala Lys Ala Gln Val Val Gly Trp Pro Pro Ile Arg Ser Tyr Arg Lys

```

ES 2 364 152 T3

	65		70		75		80									
5	Asn	Thr	Met	Ala	Thr	Ser	Leu	Ser	Ala	Pro	Arg	Ser	Lys	Asp	Glu	Val
				85					90						95	
10	Glu	Ala	Lys	Gln	Ala	Pro	Val	Ala	Gly	Cys	Leu	Tyr	Val	Lys	Val	Ser
				100					105					110		
15	Met	Asp	Gly	Ala	Pro	Tyr	Leu	Arg	Lys	Val	Asp	Leu	Lys	Met	Tyr	Lys
			115					120					125			
20	Asn	Tyr	Lys	Asp	Leu	Ser	Leu	Glu	Leu	Glu	Lys	Lys	Phe	Ser	Cys	Phe
		130					135					140				
25	Thr	Val	Gly	His	Gly	Glu	Ser	Asn	Gly	Lys	Ser	Gly	Arg	Asp	Gly	Leu
	145					150					155					160
30	Ser	Asp	Cys	Arg	Leu	Met	Asp	Pro	Lys	Ser	Gly	Ala	Glu	Leu	Val	Leu
					165					170					175	
35	Thr	Tyr	Glu	Asp	Lys	Asp	Gly									
				180												
	<210> 194															
	<211> 174															
	<212> PRT															
	<213> <i>Zea mays</i>															
	<220>															
40	<221> carac_divers															
	<222> (152)..(152)															
	<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza															
45	<400> 194															
	Met	Ala	Gly	Ala	Asp	Val	Asp	Val	Gly	Thr	Glu	Leu	Arg	Leu	Gly	Leu
	1				5				10					15		
50	Pro	Gly	Gly	Gly	Ala	Asp	Ala	Ala	Lys	Ala	Ala	Lys	Arg	Gly	Phe	Glu
				20					25					30		
55	Asp	Thr	Ile	Asp	Leu	Lys	Leu	Lys	Leu	Pro	Thr	Ala	Gly	Met	Glu	Glu
			35					40					45			
60	Ala	Ala	Ala	Ala	Ala	Ala	Ala	Ala	Ala	Lys	Pro	Glu	Pro	Ala	Ala	Glu
	50						55					60				
65	Lys	Ala	Lys	Arg	Pro	Ala	Glu	Ala	Pro	Ala	Ala	Asp	Ala	Glu	Lys	Pro
	65					70				75					80	
65	Pro	Ala	Pro	Lys	Ala	Gln	Ala	Val	Gly	Trp	Pro	Pro	Val	Arg	Ser	Tyr
				85					90						95	

ES 2 364 152 T3

	Arg	Arg	Asn	Val	Met	Thr	Val	Gln	Ser	Val	Lys	Ser	Lys	Lys	Glu	Glu	
				100					105					110			
5	Glu	Pro	Glu	Lys	Gln	Gln	Ser	Ala	Ala	Asn	Ala	Gly	Gly	Asn	Gly	Ser	
			115					120					125				
10	Ala	Phe	Val	Lys	Val	Ser	Met	Asp	Gly	Ala	Pro	Tyr	Leu	Arg	Lys	Val	
		130					135					140					
15	Asp	Leu	Lys	Met	Tyr	Asn	Ser	Xaa	His	Gly	Ala	Leu	Arg	Cys	Ser	Glu	
	145					150					155					160	
	Glu	Asp	Val	Gln	His	Leu	His	His	Ile	Arg	Glu	Gln	His	Glu			
					165					170							
20	<210> 195																
	<211> 51																
	<212> PRT																
25	<213> <i>Cucumis sativus</i>																
	<400> 195																
30	Leu	Thr	Cys	Glu	Asp	Lys	Asp	Gly	Asp	Trp	Met	Leu	Val	Gly	Asp	Val	
	1				5					10					15		
	Pro	Trp	Glu	Met	Phe	Thr	Glu	Ser	Cys	Arg	Arg	Leu	Arg	Ile	Met	Lys	
				20					25					30			
35	Gly	Ser	Glu	Ala	Ile	Gly	Leu	Ala	Pro	Arg	Ala	Thr	Glu	Lys	Cys	Lys	
			35					40					45				
40	Asn	Arg	Asn														
			50														
45	<210> 196																
	<211> 48																
	<212> PRT																
	<213> <i>Mirabilis jalapa</i>																
50	<400> 196																
	Glu	Asp	Arg	Asp	Gly	Asp	Trp	Met	Leu	Val	Gly	Asp	Val	Pro	Trp	Glu	
	1				5					10					15		
55	Met	Phe	Val	Asn	Ser	Cys	Lys	Arg	Leu	Arg	Ile	Met	Lys	Gly	Ser	Glu	
				20					25					30			
60	Ala	Ile	Gly	Leu	Ala	Pro	Arg	Ala	Val	Glu	Lys	Cys	Lys	Ser	Arg	Ser	
			35					40					45				
65	<210> 197																
	<211> 52																
	<212> PRT																
	<213> <i>Mirabilis jalapa</i>																

ES 2 364 152 T3

<400> 197

	Asn	Val	Leu	Thr	Tyr	Glu	Asp	Lys	Asp	Gly	Asp	Trp	Met	Leu	Val	Gly
	1				5					10					15	

5

	Asp	Val	Pro	Trp	Glu	Met	Phe	Ile	Asp	Ser	Cys	Lys	Arg	Leu	Lys	Ile
				20					25					30		

10

	Met	Lys	Ser	Ser	Asp	Ala	Ile	Gly	Leu	Ala	Pro	Arg	Thr	Met	Glu	Lys
			35					40					45			

15

	Ser	Lys	Ser	Gln
		50		

<210> 198

<211> 86

20 <212> PRT

<213> *Glicina max*

<220>

25 <221> carac_divers

<222> (85)..(85)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

30 <400> 198

	Met	Ala	Thr	Met	Leu	Thr	Lys	Glu	His	Gly	Leu	Asn	Leu	Lys	Glu	Thr
	1				5					10					15	

35

	Glu	Leu	Cys	Leu	Gly	Leu	Pro	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly
				20				25						30		

40

	Gly	Glu	Val	Glu	Thr	Pro	Arg	Ala	Thr	Gly	Lys	Arg	Gly	Phe	Ser	Glu
			35					40					45			

45

	Thr	Val	Asp	Leu	Lys	Leu	Asn	Leu	His	Ser	Lys	Glu	Asp	Leu	Asn	Glu
		50					55					60				

50

	Asn	Leu	Lys	Asn	Val	Ser	Lys	Glu	Lys	Thr	Leu	Leu	Lys	Asp	Pro	Ala
	65					70					75					80

55

	Lys	Pro	Pro	Ala	Xaa	Ala
					85	

<210> 199

<211> 75

<212> PRT

60 <213> *Glicina max*

<400> 199

65

	Met	Thr	Thr	Met	Leu	Thr	Asn	Glu	His	Gly	Leu	Ser	Leu	Asn	Leu	Lys
	1				5					10					15	

ES 2 364 152 T3

Glu Thr Glu Leu Cys Leu Gly Leu Pro Gly Gly Gly Ser Glu Val Glu
 20 25 30

5 Thr Pro Arg Ala Thr Gly Lys Arg Gly Phe Ser Glu Thr Val Asp Leu
 35 40 45

10 Lys Leu Asn Leu Gln Thr Lys Glu Asp Leu Asn Glu Asn Leu Lys Asn
 50 55 60

15 Val Ser Lys Glu Lys Thr Leu Leu Lys Asp Pro
 65 70 75

<210> 200
 <211> 111
 20 <212> PRT
 <213> *Citrus limon*

<400> 200

25 Met Glu Thr Ser Val Pro Tyr Glu Asn Asp Leu Asn Leu Lys Ala Thr
 1 5 10 15

30 Glu Leu Arg Leu Gly Leu Pro Gly Ser Asp Glu Asn Glu Gln Gln Thr
 20 25 30

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

35 Lys Asp Lys Ser Asp Glu Ala Ala Ser Val Ala Lys Ala Gln Val Val
 50 55 60

40 Gly Trp Pro Pro Ile Arg Ser Tyr Arg Lys Asn Ser Leu Gln Gln Lys
 65 70 75 80

Lys Asn Glu Gly Glu Cys Ala Gly Ile Tyr Val Lys Val Ser Met Asp
 85 90 95

45 Gly Ala Pro Tyr Leu Arg Lys Ile Asp Leu Lys Leu Tyr Asn Gly
 100 105 110

<210> 201
 50 <211> 122
 <212> PRT
 <213> *Zea mays*

55 <220>
 <221> carac_divers
 <222> (113)..(113)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

60 <400> 201

65 Met Ala Gly Ala Asp Val Asp Val Gly Thr Glu Leu Arg Leu Gly Leu
 1 5 10 15

ES 2 364 152 T3

Pro Gly Gly Gly Ala Asp Ala Ala Lys Ala Ala Lys Arg Gly Phe Glu
20 25 30

5 Asp Thr Ile Asp Leu Lys Leu Lys Leu Pro Thr Ala Gly Met Glu Glu
35 40 45

10 Ala Ala Ala Ala Ala Ala Lys Pro Glu Pro Ala Ala Glu Lys Ala
50 55 60

15 Lys Arg Pro Ala Glu Ala Pro Ala Ala Asp Ala Glu Lys Pro Pro Ala
65 70 75 80

20 Pro Lys Ala Gln Ala Val Gly Trp Pro Pro Val Arg Ser Tyr Arg Arg
85 90 95

25 Asn Val Met Thr Val Gln Ser Val Lys Ser Lys Lys Glu Glu Glu Pro
100 105 110

30 Xaa Lys Gln Gln Ser Ala Ala Asn Ala Gly
115 120

<210> 202

<211> 43

<212> PRT

<213> *Brassica napus*

35 <400> 202

Met Ile Gly Glu Leu Ile Asn Leu Lys Ala Thr Glu Leu Cys Leu Gly
1 5 10 15

40 Leu Pro Gly Gly Ala Glu Ala Asn Glu Asn Leu Glu Lys Ser Ala Val
20 25 30

45 Gly Asn Lys Arg Gly Phe Ser Glu Thr Val Asp
35 40

<210> 203

50 <211> 85

<212> PRT

<213> *Triticum aestivum*

55 <220>

<221> carac_divers

<222> (36)..(36)

60 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

<220>

<221> carac_divers

65 <222> (78)..(78)

<223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

ES 2 364 152 T3

<400> 203

5	Met	Asp	Gly	Ala	Pro	Tyr	Leu	Arg	Lys	Val	Asp	Leu	Asn	Met	Tyr	Lys
	1				5					10					15	
10	Thr	Tyr	Gln	Asp	Leu	Ser	Lys	Ala	Leu	Glu	Lys	Met	Phe	Ser	Ser	Phe
			20						25					30		
15	Thr	Ile	Gly	Xaa	Leu	Trp	Asn	Ser	Arg	Asp	Glu	Arg	His	Glu	Arg	Lys
			35					40					45			
20	Gln	Ala	Asp	Gly	Ser	Ala	Gln	Trp	Ile	Arg	Val	Cys	Ser	Asp	Val	Arg
		50					55					60				
25	Gly	Gln	Gly	Arg	Arg	Leu	Asp	Ala	Arg	Arg	Arg	Arg	Pro	Xaa	Gly	Arg
	65					70					75					80
30	Cys	Ser	Ser	Ser	His											
					85											

<210> 204

<211> 127

<212> PRT

30 <213> *Glicina max*

<400> 204

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

<210> 205

<211> 164

65 <212> PRT

<213> *Parthenium argentatum*

ES 2 364 152 T3

<400> 205

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

<210> 206

<211> 231

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 206

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

ES 2 364 152 T3

	Lys Phe Phe Leu Gly Ser Asn Lys Val Met Gln Val Ala Leu Gly Arg	65	70	75	80
5	Ser Ala Glu Asp Glu Leu Arg Ser Gly Ile Tyr Lys Val Ser Lys Leu	85	90	95	
10	Leu Arg Gly Asp Thr Gly Leu Leu Val Thr Asp Met Pro Lys Glu Glu	100	105	110	
15	Val Glu Ser Leu Phe Asn Ala Tyr Glu Asp Ser Asp Phe Ser Arg Thr	115	120	125	
20	Gly Ser Ile Ala Val Glu Thr Glu Gly Pro Leu Glu Gln Phe Thr His	130	135	140	
25	Glu Met Glu Pro Leu Leu Arg Lys Leu Glu Met Pro Val Arg Leu Asn	145	150	155	160
30	Lys Gly Thr Val Glu Leu Val Ala Asp Phe Val Val Cys Glu Glu Gly	165	170	175	
35	Lys Gln Leu Ser Pro Lys Ser Ala His Ile Leu Arg Leu Leu Arg Met	180	185	190	
40	Lys Met Ala Thr Phe Lys Leu Asn Leu Leu Cys Arg Trp Ser Pro Ser	195	200	205	
45	Asp Phe Glu Leu Tyr Arg Glu Asp Leu Ser Glu Leu Tyr Arg Glu Asp	210	215	220	
50	Leu Ser Asp Val Glu Thr Ser	225	230		
	<210> 207				
	<211> 229				
	<212> PRT				
	<213> <i>Glicina max</i>				
55	Met Pro Lys Ser Lys Arg Asn Arg Gln Val Thr Leu Ser Lys Thr Lys	1	5	10	15
60	Lys Lys Gly Arg Asp His Lys Glu Thr Ile Val Asn Gly Ile Lys Asp	20	25	30	
65	Ala Ala Glu Lys Tyr Gly His Val Tyr Val Phe Ser Phe Glu Asn Met	35	40	45	
	Arg Asn Gln Lys Phe Lys Glu Phe Arg Asp Gln Leu Lys Ser Ser Ser	50	55	60	

ES 2 364 152 T3

	Arg	Phe	Phe	Leu	Gly	Ser	Asn	Lys	Val	Met	Gln	Val	Ala	Leu	Gly	Arg
	65					70				75					80	
5	Ser	Ala	Ser	Asp	Glu	Ile	Arg	Pro	Gly	Leu	His	Lys	Val	Ser	Lys	Leu
				85					90					95		
10	Leu	Arg	Gly	Asp	Ser	Gly	Met	Val	Phe	Thr	Asn	Leu	Ser	Lys	Glu	Glu
			100						105					110		
15	Val	Glu	Arg	Leu	Phe	Lys	Glu	Phe	Glu	Glu	Tyr	Asp	Phe	Ala	Arg	Thr
			115					120					125			
20	Gly	Ser	Asn	Ala	Thr	Glu	Lys	Val	Asp	Leu	Lys	Glu	Gly	Pro	Leu	Glu
		130					135					140				
25	Gln	Phe	Thr	His	Glu	Met	Glu	Pro	Phe	Leu	Arg	Lys	Gln	Gly	Met	Pro
	145					150					155					160
30	Val	Arg	Leu	Asn	Lys	Gly	Val	Val	Glu	Leu	Val	Ser	Asp	Phe	Val	Val
				165						170					175	
35	Cys	Glu	Glu	Gly	Lys	Pro	Leu	Ser	Pro	Glu	Ala	Ser	Arg	Ile	Leu	Arg
				180					185					190		
40	Leu	Met	Gly	Ile	Lys	Met	Ala	Thr	Phe	Arg	Leu	Ser	Leu	Ile	Cys	Arg
			195					200					205			
45	Trp	Ser	Pro	Asp	Glu	Phe	Glu	Leu	Tyr	Ile	Asp	Gly	Pro	Asp	Glu	Ser
		210					215					220				
50	Asp	Ile	Glu	Cys	Ser											
	225															
	<210>	208														
	<211>	234														
	<212>	PRT														
	<213>	<i>Triticum aestivum</i>														
55	Met	Pro	Lys	Ser	Lys	Arg	Asn	Arg	Ser	Val	Thr	Leu	Ser	Lys	Thr	Lys
	1				5					10					15	
60	Lys	Lys	Pro	Gly	Leu	Glu	Arg	Lys	Gly	Lys	Val	Val	Thr	Glu	Ile	Lys
				20					25					30		
65	Asp	Ala	Ile	Glu	Arg	His	Ser	Ser	Ala	Tyr	Val	Phe	Thr	Tyr	Asn	Asn
		35						40					45			
70	Met	Arg	Asn	Gln	Lys	Leu	Lys	Asp	Leu	Arg	Asp	Gln	Leu	Lys	Ser	Ser
	50						55					60				

ES 2 364 152 T3

	Ser	Arg	Ile	Phe	Leu	Ala	Gly	Lys	Lys	Val	Met	Gln	Ile	Ala	Leu	Gly	
	65					70					75					80	
5	Arg	Ser	Pro	Ala	Asp	Glu	Ala	Lys	Thr	Gly	Leu	His	Lys	Leu	Ser	Lys	
					85					90					95		
10	Phe	Leu	Gln	Gly	Ala	Ser	Gly	Leu	Leu	Phe	Thr	Asn	Leu	Pro	Arg	Asp	
				100					105					110			
15	Asp	Val	Glu	Arg	Leu	Phe	Arg	Glu	Phe	Glu	Val	Asn	Asp	Phe	Ala	Arg	
			115					120					125				
20	Thr	Gly	Ser	Ile	Ala	Thr	Gln	Thr	Val	Glu	Leu	Lys	Glu	Gly	Pro	Leu	
		130					135					140					
25	Glu	Gln	Phe	Ser	His	Glu	Met	Glu	Pro	Phe	Leu	Arg	Lys	Gln	Gly	Leu	
	145					150					155					160	
30	Pro	Val	Arg	Leu	Asn	Lys	Gly	Val	Val	Glu	Leu	Val	Ala	Asp	His	Val	
					165					170					175		
35	Val	Cys	Glu	Glu	Gly	Lys	Pro	Leu	Ser	Pro	Glu	Ala	Ala	His	Thr	Leu	
				180					185					190			
40	Arg	Val	Leu	Gly	Thr	Lys	Met	Ala	Thr	Phe	Arg	Leu	Tyr	Leu	Val	Cys	
			195					200					205				
45	Arg	Trp	Ser	Ser	Asp	Asp	Phe	Glu	Val	Tyr	Lys	Glu	Gly	Leu	Ala	His	
		210					215					220					
50	Leu	Gly	Gly	Glu	Glu	Ala	Asp	Glu	Ser	Ser							
	225					230											
	<210>	209															
	<211>	231															
	<212>	PRT															
	<213>	<i>Zea mays</i>															
55	Met	Pro	Lys	Ser	Lys	Cys	Asn	Arg	Pro	Val	Thr	Leu	Ser	Lys	Thr	Lys	
	1				5					10					15		
60	Lys	Lys	Pro	Gly	Leu	Glu	Arg	Lys	Gly	Lys	Val	Val	Ala	Glu	Ile	Lys	
				20					25					30			
65	Asp	Ala	Val	Asp	Lys	Tyr	Ser	Ser	Ala	Tyr	Val	Phe	Thr	Tyr	Asp	Asn	
		35						40					45				
70	Met	Arg	Asn	Gln	Lys	Leu	Lys	Asp	Leu	Arg	Glu	Gln	Leu	Lys	Ser	Ser	
	50						55					60					

ES 2 364 152 T3

	Ser	Arg	Ile	Phe	Leu	Ala	Gly	Lys	Lys	Val	Met	Gln	Ile	Ala	Leu	Gly	
	65					70					75					80	
5	Arg	Ser	Pro	Ala	Asp	Glu	Ala	Lys	Thr	Gly	Leu	His	Lys	Leu	Ser	Lys	
					85					90					95		
10	Phe	Leu	Gln	Gly	Asn	Ser	Gly	Leu	Leu	Phe	Thr	Asn	Leu	Pro	Arg	Asp	
				100					105					110			
15	Asp	Val	Glu	Arg	Met	Phe	Arg	Glu	Phe	Glu	Glu	His	Asp	Phe	Ala	Arg	
			115					120					125				
20	Thr	Gly	Ser	Thr	Ala	Ala	Asp	Thr	Val	Glu	Leu	Lys	Glu	Gly	Pro	Leu	
	130						135					140					
25	Glu	Gln	Phe	Thr	His	Glu	Met	Glu	Pro	Phe	Leu	Arg	Lys	Gln	Gly	Leu	
	145					150					155					160	
30	Pro	Val	Arg	Leu	Asn	Lys	Gly	Val	Val	Glu	Leu	Val	Ala	Asp	His	Val	
					165					170					175		
35	Val	Cys	Glu	Glu	Gly	Lys	Pro	Leu	Ser	Pro	Glu	Ala	Ala	Gln	Thr	Leu	
				180					185					190			
40	Arg	Leu	Leu	Gly	Ile	Gln	Met	Ala	Thr	Phe	Arg	Leu	Tyr	Leu	Val	Cys	
			195					200					205				
45	Arg	Trp	Ser	Ser	Asp	Glu	Phe	Glu	Ala	Tyr	Lys	Glu	Gly	Leu	Met	His	
	210						215					220					
50	Leu	Gly	Ala	Asp	Asp	Ser	Ser										
	225					230											
	<210>	210															
	<211>	139															
	<212>	PRT															
	<213>	<i>Brassica napus</i>															
	<400>	210															
55	Met	Pro	Lys	Ser	Lys	Arg	Asp	Arg	Pro	Val	Thr	Leu	Ser	Lys	Thr	Lys	
	1				5					10					15		
60	Lys	Lys	Gly	Arg	Glu	His	Lys	Glu	Cys	Ile	Val	Asn	Gly	Ile	Arg	Glu	
				20					25					30			
65	Ala	Val	Glu	Lys	Tyr	Ser	Ser	Val	Tyr	Val	Phe	Ser	Phe	Glu	Asn	Met	
			35					40					45				
70	Arg	Asn	Ile	Lys	Phe	Lys	Glu	Phe	Arg	Gln	Gln	Phe	Arg	His	Asn	Gly	
	50						55					60					

ES 2 364 152 T3

Arg Phe Phe Leu Gly Ser Asn Lys Val Met Gln Val Ala Leu Gly Arg
 65 70 75 80

5

Ser Ala Ser Asp Glu Ile Cys Pro Gly Ile Phe Lys Ala Ser Lys Leu
 85 90 95

10

Leu His Gly Asp Ala Gly Leu Leu Val Thr Asp Met Pro Lys Glu Glu
 100 105 110

15

Val Glu Ser Leu Phe Asn Ala Tyr Glu Asp Ser Asp Phe Ser Arg Thr
 115 120 125

20

Gly Ser Thr Ala Val Glu Thr Val Glu Leu Lys
 130 135

<210> 211
 <211> 178
 <212> PRT
 <213> *Zea mays*
 <220>
 <221> carac_divers
 <222> (168)..(168)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza
 <400> 211

35

Met Pro Lys Ser Lys Arg Asn Arg Pro Val Thr Leu Ser Lys Thr Lys
 1 5 10 15

40

Lys Lys Pro Gly Leu Glu Arg Lys Gly Lys Val Val Ala Glu Ile Lys
 20 25 30

45

Asp Ala Val Asp Lys Tyr Ser Ser Ala Tyr Val Phe Thr Tyr Asp Asn
 35 40 45

50

Met Arg Asn Gln Lys Leu Lys Asp Leu Arg Glu Gln Leu Lys Ser Ser
 50 55 60

55

Ser Arg Ile Phe Leu Ala Gly Lys Lys Val Met Gln Ile Ala Leu Gly
 65 70 75 80

60

Arg Ser Pro Ala Asp Glu Ala Lys Thr Gly Leu His Lys Leu Ser Lys
 85 90 95

65

Phe Leu Gln Gly Asn Ser Gly Leu Leu Phe Thr Asn Leu Pro Arg Asp
 100 105 110

Asp Val Glu Arg Met Phe Arg Glu Phe Glu Glu His Asp Phe Ala Arg
 115 120 125

ES 2 364 152 T3

Thr Gly Ser Thr Ala Ile Asp Thr Val Glu Leu Lys Glu Gly Pro Leu
 130 135 140

5

Glu Gln Phe Thr His Glu Met Glu Pro Phe Leu Arg Lys Gln Gly Leu
 145 150 155 160

10

Pro Val Arg Leu Lys Gln Gly Xaa Cys Arg Val Gly Cys Arg Pro Cys
 165 170 175

Ser Leu

15

<210> 212
 <211> 170
 <212> PRT
 <213> *Glicina max*
 <400> 212

25

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

30

Lys Lys Gly Arg Asp His Lys Glu Thr Ile Val Asn Gly Ile Lys Asp
 20 25 30

35

Ala Ala Glu Lys Tyr Gly Cys Val Tyr Val Phe Ser Phe Glu Asn Met
 35 40 45

40

Arg Asn Gln Lys Leu Lys Glu Phe Arg Glu Gln Leu Lys Ser Asn Ser
 50 55 60

45

Arg Phe Phe Leu Gly Ser Asn Lys Val Met Gln Val Ala Leu Gly Arg
 65 70 75 80

50

Ser Ala Ser Asp Glu Ile Arg Pro Gly Leu His Lys Val Ser Lys Leu
 85 90 95

55

Leu Arg Gly Asp Ser Gly Met Phe Phe Thr Asn Leu Ser Lys Glu Glu
 100 105 110

60

Val Glu Arg Leu Phe Lys Glu Phe Glu Glu Tyr Asp Phe Ala Arg Thr
 115 120 125

65

Gly Ser Ile Ala Thr Glu Lys Val Ile Gly Val Ser Ser Tyr Asp Tyr
 130 135 140

Asp Phe Phe Ile Gln His Gly Met Val Leu Gly Pro Leu Gly Gly Ser
 145 150 155 160

Cys Lys Thr Ala Ile Glu Thr Ser Asn Leu
 165 170

ES 2 364 152 T3

<210> 213
 <211> 112
 <212> PRT
 5 <213> *Brassica napus*

 <220>
 <221> carac_divers
 10 <222> (22)..(22)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 <220>
 15 <221> carac_divers
 <222> (26)..(26)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 20 <220>
 <221> carac_divers
 <222> (34)..(34)
 25 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 <220>
 <221> carac_divers
 30 <222> (65)..(66)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 <220>
 35 <221> carac_divers
 <222> (90)..(90)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 40 <400> 213

 Met Pro Lys Ser Lys Arg Asp Arg Pro Val Thr Leu Ser Lys Thr Lys
 1 5 10 15

 45 Lys Lys Gly Arg Glu Xaa Lys Glu Thr Xaa Val Asn Gly Ile Arg Glu
 20 25 30

 50 Ala Xaa Glu Lys Tyr Ser Ser Val Tyr Val Phe Ser Phe Glu Asn Met
 35 40 45

 55 Arg Asn Ile Lys Phe Lys Glu Phe Arg Gln Gln Phe Arg His Asn Gly
 50 55 60

 Xaa Xaa Phe Leu Gly Ser Asn Lys Val Met Gln Val Ala Leu Gly Arg
 65 70 75 80
 60
 Ser Ala Ser Asp Glu Met His Pro Gly Xaa Phe Lys Val Ser Lys Met
 85 90 95
 65
 Leu Arg Gly Asp Ala Gly Leu Leu Val Thr Asp Met Pro Lys Glu Glu
 100 105 110

ES 2 364 152 T3

<210> 214
 <211> 148
 <212> PRT
 5 <213> *Glicina max*

 <220>
 <221> carac_divers
 10 <222> (3)..(4)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 <220>
 15 <221> carac_divers
 <222> (12)..(12)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 20 <220>
 <221> carac_divers
 <222> (33)..(33)
 25 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 <220>
 <221> carac_divers
 30 <222> (39)..(39)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 <220>
 35 <221> carac_divers
 <222> (44)..(44)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 40 <220>
 <221> carac_divers
 <222> (47)..(47)
 45 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 <220>
 <221> carac_divers
 50 <222> (53)..(53)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 <220>
 55 <221> carac_divers
 <222> (58)..(58)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 60 <220>
 <221> carac_divers
 <222> (63)..(63)
 65 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

<220>
 <221> carac_divers
 <222> (68)..(69)
 5 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 <220>
 <221> carac_divers
 10 <222> (79)..(79)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 <220>
 15 <221> carac_divers
 <222> (81)..(81)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 20 <220>
 <221> carac_divers
 <222> (83)..(83)
 25 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 <220>
 <221> carac_divers
 30 <222> (88)..(88)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 <220>
 35 <221> carac_divers
 <222> (91)..(91)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 40 <220>
 <221> carac_divers
 <222> (104)..(104)
 45 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 <220>
 <221> carac_divers
 50 <222> (109)..(109)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 <220>
 55 <221> carac_divers
 <222> (122)..(122)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 60 <220>
 <221> carac_divers
 <222> (131)..(131)
 65 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

ES 2 364 152 T3

<220>
 <221> carac_divers
 <222> (142)..(144)
 5 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

<220>
 <221> carac_divers
 10 <222> (148)..(148)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

15 <400> 214

	Met	Pro	Xaa	Xaa	Lys	Arg	Asn	Arg	Gln	Val	Thr	Xaa	Ser	Lys	Thr	Lys
	1				5					10					15	
20	Lys	Lys	Gly	Arg	Asp	His	Lys	Glu	Thr	Ile	Val	Asn	Gly	Ile	Lys	Asp
				20					25					30		
25	Xaa	Ala	Glu	Lys	Tyr	Gly	Xaa	Val	Tyr	Val	Phe	Xaa	Phe	Glu	Xaa	Met
			35					40					45			
30	Arg	Asn	Gln	Lys	Xaa	Lys	Glu	Phe	Arg	Xaa	Gln	Leu	Lys	Ser	Xaa	Ser
		50					55					60				
35	Arg	Phe	Phe	Xaa	Xaa	Ser	Asn	Lys	Val	Met	Gln	Val	Ala	Leu	Xaa	Arg
	65					70					75					80
40	Xaa	Ala	Xaa	Asp	Glu	Ile	Arg	Xaa	Gly	Leu	Xaa	Lys	Val	Ser	Lys	Leu
				85						90					95	
45	Leu	Arg	Gly	Asp	Ser	Gly	Met	Xaa	Phe	Thr	Asn	Leu	Xaa	Lys	Glu	Glu
				100					105					110		
50	Val	Glu	Arg	Leu	Phe	Lys	Glu	Phe	Glu	Xaa	Tyr	Asp	Phe	Ala	Arg	Thr
			115					120					125			
55	Gly	Ser	Xaa	Ala	Thr	Glu	Lys	Val	Asp	Leu	Lys	Glu	Gly	Xaa	Xaa	Xaa
		130					135					140				
60	Ala	Ile	His	Xaa												
	145															
65	<210>	215														
	<211>	101														
	<212>	PRT														
60	<213>	<i>Brassica napus</i>														
	<220>															
	<221>	carac_divers														
65	<222>	(14)..(15)														
	<223>	Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza														

ES 2 364 152 T3

<220>
 <221> carac_divers
 <222> (19)..(19)
 5 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 <220>
 <221> carac_divers
 10 <222> (31)..(31)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 <220>
 15 <221> carac_divers
 <222> (77)..(77)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 20 <220>
 <221> carac_divers
 <222> (92)..(92)
 25 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 <220>
 <221> carac_divers
 30 <222> (99)..(99)
 <223> Xaa puede ser cualquier aminoácido que se de en la naturaleza

 <400> 215
 35 Met Pro Lys Ser Lys Arg Asp Arg Thr Val Thr Leu Ser Xaa Xaa Lys
 1 5 10 15

 40 Lys Lys Xaa Arg Glu His Lys Glu Ile Ile Val Asn Gly Ile Xaa Glu
 20 25 30

 45 Ala Val Glu Lys His Thr Ser Val Tyr Val Phe Ser Phe Glu Asn Met
 35 40 45

 Arg Asn Ile Lys Phe Lys Glu Phe Arg Asn Gln Phe Arg His Thr Gly
 50 55 60
 50 Arg Phe Phe Leu Gly Ser Asn Lys Val Met Gln Val Xaa Leu Gly Arg
 65 70 75 80

 55 Ser Ala Ser Asp Glu Ile Arg Pro Gly Ile Phe Xaa Val Ser Lys Leu
 85 90 95

 Leu His Xaa Asp Ala
 60 100

 <210> 216
 <211> 2161
 <212> DNA
 65 <213> *Arabidopsis thaliana*

ES 2 364 152 T3

<220>

<221> CDS

<222> (178)..(1176)

5

<400> 216

	aacccaaaaa agcttctaac aaagagaaag tgtctgtatg ttgtgcccac tctctacatt	60
10	tatcaatcac ttcatgtgtg ttaccttgat tgcaaaaaag tgagaatata ttctcacaac	120
	attaaatcca ccccgaaatc gaagtgaagta tatcacgagt gtagtaatat cttagag	177
15	atg gtt ttg gag gat aga aag gac ggt tct tct ttg ccg gga cga tcc	225
	Met Val Leu Glu Asp Arg Lys Asp Gly Ser Ser Leu Pro Gly Arg Ser	
	1 5 10 15	
	ggt agt ttc tct aaa tcg tca ccg tcg gag ttg gat gtt gtt gat cca	273
20	Gly Ser Phe Ser Lys Ser Ser Pro Ser Glu Leu Asp Val Val Asp Pro	
	20 25 30	
	tac aag cgg ata agt tcg ccg gga tct ata ttg gat gcc gag aag gtg	321
25	Tyr Lys Arg Ile Ser Ser Pro Gly Ser Ile Leu Asp Ala Glu Lys Val	
	35 40 45	
	gag aaa aag cct gga gga tgg aga gcc gtc tcg ttc att tta gga aat	369
	Glu Lys Lys Pro Gly Gly Trp Arg Ala Val Ser Phe Ile Leu Gly Asn	
	50 55 60	
30	gag acg ctg gag aga ctg gga tcg ata gga ttg ttg gca aac ttc atg	417
	Glu Thr Leu Glu Arg Leu Gly Ser Ile Gly Leu Leu Ala Asn Phe Met	
	65 70 75 80	
35	gtt tat cta acc aaa gtg ttt cac tta gaa caa gtc gac gct gca aat	465
	Val Tyr Leu Thr Lys Val Phe His Leu Glu Gln Val Asp Ala Ala Asn	
	85 90 95	
	gtc atc aac att tgg tca ggt ttc acc aat ctc act cct ctc gtc gga	513
40	Val Ile Asn Ile Trp Ser Gly Phe Thr Asn Leu Thr Pro Leu Val Gly	
	100 105 110	
	acg tat atc tca gac act tac gtt ggc cgc ttc aag acc atc gct ttc	561
45	Thr Tyr Ile Ser Asp Thr Tyr Val Gly Arg Phe Lys Thr Ile Ala Phe	
	115 120 125	
	gcc tca ttc gcc act ctc ctc gga cta ata aca att aca ctc aca gca	609
	Ala Ser Phe Ala Thr Leu Leu Gly Leu Ile Thr Ile Thr Leu Thr Ala	
	130 135 140	
50	tcg ttt cct caa ctc cac cca gca tca tgc aac agc cag gac cca ctc	657
	Ser Phe Pro Gln Leu His Pro Ala Ser Cys Asn Ser Gln Asp Pro Leu	

55

60

65

ES 2 364 152 T3

	145		150		155		160	
5	agc tgc ggc ggt ccg aat aag ctc cag atc gga gtt ttg cta ttg gga	705						
	Ser Cys Gly Gly Pro Asn Lys Leu Gln Ile Gly Val Leu Leu Gly							
		165			170		175	
10	ctc tgt ttc ctc tcc gta ggg agt gga gga ata cga cct tgt agc atc	753						
	Leu Cys Phe Leu Ser Val Gly Ser Gly Gly Ile Arg Pro Cys Ser Ile							
		180			185		190	
15	cct ttt ggg gtt gat cag ttt gac caa cga act gag gaa ggg gtt aaa	801						
	Pro Phe Gly Val Asp Gln Phe Asp Gln Arg Thr Glu Glu Gly Val Lys							
		195			200		205	
20	gga gtg gcc agt ttc ttc aac tgg tat tac atg act ttc act gtg gtt	849						
	Gly Val Ala Ser Phe Phe Asn Trp Tyr Tyr Met Thr Phe Thr Val Val							
		210			215		220	
25	ctg atc att aca cag acc gta gtt gtg tat atc cag gat caa gtc agt	897						
	Leu Ile Ile Thr Gln Thr Val Val Val Tyr Ile Gln Asp Gln Val Ser							
		225			230		235	
30	tgg att atc ggt ttt agt atc cct acc gga ctc atg gct ctt gcg gtt	945						
	Trp Ile Ile Gly Phe Ser Ile Pro Thr Gly Leu Met Ala Leu Ala Val							
		245			250		255	
35	gtt atg ttt ttt gcc gga atg aag cgt tat gtc tac gtt aaa cca gaa	993						
	Val Met Phe Phe Ala Gly Met Lys Arg Tyr Val Tyr Val Lys Pro Glu							
		260			265		270	
40	gga agt ata ttc tct ggg atc gct caa gtt atc gtg gca gct cgt aag	1041						
	Gly Ser Ile Phe Ser Gly Ile Ala Gln Val Ile Val Ala Ala Arg Lys							
		275			280		285	
45	aag cga agg ctg aaa ctt ccg gcg gaa gat gac ggc act gta cct att	1089						
	Lys Arg Arg Leu Lys Leu Pro Ala Glu Asp Asp Gly Thr Val Pro Ile							
		290			295		300	
50	acg aca cag cca tca agt cta gcg tgt tat cca agt tac acc gca gta	1137						
	Thr Thr Gln Pro Ser Ser Leu Ala Cys Tyr Pro Ser Tyr Thr Ala Val							
		305			310		315	
55	acc aat tca ggt gtc ttg aca aag ccg cgg tgg tta tag aaggtgacct	1186						
	Thr Asn Ser Gly Val Leu Thr Lys Pro Arg Trp Leu							
		325			330			
60	aacacccgag ggacctcccg cagacaagtg gcggttatgc agcgtccaag aagtgaaga	1246						
	agtgaagtgt ttgatccgaa ttgttcctat ctggctcgcc ggaataatct cactcgcggc	1306						
65	catgacaaca caaggcactt tcacggtctc tcaagctttg aaaatggatc gaaacttagg	1366						
	tcctaaattc gagattccgg ctggttcact ctccgtcatc tctctcctca caatcggcac	1426						
70	ctttcttccc ttctacgacc gcgtttttgt accattcatg cggcgaatca ccggccataa	1486						
	atccggaatc acactcctcc aaaggatagg aacagggatc gttttcgcca tcttttctat	1546						
75	gatcgttgcg ggcattgtgg agcgtatgag acgcatacgc tccatcaatg ccggagatcc	1606						
	aacgggaatg actccaatgt cgggtgtttg gctttcgccg cagctaattc tcatgggact	1666						
80	atgtgaagca ttcaatatca tcggacaaat tgagttcttc aacagtcagt ttccagagca	1726						
85	catgagaagt atcgctaatt ctctcttctc tttatcgttc gccggttcga gctaccttag	1786						
	tagtttccct gtgactgtcg ttcataaatt ctccggtggg catgatcgtc cggattggct	1846						

ES 2 364 152 T3

```

aaacaagaat ctcaacgcgg gaaaattgga ttacttctat tatctgattg cggttttggg 1906
tgtgggtaat ctgggtttact ttgggtattg tgctcgggga taccgggtaca aggtcgggttt 1966
5 accgattgaa gactttgagg aggacaagtc ctccgatgat gttgagatga cttccaagaa 2026
atcgatggaa tgattttaata gactatcctt agggacaaca agaagattgt cgatgttggt 2086
10 tgaataatta ctatgacaat gtatgtatca taatatgtaa gaactagaat atataataaa 2146
tttttacctt tcatg 2161

```

```

15 <210> 217
    <211> 332
    <212> PRT
    <213> Arabidopsis thaliana
20
    <400> 217

```

```

25 Met Val Leu Glu Asp Arg Lys Asp Gly Ser Ser Leu Pro Gly Arg Ser
    1 5 10 15

Gly Ser Phe Ser Lys Ser Ser Pro Ser Glu Leu Asp Val Val Asp Pro
30 20 25 30

Tyr Lys Arg Ile Ser Ser Pro Gly Ser Ile Leu Asp Ala Glu Lys Val
35 35 40 45

Glu Lys Lys Pro Gly Gly Trp Arg Ala Val Ser Phe Ile Leu Gly Asn
50 50 55 60

Glu Thr Leu Glu Arg Leu Gly Ser Ile Gly Leu Leu Ala Asn Phe Met
40 65 70 75 80

Val Tyr Leu Thr Lys Val Phe His Leu Glu Gln Val Asp Ala Ala Asn
45 85 90 95

Val Ile Asn Ile Trp Ser Gly Phe Thr Asn Leu Thr Pro Leu Val Gly
100 105 110

Thr Tyr Ile Ser Asp Thr Tyr Val Gly Arg Phe Lys Thr Ile Ala Phe
50 115 120 125

Ala Ser Phe Ala Thr Leu Leu Gly Leu Ile Thr Ile Thr Leu Thr Ala
55 130 135 140

Ser Phe Pro Gln Leu His Pro Ala Ser Cys Asn Ser Gln Asp Pro Leu
145 150 155 160

60 Ser Cys Gly Gly Pro Asn Lys Leu Gln Ile Gly Val Leu Leu Leu Gly
    165 170 175

Leu Cys Phe Leu Ser Val Gly Ser Gly Gly Ile Arg Pro Cys Ser Ile
65 180 185 190

```

ES 2 364 152 T3

	Pro	Phe	Gly	Val	Asp	Gln	Phe	Asp	Gln	Arg	Thr	Glu	Glu	Gly	Val	Lys	
			195					200					205				
5	Gly	Val	Ala	Ser	Phe	Phe	Asn	Trp	Tyr	Tyr	Met	Thr	Phe	Thr	Val	Val	
		210					215					220					
10	Leu	Ile	Ile	Thr	Gln	Thr	Val	Val	Val	Tyr	Ile	Gln	Asp	Gln	Val	Ser	
	225					230					235					240	
15	Trp	Ile	Ile	Gly	Phe	Ser	Ile	Pro	Thr	Gly	Leu	Met	Ala	Leu	Ala	Val	
					245					250					255		
20	Val	Met	Phe	Phe	Ala	Gly	Met	Lys	Arg	Tyr	Val	Tyr	Val	Lys	Pro	Glu	
				260					265					270			
25	Gly	Ser	Ile	Phe	Ser	Gly	Ile	Ala	Gln	Val	Ile	Val	Ala	Ala	Arg	Lys	
			275					280					285				
30	Lys	Arg	Arg	Leu	Lys	Leu	Pro	Ala	Glu	Asp	Asp	Gly	Thr	Val	Pro	Ile	
		290					295					300					
35	Thr	Thr	Gln	Pro	Ser	Ser	Leu	Ala	Cys	Tyr	Pro	Ser	Tyr	Thr	Ala	Val	
	305					310					315					320	
40	Thr	Asn	Ser	Gly	Val	Leu	Thr	Lys	Pro	Arg	Trp	Leu					
					325					330							
	<210> 218																
	<211> 1863																
	<212> DNA																
	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>																
	<220>																
45	<221> CDS																
	<222> (1)..(1863)																
	<223> cDNA de longitud completa del que el clon Ceres 15650 es una Versión truncada																
50	<400> 218																
	atg	gtt	ttg	gag	gat	aga	aag	gac	ggt	tct	tct	ttg	cgg	gga	cga	tcc	48
	Met	Val	Leu	Glu	Asp	Arg	Lys	Asp	Gly	Ser	Ser	Leu	Pro	Gly	Arg	Ser	
55	1				5					10				15			
	ggt	agt	ttc	tct	aaa	tcg	tca	ccg	tcg	gag	ttg	gat	gtt	gtt	gat	ccc	96
	Gly	Ser	Phe	Ser	Lys	Ser	Ser	Pro	Ser	Glu	Leu	Asp	Val	Val	Asp	Pro	
				20					25				30				
60	tac	aag	cgg	ata	agt	tcg	ccg	gga	tct	ata	ttg	gat	gct	gag	aag	gta	144
	Tyr	Lys	Arg	Ile	Ser	Ser	Pro	Gly	Ser	Ile	Leu	Asp	Ala	Glu	Lys	Val	
			35					40					45				
65	gag	aaa	aag	cct	gga	gga	tgg	aga	gcc	gtc	tcg	ttc	att	tta	gga	aat	192
	Glu	Lys	Lys	Pro	Gly	Gly	Trp	Arg	Ala	Val	Ser	Phe	Ile	Leu	Gly	Asn	
		50					55					60					

ES 2 364 152 T3

		gag	acg	ctg	gag	aga	ctg	gga	tcg	ata	gga	ttg	ttg	gca	aac	ttc	atg	240
		Glu	Thr	Leu	Glu	Arg	Leu	Gly	Ser	Ile	Gly	Leu	Leu	Ala	Asn	Phe	Met	
		65					70					75					80	
5		gtt	tat	cta	acc	aaa	gtg	ttt	cac	tta	gaa	caa	gtc	gac	gct	gca	aat	288
		Val	Tyr	Leu	Thr	Lys	Val	Phe	His	Leu	Glu	Gln	Val	Asp	Ala	Ala	Asn	
						85					90					95		
10		gtc	atc	aac	att	tgg	tca	ggg	ttc	acc	aat	ctc	act	cct	ctc	gtc	gga	336
		Val	Ile	Asn	Ile	Trp	Ser	Gly	Phe	Thr	Asn	Leu	Thr	Pro	Leu	Val	Gly	
					100					105					110			
15		gcg	tat	atc	tca	gac	act	tat	gtt	ggc	cgc	ttc	aag	acc	atc	gct	ttc	384
		Ala	Tyr	Ile	Ser	Asp	Thr	Tyr	Val	Gly	Arg	Phe	Lys	Thr	Ile	Ala	Phe	
			115						120					125				
20		gcc	tca	ttc	gcc	act	ctc	ctc	gga	cta	ata	aca	att	aca	ctc	aca	gca	432
		Ala	Ser	Phe	Ala	Thr	Leu	Leu	Gly	Leu	Ile	Thr	Ile	Thr	Leu	Thr	Ala	
			130					135					140					
25		tcg	ttt	cct	caa	ctc	cac	cca	gca	tca	tgc	aac	agc	cag	gac	cca	ctc	480
		Ser	Phe	Pro	Gln	Leu	His	Pro	Ala	Ser	Cys	Asn	Ser	Gln	Asp	Pro	Leu	
		145					150					155					160	
30		agt	tgc	ggc	ggg	ccg	aat	aag	ctc	cag	atc	gga	gtt	ttg	cta	ttg	gga	528
		Ser	Cys	Gly	Gly	Pro	Asn	Lys	Leu	Gln	Ile	Gly	Val	Leu	Leu	Leu	Gly	
						165				170					175			
35		ctc	tgt	ttc	ctc	tcc	gta	ggg	agt	gga	gga	ata	cga	cct	tgt	agc	atc	576
		Leu	Cys	Phe	Leu	Ser	Val	Gly	Ser	Gly	Gly	Ile	Arg	Pro	Cys	Ser	Ile	
					180					185					190			
40		cct	ttt	ggg	gtt	gat	cag	ttt	gac	caa	cga	act	gag	gaa	ggg	gtt	aaa	624
		Pro	Phe	Gly	Val	Asp	Gln	Phe	Asp	Gln	Arg	Thr	Glu	Glu	Gly	Val	Lys	
			195					200					205					
45		gga	gtg	gcc	agt	ttc	ttc	aac	tgg	tat	tac	atg	act	ttc	act	gtg	gtt	672
		Gly	Val	Ala	Ser	Phe	Phe	Asn	Trp	Tyr	Tyr	Met	Thr	Phe	Thr	Val	Val	
			210					215					220					
50		ctg	atc	att	aca	cag	acc	gta	gtt	gtg	tat	atc	cag	gat	caa	gtc	agt	720
		Leu	Ile	Ile	Thr	Gln	Thr	Val	Val	Val	Tyr	Ile	Gln	Asp	Gln	Val	Ser	
		225					230					235					240	
55		tgg	att	atc	ggg	ttt	agt	atc	cct	acc	gga	ctc	atg	gct	ctt	gcg	gtt	768
		Trp	Ile	Ile	Gly	Phe	Ser	Ile	Pro	Thr	Gly	Leu	Met	Ala	Leu	Ala	Val	
						245				250					255			
60		gtt	atg	ttt	ttt	gcc	gga	atg	aag	cgt	tat	gtc	tac	gtt	aaa	cca	gaa	816
		Val	Met	Phe	Phe	Ala	Gly	Met	Lys	Arg	Tyr	Val	Tyr	Val	Lys	Pro	Glu	
					260					265					270			
65		gga	agt	ata	ttc	tct	ggg	atc	gct	caa	gtt	atc	gtg	gca	gct	cgt	aag	864
		Gly	Ser	Ile	Phe	Ser	Gly	Ile	Ala	Gln	Val	Ile	Val	Ala	Ala	Arg	Lys	
			275					280					285					
70		aag	cga	aag	ctg	aaa	ctt	ccg	gcg	gaa	gat	gac	ggc	act	gtc	acc	tat	912
		Lys	Arg	Lys	Leu	Lys	Leu	Pro	Ala	Glu	Asp	Asp	Gly	Thr	Val	Thr	Tyr	
			290					295					300					
75		tac	gac	cca	gcc	atc	aag	tct	agc	gtg	tta	tcc	aag	tta	cac	cgc	agt	960
		Tyr	Asp	Pro	Ala	Ile	Lys	Ser	Ser	Val	Leu	Ser	Lys	Leu	His	Arg	Ser	
		305					310					315					320	
80		aac	caa	ttc	agg	tgt	ctt	gac	aaa	gcc	gcg	gtg	gtt	ata	gaa	ggg	gac	1008
		Asn	Gln	Phe	Arg	Cys	Leu	Asp	Lys	Ala	Ala	Val	Val	Ile	Glu	Gly	Asp	
						325					330					335		

ES 2 364 152 T3

	cta	aca	ccc	gag	gga	cct	ccc	gca	gac	aag	tgg	cgg	tta	tgc	agc	gtc	1056
	Leu	Thr	Pro	Glu	Gly	Pro	Pro	Ala	Asp	Lys	Trp	Arg	Leu	Cys	Ser	Val	
			340					345					350				
5	caa	gaa	gtg	gaa	gaa	gtg	aag	tgt	ttg	atc	cga	att	gtt	cct	atc	tgg	1104
	Gln	Glu	Val	Glu	Glu	Val	Lys	Cys	Leu	Ile	Arg	Ile	Val	Pro	Ile	Trp	
			355					360					365				
10	tcg	gcc	gga	ata	atc	tca	ctc	gcg	gcc	atg	aca	aca	caa	ggc	act	ttc	1152
	Ser	Ala	Gly	Ile	Ile	Ser	Leu	Ala	Ala	Met	Thr	Thr	Gln	Gly	Thr	Phe	
			370					375					380				
15	acg	gtc	tct	caa	gct	ttg	aaa	atg	gat	cga	aac	tta	ggg	cct	aaa	ttc	1200
	Thr	Val	Ser	Gln	Ala	Leu	Lys	Met	Asp	Arg	Asn	Leu	Gly	Pro	Lys	Phe	
			385					390					395			400	
20	gag	att	ccg	gct	ggg	tca	ctc	tcc	gtc	atc	tct	ctc	ctc	aca	atc	ggc	1248
	Glu	Ile	Pro	Ala	Gly	Ser	Leu	Ser	Val	Ile	Ser	Leu	Leu	Thr	Ile	Gly	
					405					410					415		
	atc	ttt	ctt	ccc	ttc	tac	gac	cg	ggt	ttt	gta	cca	ttc	atg	cg	cga	1296
	Ile	Phe	Leu	Pro	Phe	Tyr	Asp	Arg	Val	Phe	Val	Pro	Phe	Met	Arg	Arg	
					420					425					430		
25	atc	acc	ggc	cat	aaa	tcc	gga	atc	aca	ctc	ctc	caa	agg	ata	gga	aca	1344
	Ile	Thr	Gly	His	Lys	Ser	Gly	Ile	Thr	Leu	Leu	Gln	Arg	Ile	Gly	Thr	
					435					440					445		
30	ggg	atc	gtt	ttc	gcg	atc	ttt	tct	atg	atc	gtt	gcg	ggc	att	gtg	gag	1392
	Gly	Ile	Val	Phe	Ala	Ile	Phe	Ser	Met	Ile	Val	Ala	Gly	Ile	Val	Glu	
			450					455					460				
35	cgt	atg	aga	cg	ata	cg	tcc	atc	aat	gcc	gga	gat	cca	acg	gga	atg	1440
	Arg	Met	Arg	Arg	Ile	Arg	Ser	Ile	Asn	Ala	Gly	Asp	Pro	Thr	Gly	Met	
			465					470					475			480	
40	act	cca	atg	tgc	gtg	ttt	tgg	ctt	tgc	ccg	cag	cta	att	ctc	atg	gga	1488
	Thr	Pro	Met	Ser	Val	Phe	Trp	Leu	Ser	Pro	Gln	Leu	Ile	Leu	Met	Gly	
					485					490					495		
	cta	tgt	gaa	gca	ttc	aat	atc	atc	gga	caa	att	gag	ttc	ttc	aac	agt	1536
	Leu	Cys	Glu	Ala	Phe	Asn	Ile	Ile	Gly	Gln	Ile	Glu	Phe	Phe	Asn	Ser	
					500					505					510		
45	cag	ttt	cca	gag	cac	atg	aga	agt	atc	gct	aac	tct	ctc	ttc	tct	tta	1584
	Gln	Phe	Pro	Glu	His	Met	Arg	Ser	Ile	Ala	Asn	Ser	Leu	Phe	Ser	Leu	
					515					520					525		
50	tgc	ttc	gcc	ggg	tgc	agc	tac	ctt	agt	agt	ttc	ctt	gtg	act	gtc	gtt	1632
	Ser	Phe	Ala	Gly	Ser	Ser	Tyr	Leu	Ser	Ser	Phe	Leu	Val	Thr	Val	Val	
			530					535					540				
55	cat	aaa	ttc	tcc	ggg	ggg	cat	gat	cgt	ccg	gat	tgg	cta	aac	aag	aat	1680
	His	Lys	Phe	Ser	Gly	Gly	His	Asp	Arg	Pro	Asp	Trp	Leu	Asn	Lys	Asn	
			545					550					555			560	
60	ctc	aac	gcg	gga	aaa	ttg	gat	tac	ttc	tat	tat	ctg	att	gcg	gtt	ttg	1728
	Leu	Asn	Ala	Gly	Lys	Leu	Asp	Tyr	Phe	Tyr	Tyr	Leu	Ile	Ala	Val	Leu	
					565					570					575		
	ggg	gtg	gtt	aat	ctg	gtt	tac	ttt	tgg	tat	tgt	gct	ccg	gga	tac	ccg	1776
	Gly	Val	Val	Asn	Leu	Val	Tyr	Phe	Trp	Tyr	Cys	Ala	Arg	Gly	Tyr	Arg	
					580					585					590		
65	tac	aag	gtc	ggg	tta	ccg	att	gaa	gac	ttt	gag	gag	gac	aag	tcc	tcc	1824
	Tyr	Lys	Val	Gly	Leu	Pro	Ile	Glu	Asp	Phe	Glu	Glu	Asp	Lys	Ser	Ser	

ES 2 364 152 T3

	595		600		605	
	gat gat gtt gag atg act tcg aag aaa tcg atg aaa tga					1863
5	Asp Asp Val Glu Met Thr Ser Lys Lys Ser Met Lys					
	610		615		620	
	<210> 219					
10	<211> 620					
	<212> PRT					
	<213> <i>Arabidopsis thaliana</i>					
15	<400> 219					
	Met Val Leu Glu Asp Arg Lys Asp Gly Ser Ser Leu Pro Gly Arg Ser					
	1		5		10	15
20	Gly Ser Phe Ser Lys Ser Ser Pro Ser Glu Leu Asp Val Val Asp Pro					
		20		25		30
25	Tyr Lys Arg Ile Ser Ser Pro Gly Ser Ile Leu Asp Ala Glu Lys Val					
		35		40		45
	Glu Lys Lys Pro Gly Gly Trp Arg Ala Val Ser Phe Ile Leu Gly Asn					
		50		55		60
30	Glu Thr Leu Glu Arg Leu Gly Ser Ile Gly Leu Leu Ala Asn Phe Met					
		65		70		75
35	Val Tyr Leu Thr Lys Val Phe His Leu Glu Gln Val Asp Ala Ala Asn					
		85		90		95
	Val Ile Asn Ile Trp Ser Gly Phe Thr Asn Leu Thr Pro Leu Val Gly					
		100		105		110
40	Ala Tyr Ile Ser Asp Thr Tyr Val Gly Arg Phe Lys Thr Ile Ala Phe					
		115		120		125
45	Ala Ser Phe Ala Thr Leu Leu Gly Leu Ile Thr Ile Thr Leu Thr Ala					
		130		135		140
	Ser Phe Pro Gln Leu His Pro Ala Ser Cys Asn Ser Gln Asp Pro Leu					
		145		150		155
50	Ser Cys Gly Gly Pro Asn Lys Leu Gln Ile Gly Val Leu Leu Leu Gly					
		165		170		175
55	Leu Cys Phe Leu Ser Val Gly Ser Gly Gly Ile Arg Pro Cys Ser Ile					
		180		185		190
	Pro Phe Gly Val Asp Gln Phe Asp Gln Arg Thr Glu Glu Gly Val Lys					
		195		200		205
60	Gly Val Ala Ser Phe Phe Asn Trp Tyr Tyr Met Thr Phe Thr Val Val					
65						

ES 2 364 152 T3

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

ES 2 364 152 T3

	Thr	Pro	Met	Ser	Val	Phe	Trp	Leu	Ser	Pro	Gln	Leu	Ile	Leu	Met	Gly
				485					490						495	
5	Leu	Cys	Glu	Ala	Phe	Asn	Ile	Ile	Gly	Gln	Ile	Glu	Phe	Phe	Asn	Ser
				500					505					510		
10	Gln	Phe	Pro	Glu	His	Met	Arg	Ser	Ile	Ala	Asn	Ser	Leu	Phe	Ser	Leu
			515					520					525			
15	Ser	Phe	Ala	Gly	Ser	Ser	Tyr	Leu	Ser	Ser	Phe	Leu	Val	Thr	Val	Val
		530					535					540				
20	His	Lys	Phe	Ser	Gly	Gly	His	Asp	Arg	Pro	Asp	Trp	Leu	Asn	Lys	Asn
	545					550					555					560
25	Leu	Asn	Ala	Gly	Lys	Leu	Asp	Tyr	Phe	Tyr	Tyr	Leu	Ile	Ala	Val	Leu
					565					570					575	
30	Gly	Val	Val	Asn	Leu	Val	Tyr	Phe	Trp	Tyr	Cys	Ala	Arg	Gly	Tyr	Arg
				580					585					590		
35	Tyr	Lys	Val	Gly	Leu	Pro	Ile	Glu	Asp	Phe	Glu	Glu	Asp	Lys	Ser	Ser
		595						600					605			
40	Asp	Asp	Val	Glu	Met	Thr	Ser	Lys	Lys	Ser	Met	Lys				
	610						615					620				
45																
50																
55																
60																
65																