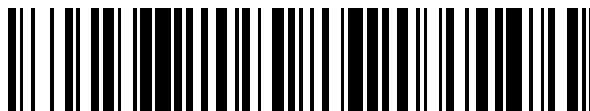


19



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 547 032**

21 Número de solicitud: 201590055

51 Int. Cl.:

C12N 15/82 (2006.01)

C12N 9/12 (2006.01)

A01H 5/00 (2006.01)

12

PATENTE DE INVENCION

B1

22 Fecha de presentación:

18.12.2013

30 Prioridad:

18.12.2012 EP 12197751

43 Fecha de publicación de la solicitud:

30.09.2015

88 Fecha de publicación diferida del informe sobre el estado de la técnica:

30.10.2015

Fecha de la concesión:

28.07.2016

45 Fecha de publicación de la concesión:

04.08.2016

73 Titular/es:

**UNIVERSIDAD POLITÉCNICA DE MADRID
(100.0%)**

**Ramiro De Maeztu, Nº 7
28040 MADRID (Madrid) ES**

72 Inventor/es:

**MOLINA FERNÁNDEZ, Antonio;
JORDÁ MIRO, Lucía;
SANCHEZ RODRIGUEZ, Clara;
SOPENA TORRES, Sara;
LÓPEZ GARCÍA, Gemma;
MIEDES VICENTE, Eva;
SÁNCHEZ VALLET, Andrea y
ESCUADERO WELSCH, Viviana Pamela**

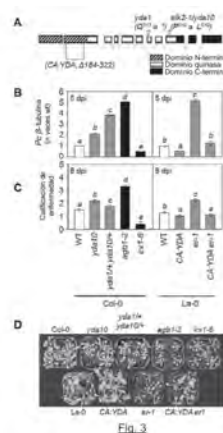
74 Agente/Representante:

CARVAJAL Y URQUIJO, Isabel

54 Título: **MÉTODO PARA AUMENTAR LA RESISTENCIA A LOS PATÓGENOS EN LAS PLANTAS**

57 Resumen:

La invención se refiere a un método de aumentar la resistencia a uno o más patógenos, con preferencia patógenos fúngicos o bacterianos, en una planta monocotiledónea o dicotiledónea o una parte de una planta, por ejemplo en órgano, tejido, una célula o parte de una célula de planta, por ejemplo en una organela, donde una secuencia de ADN que codifica proteína de YODA o donde una secuencia de ADN exógena que codifica una proteína de YODA aumenta en la planta o célula de planta en comparación con la planta original, o tipo de salvaje. La invención también se refiere a las plantas, a partes de una planta, por ejemplo un órgano, tejido, una célula o una parte de una célula de planta, por ejemplo, una organela, que se obtienen por los métodos anteriores, y al material de propagación correspondiente.



ES 2 547 032 B1

**MÉTODO PARA AUMENTAR LA RESISTENCIA A LOS PATÓGENOS
EN LAS PLANTAS**

5

DESCRIPCIÓN

CAMPO DE LA INVENCION

10 La presente invención se refiere a un método para aumentar la resistencia fúngica en una
planta, donde dicha resistencia aumenta por la introducción de las secuencias de ácidos
nucleicos que codifican polipéptidos de YODA o por la modificación de las secuencias de
ácidos nucleicos de YODA endógenas. La presente invención también se refiere a
constructos de ácidos nucleicos, vectores recombinantes, células, plantas transgénicas,
15 cultivos, material de propagación, composiciones y partes cosechables de una planta que
comprende dichas secuencias de ácidos nucleicos.

ANTECEDENTES DE LA INVENCION

20 Las enfermedades de las plantas que son causadas por varios patógenos, tales como,
por ejemplo, virus, bacterias, oomicetos y hongos, puede dar lugar a pérdidas de
rendimiento considerables en el cultivo de planta de cultivo, que en primer lugar tiene
consecuencias económicas, pero, por otro lado, también pone en peligro la seguridad de
la nutrición humana. Desde el siglo pasado, los fungicidas químicos se han empleado
25 para el control de enfermedades fúngicas. Si bien el uso de estas sustancias ha tenido
éxito en la reducción de la extensión de enfermedades de las plantas, no se pueden
descartar, incluso ahora que estos compuestos tienen un efecto perjudicial sobre los
seres humanos, los animales y el medio ambiente. Si el consumo de agentes de
protección de plantas convencionales se debe reducir a un mínimo en el largo plazo, por
30 lo tanto, es importante estudiar la defensa de patógenos naturales de diversas plantas
contra diferentes microorganismos causales, y aprovecharlos de manera específica para
la generación de plantas resistentes a los patógenos por medio de la manipulación
recombinante, por ejemplo mediante la introducción de genes de resistencia externos o
por la manipulación de la expresión de genes endógenos en las plantas.

35

Sólo hay algunos métodos, que confieren una resistencia a los patógenos, principalmente patógenos fúngicos y oomicetos, a las plantas. Esta deficiencia puede atribuirse en parte a la complejidad de los sistemas biológicos en cuestión. Otro hecho que se halla en el camino de obtener resistencias a patógenos es que poco se sabe sobre las interacciones
 5 entre el patógeno y la planta. El gran número de diferentes agentes patógenos, los mecanismos de infección desarrollados por estos organismos y los mecanismos de defensa desarrollados por las familias de plantas, géneros y especies interactúan entre sí de muchas maneras diferentes.

10 Las infecciones causadas por los patógenos fúngico, oomicetos y bacterianos conducen a la activación de mecanismos de defensa de la planta en las plantas infectadas. Por lo tanto, la activación de los sistemas de la inmunidad innata de plantas y animales implica una detección específica de patrones moleculares asociados con microbios (MAMP) por diferentes conjuntos de receptores de reconocimiento de patrones huésped (PRRS). Se
 15 ha hallado que varios miembros de la familia de quinasa tipo receptor (RLK) con repetición rica en leucina (LRR) actúan como PRR. Por lo tanto, FLS2 y EFR RLKs son PRR para la flagelina de MAMP y EF-Tu bacterianas, respectivamente, mientras que se ha sugerido que LysM/CERK son el receptor para el MAMP fúngico, quitosano. La iniciación de las respuestas inmunitarias mediadas por estos PRR implica la formación de
 20 complejo inducido por MAMPs con RLK adicionales, la endocitosis de proteínas RLKs y la activación de cascadas de MAPK de señalización de MAPK. Algunos LRR-RLKs, como FERONIA, BAK1 y ER; tiene dos funciones que controlan la inmunidad de planta y el crecimiento de células diferentes y procesos de desarrollo. Las bases moleculares y genéticas de esta doble funcionalidad aún son imprecisas.

25 En consecuencia, la proteína ER regula negativamente, a través de su interacción genética con dos parálogos estrechamente relacionados (ERL1 y ERL2) y proteína tipo receptor LRR “muchas bocas” (TMM), varios procesos de desarrollo, tales como los la modelación de los estomas, arquitectura de la inflorescencia, forma del órgano lateral,
 30 desarrollo del óvulo y la eficiencia de la transpiración. Una cascada de señalización MAPK, que incluye los módulos de YODA MAP3K, y MKK4/5 y MPK3/6 quinasa, se ha colocado corriente abajo de los receptores en la modelación de estomas, pero las interacciones bioquímicas y genéticas entre estos componentes no se han demostrado debido a los fenotipos asociados a la letalidad de algunas de los mutantes
 35 correspondientes.

El desarrollo de cigotos también depende de la YODA (vía de señalización MAP quinasa). La pérdida del gen *YODA* de quinasa MAPKK o los dos genes de MAP quinasa MPK3/MPK6 bloquea la elongación del cigoto, de tal manera que la primera división
5 produce una célula basal anormalmente pequeña que normalmente no forma un suspensor reconocible (Lukowitz, W., et al., Cell 116: 109-19 (2004)). Las formas hiperactivos de *YODA* tienen el efecto opuesto, lo que origina suspensores anormalmente largos y, a menudo inhiben completamente el crecimiento de los proembriones (Lukowitz, W., et al., Cell 116: 109-19 (2004)).

10

Hasta ahora, la estrategia para la generación de plantas resistentes a los hongos ha implicado con frecuencia la cruce de rasgos de resistencia cuantitativos (QTL de resistencia). Sin embargo, la desventaja de este procedimiento es que los rasgos indeseables frecuentemente también se cruzaron. Por otra parte, los métodos de
15 mejoramiento genético son muy complicados y laboriosos.

DESCRIPCIÓN DE LA INVENCION

La presente invención se basa en el objeto de proporcionar un método para generar una
20 resistencia de la planta a los patógenos. El objetivo se obtiene mediante las formas de realización caracterizadas en las reivindicaciones.

La invención en consecuencia se refiere a un método de aumentar la resistencia a uno o más patógenos en una planta monocotiledónea o dicotiledónea, o una parte de una
25 planta, por ejemplo en un órgano, tejido, una célula o una parte de una célula de planta, por ejemplo en una organela, que comprende introducir en y expresar en, la planta o célula de planta un ácido nucleico que codifica una proteína de *YODA*, y que media un aumento de resistencia al patógeno, con preferencia un aumento de resistencia a los patógenos fúngicos, oomicetes y/o bacterianos.

30

En una forma de realización adicional, la invención se refiere a un método de aumentar la resistencia a uno o más patógenos en una planta monocotiledónea o dicotiledónea, o una parte de una planta, por ejemplo en un órgano, un tejido, una célula o una parte de una célula de planta, por ejemplo, en una organela, en tal método una secuencia de ADN
35 endógena que codifica la proteína de *YODA* y que media un aumento de resistencia al

patógeno, con preferencia un aumento de resistencia a patógenos fúngicos, oomicetes y/o bacterianos, aumenta en la planta, parte de planta o célula de planta en comparación con la planta original o tipo salvaje, o una de sus partes, o en tal método, la secuencia génica endógena o con preferencia la región no traducida (5'UTR) se modifica en
5 comparación con la secuencia original.

En forma original, se ha hallado que una mutación letal no embrionaria hipomórfico (*elk2/YODA10*) en el gen *YODA* de *Arabidopsis* lleva a un aumento de susceptibilidad de estas plantas de *YODA10* a los hongos necrotróficos y biotróficos, y una bacteria y que el
10 gen en consecuencia cumple un papel en la mediación de la resistencia al patógeno de plantas.

Además, las plantas con una activación constitutiva de *YODA* (CA:*YODA*) mostraron resistencia de espectro amplio, lo que indica que *YODA* regula las cascadas de
15 señalización de MAPK, que inicia la inmunidad innata. Esta función es distinta de la regulada por *YODA* en el control de las claves del desarrollo.

De modo sorprendente, sin embargo, se ha hallado actualmente que la activación constitutiva del gen *YODA* (CA:*YODA*), no activa la señalización de defensa del ácido salicílico, el jasmonato o el etileno, o la vía de biosíntesis de metabolitos derivado de triptofano requerido para la resistencia.
20

Una forma de realización es un método para aumentar la resistencia fúngica en una planta, una parte de planta, o una célula de planta, caracterizado porque el método
25 comprende la etapa de aumentar la expresión y/o actividad de una proteína de *YODA* en la planta, parte de planta, o célula de planta en comparación con una planta de tipo salvaje, parte de planta de tipo salvaje o célula de planta de tipo salvaje, con el método de acuerdo con la invención.

Otra forma de realización es el método de la invención, donde dicha proteína de *YODA* comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos 80% de identidad con SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44,
30 46, 48, 69 o 72.

35

Una forma de realización adicional es el método de acuerdo con la invención, que comprende introducir una secuencia de nucleótidos exógena que codifica una secuencia de aminoácidos que tiene al menos 80% de identidad con SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 69 o 72 en una planta, una parte de una planta, o a célula de planta, y que expresa dicha secuencia de nucleótidos en la planta, la parte de la planta, o la célula de planta; donde dicha secuencia de nucleótidos está aumentada en la planta, la parte de la planta, o la célula de planta en comparación con la planta original o tipo salvaje, parte de la planta, o célula de planta.

10

En el método de acuerdo con la invención, se prefiere obtener una resistencia no específica de race. En consecuencia, por ejemplo, es posible obtener, por el método de acuerdo con la invención, una resistencia de rango amplio a hongos biotróficos obligatorios y/o hemibiotróficos y/o necrotróficos, oomicetes y/o bacterias de plantas.

15

Los genes con alta identidad a *YODA* probablemente median funciones similares. Con preferencia, los genes o los ácidos nucleicos usados o las proteínas expresadas tienen 40% o más de identidad, con preferencia al menos 50%, al menos 60%, al menos 70%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90%, al menos 95%, al menos 97%, al menos 98%, al menos 99% o más identidad, en comparación con la secuencia de *YODA* respectiva de *Arabidopsis* (*AtYODA*) (SEQ ID NO: 1 o SEQ ID NO: 70 [secuencia de ADNc con UTR] o la secuencia de proteínas SEQ ID No.: 2). Los genes con las homologías más altas para *AtYODA* de *Solanum lycopersicum* *SIYODA1* (Solyc08g081210,1,1), *SIYODA2* (Solyc03g025360,1,1), *SIYODA3* (Solyc06g036080,1,1), *Vitis vinifera* *VvYODA1* (XP003631415,1), *VvYODA2* (XP003634098,1), *VvYODA3* (CAN65619,1), *Populus trichocarpa* *PtYODA1* (XP002304501,1), *PtYODA2* (XP002322482,1), *PtYODA3* (XP002318210,1), *Oryza sativa Japonica* *OsYODA1* (NP001053542,1), *Oryza sativa Japonica* *OsYODA2* (NP001047673,1), *Glycine max* *GmYODA1* (XP003548172,1), *GmYODA2* (XP003533990,1), *Glycine max* *GmYODA3* (XP003556116,1), *GmYODA4* (XP003536457,1), *Glycine max* *GmYODA5* (XP003538696,1), *GmYODA6* (XP003532415,1), *Cucumis melo* subsp. *melo* *CmYODA1* (ADN34290,1), *Sorgo bicolor* *SbYODA1* (XP002448319,1), *Sorgo bicolor* *SbYODA2* (XP_002452783,1), *Zea mays* *ZmYODA1* (CAW45396,1), *Triticum aestivum* *TaYODA1* (AK335442,1), y *Hordeum vulgare* subsp. *vulgare* *HvYODA1* (BAJ98424,1) probablemente ejercen funciones similares en la planta que el polipéptido de *YODA* de *Arabidopsis*

35

(*AtYODA*).

La secuencia de ácidos nucleicos de acuerdo con la invención, es decir, la secuencia de ácidos nucleicos que codifica la proteína de YODA, o partes funcionales de esta y que media un aumento de resistencia al patógeno, con preferencia un aumento de resistencia a patógenos fúngicos o bacterianos, y en los métodos de acuerdo con la invención, que se introduce en, y expresa en, la planta o célula de planta o una parte de esta o la secuencia de ADN endógena de acuerdo con la invención, que está aumentada en la planta o célula de planta en comparación con la planta original o tipo salvaje o su parte o donde la secuencia del gen endógena o con preferencia la región no traducida (5'UTR) se modifica en comparación con esta secuencia original, se selecciona del grupo que consiste en

(a) molécula de ácido nucleico que codifica al menos un polipéptido que comprende la secuencia mostrada en la SEQ ID No.: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 69 o 72;

(b) molécula de ácido nucleico que comprende al menos un polinucleótido de la secuencia mostrada en la SEQ ID No.: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 70 o 71;

(c) molécula de ácido nucleico que codifica a polipéptido cuyas secuencias has al menos 50%, con preferencia al menos 60%, al menos 70%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90%, al menos 95%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99%, identidad con cualquiera de las secuencias mostradas en las SEQ ID No.: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 69 o 72; con preferencia la molécula de ácido nucleico tiene la misma o similar función biológica que una molécula de ácido nucleico que codifica un polipéptido como se muestra en la SEQ ID No.: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 69 o 72; que

(d) molécula de ácido nucleico que comprende al menos un polinucleótido cuya secuencias has al menos 50%, con preferencia al menos 60%, al menos 70%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90%, al menos 95%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% identidad con cualquiera de las secuencias mostradas en las SEQ ID No.: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 70 o 71; con preferencia la molécula de ácido nucleico tiene la misma o similar función biológica que una molécula de ácido nucleico que comprende a secuencia de ácidos

nucleicos como se muestra en la SEQ ID No.: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 70 o 71;

(e) molécula de ácido nucleico de acuerdo con (a) a (d) que codifica un fragmento o un epítipo de la secuencias como se muestra en la SEQ. ID No.: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 69 o 72; con preferencia donde el fragmento es un fragmento funcional; con preferencia el fragmento confiere resistencia fúngica; con preferencia el fragmento tiene la misma o similar actividad biológica que un ácido nucleico que comprende un polinucleótido de la secuencia mostrada en la SEQ ID No.: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 70 o 71;

(f) molécula de ácido nucleico que codifica a polipéptido que es reconocido por un anticuerpo monoclonal dirigido contra un polipéptido que está codificado por la molécula de ácido nucleicos como se muestra en (a) a (d);

(g) molécula de ácido nucleico que se hibrida en condiciones rigurosas con el complemento de una molécula de ácido nucleico como se muestra en (a) a (d); y

(h) molécula de ácido nucleico que se puede aislar de una biblioteca de ADN usando una molécula de ácido nucleico como se muestra en (a) a (d) o sus partes-fragmentos de al menos 15 nt, con preferencia 20 nt, 30 nt, 50 nt, 100 nt, 200 nt o 500 nt, como son en condiciones de hibridación rigurosas;

(i) un ácido nucleico que codifica la misma proteína de YODA que los ácidos nucleicos de YODA de (a) a (d) anteriores, pero que difiere de los ácidos nucleicos de YODA de (a) a (d) anteriores debido a la degeneración del código genético; o una secuencia complementaria de este.

En la descripción, el término de "secuencias de acuerdo con la invención" se usa por motivos de simplificación y se refiere, de acuerdo con el contexto, a las secuencias de ácidos nucleicos y/o aminoácidos descritas en la presente. El trabajador profesional sabrá a partir del contexto que a que se refieren.

Una forma de realización es el método de acuerdo con la invención, donde dicha secuencia de nucleótidos comprende al menos una molécula de ácido nucleico de acuerdo con la invención.

En una forma de realización adicional, la invención en consecuencia se refiere a un método de generar una planta con un aumento de resistencia a uno o más patógenos de

planta, con preferencia con una resistencia de espectro amplio, en particular a patógenos fúngicos y patógenos bacterianos, por ejemplo de las clases Ascomycetes, Basidiomycetes, Deuteromycetes, Chytridiomycetes, Zygomycetes o Oomycetes, o bacterias, mediante la introducción y expresión de una secuencia de acuerdo con la invención, que codifica una proteína que comprende todo o parte del YODA. Con preferencia, la proteína con una supresión en el dominio N-terminal, como CA-YODA, que produce una activación constitutiva del YODA.

Una forma de realización es el método de acuerdo con la invención, que comprende modificar una secuencia de nucleótidos endógena que codifica una secuencia de aminoácidos que tiene al menos 80% de identidad con SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 69 o 72, y/o la región no traducida (5'UTR) en comparación con la secuencia original.

Una forma de realización es el método de acuerdo con la invención, donde se genera o aumenta una resistencia al patógeno fúngico o bacteriano.

Una forma de realización es el método de acuerdo con la invención, donde el patógeno fúngico es un patógeno necrotrofo, un biotrofo o un Oomycete.

Una forma de realización es el método de acuerdo con la invención, que comprende

- a) introducir en una célula de planta un casete de expresión recombinante que comprende la molécula de ácido nucleico de acuerdo con la invención en una unión operable con un promotor que es activo en las plantas;
- b) regenerar una planta de la célula de planta, y
- c) expresar dichas moléculas de ácido nucleico para generar o aumentar una resistencia al patógeno en dicha planta.

Una forma de realización es el método de acuerdo con la invención, donde el promotor es un promotor inducible por patógeno o un promotor específico de epidermis o mesófilo, o el promotor es un promotor inducido por estrés; con preferencia cuando el promotor se selecciona del grupo que consiste en un promotor inducido por: estrés osmótico, estrés por sequía, estrés por frío, estrés por calor, estrés oxidativo, deficiencia de nutrientes, infección con un hongo, infección con un oomycete, infección con un virus, infección con

una bacteria, infestación con nematodos, infestación con plaga, infestación con malezas, y herbívoros.

Una forma de realización es el método de acuerdo con la invención, donde la planta se
5 selecciona de grupo que consiste en: soja, papa, algodón, colza, colza oleaginosas, canola, girasol, alfalfa, trébol, banana, mora, arándano, frutilla, frambuesa, melón cantalupo, zanahoria, coliflor, café, pepino, berenjena, uva, melón dulce, lechuga, mango, melón, cebolla, papaya, pimienta, piña, calabaza, espinaca, calabaza, tabaco, tomate, tomatillo, sandía, manzana, durazno, pera, cereza, ciruela, brócoli, col, coliflor, repollos
10 de Bruselas, coles, grosellas, palta, naranja, limón, pomelo, mandarina, alcaucil, cereza, nuez, maní, escarola, puerro, arrurruz, remolacha, yuca, nabo, rábano, ñame, batata, arveja, poroto, caña de azúcar, césped, Miscanthus, pasto varilla, trigo, maíz, maíz dulce, arroz, mijo, sorgo, cebada y centeno.

15 Una forma de realización es el método de acuerdo con la invención, donde dicha secuencia de nucleótidos está en unión operable con un promotor inducible por patógeno o un promotor específico de epidermis y/o mesófilo.

En una forma de realización adicional, el ADNc que codifica proteína (o el ARNm que
20 incluye las secuencias de UTR para la expresión en una célula de una planta que, después de la expresión del ADN a ARN y transcripción del ARN para producir un péptido o polipéptido codificado, aumenta la capacidad de la planta o célula de planta para resistir a un estrés abiótico o biótico, o aumenta el rendimiento o valor de la planta, o un cultivo o producto producido de la planta.

25

En una forma de realización, la resistencia se obtiene por introducción, y expresión de una secuencia de ácidos nucleicos de acuerdo con la invención, por ejemplo un ácido nucleico de Arabidopsis (Acc.-No. NM_105047.2), de *Solanum lycopersicum* SIYODA1 (Solyc08g081210,1,1), SIYODA2 (Solyc03g025360,1,1), SIYODA3 (Solyc06g036080,1,1),
30 *Vitis vinifera* VvYODA1 (XP003631415,1), VvYODA2 (XP003634098,1), VvYODA3 (CAN65619,1), *Populus trichocarpa* PtYODA1 (XP002304501,1), PtYODA2 (XP002322482,1), PtYODA3 (XP002318210,1), *Oryza sativa Japonica* OsYODA1 (NP001053542,1), *Oryza sativa Japonica* OsYODA2 (NP001047673,1), *Glycine max* GmYODA1 (XP003548172,1), GmYODA2 (XP003533990,1), *Glycine max* GmYODA3
35 (XP003556116,1), GmYODA4 (XP003536457,1), *Glycine max* GmYODA5

(XP003538696,1), *GmYODA6* (XP003532415,1), *Cucumis melo* subsp. *meloCmYODA1* (ADN34290,1), *Sorgo bicolor SbYODA1* (XP002448319,1), *Sorgo bicolor SbYODA2* (XP_002452783,1), *Zea mays ZmYODA1* (CAW45396,1), *Triticum aestivum TaYODA1* (AK335442,1),y *Hordeum vulgare* subsp. *vulgareHvYODA1* (BAJ98424,1).

5

Por otro lado, también es posible aumentar la expresión o actividad endógena de una de estas secuencias por métodos conocidos por los expertos en la técnica, por ejemplo mediante la mutación de una región UTR, con preferencia la 5'-UTR, una región promotora, una región de codificación genómica para el centro activo, para los sitios de unión, para señales de localización, para los dominios, grupos y similares, tales como, por ejemplo, de las regiones de codificación para el N-terminal, los dominios de quinasa o C-terminal. La actividad se puede aumentar de acuerdo con la invención por mutaciones que afectan a la estructura secundaria, terciaria o cuaternaria de la proteína.

10

15 Las mutaciones se pueden insertar, por ejemplo, por una mutagénesis EMS. Los dominios se pueden identificar por programas de computadora adecuadas, tales como, por ejemplo, SMART o InterPro, por ejemplo como se describe en Andersen P., The Journal of Biol. Chemistry, 279, 38, 40053, (2004) o Mudgil, Y., Plant Physiology, 134, 59, (2004), y bibliografía citada en la presente. Las mutantes adecuadas luego se puede
 20 identificar por ejemplo por TILLING (por ejemplo como se describe en Henikoff, S., et al., Plant Physiol. 135: 630-6 (2004)).

25

En otra forma de realización, la introducción y expresión de una secuencia de acuerdo con la invención en una planta, o aumento o modificación o mutación de una secuencia endógena de acuerdo con la invención, si es apropiado de una o ambas regiones no traducidas, en una planta se combina con el aumento de la cantidad, actividad o función del polipéptido de otros factores de resistencia, con preferencia de una proteína inhibidora Bax 1 (BI-1), con preferencia de la proteína inhibidora Bax 1 de *Hordeum vulgare* (GenBank Acceso N°: AJ290421), de *Nicotiana tabacum* (GenBank Acceso N°: AF390556), arroz (GenBank Acceso N°: AB025926), Arabidopsis (GenBank Acceso N°: AB025927) o tabaco o colza oleaginosa (GenBank Acceso N°: AF390555, Bolduc N et al. (2003) Planta 216, 377 (2003)) o de ROR2 (por ejemplo, de cebada (GenBank Acceso N°: AY246906), SnAP34 (por ejemplo de cebada (GenBank Acceso N°: AY247208) y/o de la proteína de unión luminal BiP por ejemplo de arroz (GenBank Acceso N° AF006825).

35

Se puede obtener un aumento por ejemplo, por mutagénesis o sobreexpresión de un

transgén, entre otros.

"Proteína de YODA" o "polipéptido de YODA" significa, para los fines de la invención, una proteína con la totalidad o partes de la secuencia, que confiere aumento de resistencia al patógeno cuando se expresa en las plantas. Los términos "polipéptido" y "proteína" se usan en la presente de modo indistinto.

"Proteína de YODA" se entiende que significa una secuencia que comprende un dominio N-terminal, un dominio quinasa y un dominio C-terminal (Lukowitz, W., et al., Cell 116: 109-19 (2004)). Por ejemplo, el polipéptido que se emplea en el método de acuerdo con la invención, o el polipéptido de acuerdo con la invención, tiene una actividad que está involucrada en la inmunidad innata de la planta o en la regulación de la expresión del gen en el contexto de los procesos de desarrollo de estomas.

El dominio quinasa de la proteína de YODA denominado en la presente con preferencia comprende una secuencia que tiene al menos 60%, al menos 70%, al menos 80%, al menos 90%, al menos 95%, al menos 97%, al menos 98%, al menos 99% o more identidad con el dominio quinasa como se muestra en la SEQ ID No: 73. La SEQ ID NO: 73 corresponde a coordenados de aminoácidos 606 a 668 de la SEQ ID NO: 2 (AtYODA, ver también la Figura 4B, panel superior). También con preferencia, el dominio quinasa puede tener una secuencia como se muestra en la SEQ ID NO: 73.

La "proteína de YODA" está codificada por ejemplo por una molécula de ácido nucleico que comprende una molécula de ácido nucleico seleccionado del grupo que consiste en

(a) molécula de ácido nucleico que codifica al menos un polipéptido que comprende la secuencia mostrada en la SEQ ID No.: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 69 o 72;

(b) molécula de ácido nucleico que comprende al menos un polinucleótido de la secuencia mostrada en la SEQ ID No: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 70 o 71;

(c) molécula de ácido nucleico que codifica a polipéptido cuya secuencia has al menos 40%, al menos 50%, al menos 60%, al menos 70%, al menos 80%, al menos 90%, al menos 95%, al menos 97%, al menos 98%, al menos 99% o more identidad con la secuencias SEQ ID No: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 69 o 72;

- (d) molécula de ácido nucleico que comprende al menos un polinucleótido cuya secuencias has al menos 50%, con preferencia al menos 60%, al menos 70%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90%, al menos 95%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99% identidad con cualquiera de las secuencia mostradas en las se muestra en la
5 SEQ ID No.: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 70 o 71; con preferencia la molécula de ácido nucleico tiene la misma o similar función biológica que una molécula de ácido nucleico que comprende a secuencia de ácidos nucleicos como se muestra en la SEQ ID No.: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 70 o 71;
- 10 (e) molécula de ácido nucleico de acuerdo con (a) a (d) que codifica a fragmento funcional o un epítipo de la secuencias como se muestra en la SEQ. ID No.: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 42, 44, 46, 48, 69 o 72;
- (f) molécula de ácido nucleico que codifica a polipéptido que es reconocido por a anticuerpo monoclonal dirigido contra un polipéptido que está codificado por la molécula
15 de ácido nucleicos como se muestra en (a) a (d);
- (g) molécula de ácido nucleico que se hibrida en condiciones rigurosas con una molécula de ácido nucleico como se muestra en (a) a (d) o sus partes-fragmentos que consisten en al menos 15 nucleótidos (nt), con preferencia 20 nt, 30 nt, 50 nt, 100 nt, 200 nt o 500 nt;
- (h) molécula de ácido nucleico que pueden aislar de una biblioteca de ADN usando una
20 molécula de ácido nucleico como se muestra en (a) a (d) o sus partes-fragmentos de al menos 15 nt, con preferencia 20 nt, 30 nt, 50 nt, 100 nt, 200 nt o 500 nt, como sonda en condiciones de hibridación rigurosas; o comprende una secuencia complementaria de este, o constituye uno de sus equivalentes funcionales;
- (i) molécula de ácido nucleico que codifica la misma proteína de YODA que los ácidos
25 nucleicos de YODA de (a) a (d) anteriores, pero que difiere de los ácidos nucleicos de YODA de (a) a (d) anteriores debido a la degeneración del código genético.
- Con preferencia, la proteína de YODA codificada por la molécula de ácido nucleico de (a) a (i) comprende un dominio quinasa expuesto anteriormente.
- 30 Los términos "disminuir", "reducir" o "reprimir" o sus sustantivos se utilizan como sinónimos en el texto actual.

Un aumento en la expresión se puede obtener como se describe en la presente. Un aumento en la expresión o función se entiende que significa en la presente la activación o
35 mejora de la expresión o función de la proteína endógena, que incluye una expresión de

novo, aumento de la actividad de la proteína, y un aumento o mejora mediante la expresión de una proteína o factor transgénico.

5 Para los fines de la invención, “organismo”, “organismos no humanos”, siempre que el término se refiere a un organismo multicelular viable.

10 Para los fines de la invención, “plantas” significa todas las plantas dicotiledóneas o monocotiledóneas. Se prefieren las plantas que se pueden incluir en la del Liliatae (plantas Monocotyledoneae o monocotiledóneas). El término incluye las plantas maduras, semillas, brotes y plántulas y partes, material de propagación, órganos de plantas, tejidos, protoplastos, callos y otras cultivos, por ejemplo cultivos de células derivadas de lo anterior, y todos los otros tipos de asociaciones de las células de planta que producen unidades funcionales o estructurales. Las plantas maduras refiere a las plantas en cualquier etapa de desarrollo más allá de la etapa de plántula. Plántula significa una
15 planta joven, inmadura en una etapa temprana de desarrollo.

También se prefieren las plantas dicotiledóneas. El término incluye las plantas maduras, semillas, brotes y plántulas y partes, material de propagación, órganos de plantas, tejidos, protoplastos, callos y otros cultivos, por ejemplo cultivos de células derivadas de lo anterior, y todos los otros tipos de asociaciones de las células de plantas que producen unidades funcionales o estructurales. Las plantas maduras se refieren a las plantas en cualquier etapa de desarrollo más allá de la etapa de plántula. Plántula significa una
20 planta joven, inmadura en una etapa temprana de desarrollo.

25 “Planta” también comprende plantas dicotiledóneas o monocotiledóneas anuales y perennes e incluye a modo de ejemplo, pero no como limitación, las de los géneros Glicina, Vitis, Espárrago, Populus, Pennisetum, Lolium, Oryza, Zea, Avena, Hordeum, Secale, Triticum, Sorgo, Saccharum y Lycopersicum.

30 En una forma de realización preferida, el método de acuerdo con la invención se aplica a las plantas monocotiledóneas, por ejemplo, de la familia Poaceae, con especial preferencia a los géneros Oryza, Zea, Avena, Hordeum, Secale, Triticum, sorgo y Saccharum, con muy especial preferencia a plantas agrícolamente importantes tales como, por ejemplo, *Hordeum vulgare* (cebada), *Triticum aestivum* (trigo), *Triticum
35 aestivum* subsp. *spelta* (espelta), Triticale, *Avena sativa* (avenas), *Secale cereale*

(centeno), *Sorgo bicolor* (sorgo), *Zea mays* (maíz), *Saccharum officinarum* (caña de azúcar) o *Oryza sativa* (arroz). Con preferencia, la planta es soja (*Glycine max*)

5 “Ácidos nucleicos” significa biopolímeros de nucleótidos que están unidos entre sí mediante enlaces fosfodiéster (polinucleótidos, ácidos polinucleicos). De acuerdo con el tipo de azúcar en los nucleótidos (ribosa o desoxirribosa), se distinguen las dos clases de ácidos ribonucleicos (ARN) y ácidos desoxirribonucleico (ADN)

10 El término “cultivos” significa todas las partes de las plantas obtenidas por cultivo de plantas y recolectadas en el proceso de recolección.

15 “Resistencia” significa la prevención, la represión, la reducción o el debilitamiento de síntomas de la enfermedad de una planta como resultado de la infección con un patógeno. Los síntomas pueden ser múltiples, pero con preferencia comprenden aquellos que directa o indirectamente llevan a un efecto adverso en la calidad de la planta, sobre la cantidad de rendimiento, sobre la adecuación para el uso como alimento para animales o producto alimenticio, o también que dificultan la siembra, cultivo, cosecha o procesamiento del cultivo.

20 En una forma de realización preferida, los siguientes síntomas de la enfermedad se debilitan, reducen o previenen: formación de pústulas y himenes sobre las superficies de los tejidos afectados, maceración de los tejidos, extensión de la necrosis del tejido, etc.

25 Un “aumento de resistencia al patógeno” significa que los mecanismos de defensa de una determinada planta o en una parte de una planta, por ejemplo, en un órgano, un tejido, una célula o una organela, tienen una mayor resistencia a uno o más patógenos como el resultado de utilizar el método de acuerdo con la invención en comparación con un control adecuado, por ejemplo, el tipo salvaje de la planta (“planta de control”, “planta original”), a la que no se ha aplicado el método de acuerdo con la invención, en
30 condiciones idénticas de otro modo condiciones (tales como, por ejemplo, condiciones climáticas, condiciones de cultivo, tipo de patógeno y similares). Con preferencia, al menos el tejido de epidermis y/o mesófilo en una planta, o los órganos que tienen un tejido de epidermis y/o mesófilo, tienen una mayor resistencia a los patógenos. Por ejemplo, aumenta la resistencia en las hojas.

35

El aumento de la resistencia con preferencia se manifiesta en una manifestación reducida de los síntomas de la enfermedad, cuando los síntomas-además de los efectos adversos mencionados anteriormente, también comprenden, por ejemplo, la eficiencia de penetración de un patógeno en la planta o la célula de planta, o la eficiencia de proliferación del patógeno en o sobre el mismo. En este contexto, los síntomas de la enfermedad con preferencia se reducen en al menos 10 % o al menos 20 %, con especial preferencia en al menos 40 % o 60 %, con muy especial preferencia en al menos 70 % o 80 %, con máxima preferencia en al menos 90 % o 95 % en comparación con la planta de control.

10

En este contexto, el aumento de la resistencia con preferencia se manifiesta en una manifestación reducida de los síntomas de la enfermedad, donde el término síntomas de la enfermedad, además de los efectos adversos mencionados anteriormente, también comprende, por ejemplo, la eficiencia de penetración de un patógeno en la planta o la célula de planta, o la eficiencia de proliferación en o sobre la misma. Las modificaciones en la estructura de la pared celular, por ejemplo, pueden constituir un mecanismo principal de resistencia a patógenos, como se demuestra por ejemplo en Jacobs AK et al., Plant Cell 15 (11), 2503 (2003).

15

20

Para los fines de la invención, "patógeno" significa organismos cuyas interacciones con una planta producen síntomas de la enfermedad descritos anteriormente, en particular, los patógenos que significan los organismos del reino de los hongos o el reino de las bacterias. Con preferencia, patógeno se entiende que significa un organismo que penetra en las células de epidermis o mesófilo, especialmente con preferencia patógenos que penetran en las plantas a través de los estomas y posteriormente penetrar en las células del mesófilo. Con preferencia, el patógeno es un patógeno fúngico, con preferencia, un hongo biotrófico, hemibiotrófico, necrotrofico, o heminecrotrofico. Los organismos que se mencionan con preferencia en este contexto son los de la filos Ascomycota, Basidiomycota, Heterokontophyta y Proteobacteria. Se prefieren especialmente en este contexto las familias Pseudomonaceae, Peronosporaceae, Erysiphaceae y Pseudeurotiaceae. Con preferencia, el patógeno es un patógeno fúngico, con preferencia un patógeno de la roya (es decir, un patógeno fúngico de la orden Pucciniales), con preferencia un patógeno fúngico de la familia Phacopsoraceae, con más preferencia un patógeno fúngico del género Phacopsora, con máxima preferencia Phacopsora pachyrhizi y Phacopsora meibomia, también conocido como roya de la soja.

30

35

Se prefiere especialmente los organismos de estas familias que pertenecen a los géneros *Erysiphe*, *Monographella*, *Fusarium* o *Pseudomonas*. Se prefiere muy especialmente la especie *Erysiphe cichoracearum*, *Monographella cucumerina*, y *Pseudomonas syringae*.

5

Sin embargo, se asume que los métodos de acuerdo con la invención también causan resistencia a otros patógenos.

Se prefiere especialmente los Ascomycota tales como, por ejemplo, *Fusarium oxysporum* (marchitamiento por *Fusarium* en el tomate), *Septoria nodorum* y *Septoria tritici* (gluma del trigo), *Botrytis cinerea* (podredumbre noble en la uva, tomate y frutillas), Basidiomycetes, tales como, por ejemplo,, *Puccinia graminis* (roya del tallo en el trigo, cebada, centeno, avena), *Puccinia recondita* (roya de la hoja del trigo), *Puccinia dispersa* (roya de la hoja en el centeno), *Puccinia hordei* (roya de la hoja de la cebada), *Puccinia coronata* (roya de de la corona de avena).

15

Otros patógenos preferidos son agentes patógenos que causan enfermedades de podredumbre del tallo, en particular, la podredumbre del tallo por *Fusarium*, podredumbre del tallo *Gibberella*, podredumbre del tallo de *Diplodia*, y podredumbre carbonosa y patógenos causantes de antracnosis. Los patógenos preferidos causan la podredumbre del tallo por *Fusarium* son *Fusarium verticillioides*, *Fusarium proliferatum* o *Fusarium subglutinans*. Un patógeno preferido que causa podredumbre del tallo *Gibberella* es *Fusarium graminearum*. Un patógeno preferido que causa podredumbre del tallo por *Diplodia* es *Diplodia maydis*. Un patógeno preferido que causa podredumbre carbonosa es *Macrophomina phaseolina*. Un patógeno que causa la antracnosis preferido es *Colletotrichum graminicola*.

20

25

En una forma de realización, el método de acuerdo con la invención conduce a una resistencia en *Arabidopsis thaliana* a la patógenos *Plectosphaerella cucumerina*, *Golovinomyces cichoracearum*, *Hyaloperonospora arabidopsidis* y *Pseudomonas syringae*. En otra forma de realización preferida del método de invención de acuerdo con la invención produce una mayor resistencia de las plantas de soja a la oxidación, con preferencia roya de la soja.

30

35

En una forma de realización preferida, una molécula de ácido nucleico de acuerdo con la invención comprende adicionalmente la secuencia no traducida en el extremo 3' y 5' terminal de la región del gen codificador: al menos 500, con preferencia 200, con especial preferencia 100 nucleótidos de la secuencia corriente arriba del extremo 5' terminal de
5 región codificadora y al menos 100, con preferencia 50, con especial preferencia 20 nucleótidos de la secuencia corriente abajo del extremo 3' terminal de la región del gen codificador.

Por otra parte, las secuencias de ácidos nucleicos que son especialmente preferidas en
10 la presente invención son secuencias de ácidos nucleicos aisladas. Una molécula de ácido nucleico "aislada" está separada de otras moléculas de ácido nucleico que están presentes en el ácido nucleico natural. Un ácido nucleico "aislado" con preferencia no contiene secuencias que flanquean naturalmente el ácido nucleico en el ADN genómico del organismo del que se origina el ácido nucleico (por ejemplo, secuencias ubicadas en
15 los extremos terminales 5' y 3' del ácido nucleico, sin embargo, esto no afecta a las formas de realización mencionadas anteriormente que comprenden regiones 5'- y 3'-UTR). En diferentes formas de realización, la molécula aislada puede comprender, por ejemplo menos de aproximadamente 5 kb, 4 kb, 3 kb, 2 kb, 1 kb, 0,5 kb o 0,1 kb de secuencias de nucleótidos que flanquean naturalmente la molécula de ácido nucleico en
20 el ADN genómico de la célula de la que se origina el ácido nucleico. Todas las moléculas de ácido nucleico mencionadas en la presente pueden ser por ejemplo ARN, ADN o ADNc.

Las moléculas de ácido nucleico de acuerdo con la invención se pueden aislar usando
25 técnicas estándares de biología molecular y la información de secuencia proporcionada en la presente. Usando algoritmos comparativos, ya que se pueden encontrar por ejemplo en la página de inicio del NCBI en <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>, es posible identificar, por ejemplo, una secuencia homóloga, o regiones de secuencias conservadas homólogas, en el nivel de ADN o aminoácidos. Las porciones esenciales de esta
30 secuencia o la secuencia homóloga total se pueden utilizar como sonda de hibridación usando técnicas de hibridación estándares (tal como, por ejemplo, se describe en Sambrook et al. (1989), ver anteriormente) para aislar otras secuencias de ácidos nucleicos que son útiles en el método de otros organismos mediante la selección de bibliotecas de ADNc y/o bibliotecas genómicas.

35

Por otra parte, una molécula de ácido nucleico de acuerdo con la invención o una parte de este se puede aislar por medio de reacción en cadena de la polimerasa, en donde se utilizan cebadores de oligonucleótidos basados en las secuencias especificadas en la presente o partes de los mismos (por ejemplo, es posible aislar una molécula de ácido nucleico que comprende la secuencia completa o parte de la misma por medio de la reacción en cadena de la polimerasa utilizando cebadores de oligonucleótidos que se han generado sobre la base de la misma secuencia). Por ejemplo, se puede aislar ARNm a partir de células (por ejemplo por el método de extracción de tiocianato de guanidinio por Chirgwin et al., *Biochemistry* 18, 5294 (1979)) y ADNc preparado a partir de este por medio de la transcriptasa inversa (por ejemplo, transcriptasa inversa MLV de Moloney, obtenible de Gibco/BRL, Bethesda, Md. o AMV transcriptasa inversa, disponible en Seikagaku Amerika, Inc., St. Petersburg, Fla.). Los cebadores de oligonucleótidos sintéticos para la amplificación mediante la reacción en cadena de la polimerasa se pueden generar sobre la base de las secuencias descritas en la presente. Un ácido nucleico de acuerdo con la invención puede amplificarse utilizando ADNc o, alternativamente, ADN genómico como templado y cebadores de oligonucleótidos apropiados por medio de técnicas estándar de amplificación por PCR. El ácido nucleico amplificado de este modo se puede clonar en un vector adecuado y caracterizar por medio de análisis de secuencia de ADN. Los oligonucleótidos que corresponden a una secuencia de nucleótidos que codifica para una proteína de acuerdo con la invención se pueden preparar por métodos estándares de síntesis, por ejemplo, usando un sintetizador de ADN automatizado.

El término "fragmento de ADN" tal como se utiliza en el presente contexto se entiende que significa porciones del ADN que codifican una proteína de acuerdo con la invención cuando esta actividad biológica consiste en la mediación de un aumento en la resistencia a patógenos (con preferencia la resistencia a patógenos fúngicos y/o bacterianos).

El término "fragmentos de la proteína" tal como se utiliza en el presente contexto se refiere a porciones de la proteína cuya actividad biológica comprende la mediación de un aumento en la resistencia a patógenos (con preferencia la resistencia a patógenos fúngicos y/o bacterianos) en plantas.

En una forma de realización especialmente preferida, la invenciones refiere a una proteína de YODA que tiene la actividad mostrada en los ejemplos. En una forma de

realización, una proteína de YODA se entiende que significa una proteína con una homología con una de las secuencias de aminoácidos mostrada en las SEQ ID No.: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 42, 44, 46, 48, 69 o 72 o en las figuras, por ejemplo un polipéptido de YODA de *Arabidopsis thaliana* (AtYODA) de acuerdo con SEQ ID NO: 2, y/o de uva (*Vitis vinifera*) de acuerdo con SEQ ID No.: 4, 6, y/o 8, y/o de álamo (*Populus trichocarpa*) de acuerdo con SEQ ID NO: 10, 12, y/o 14, y/o de arroz (*Oryza sativa Japonica*) de acuerdo con SEQ ID NO: 16, y/o 18 y/o de soja (*Glycine max*) de acuerdo con SEQ. ID NO: 20, 22, 24, 26, 28, y/o 30 y/o y/o de melón (*Cucumis melo* subsp. *melo*) de acuerdo con SEQ ID NO: 32 y/o de tomate (*Solanum lycopersicum*) de acuerdo con SEQ. ID NO: 34, 36, y/o 38, y/o de sorgo (*Sorgo bicolor*) de acuerdo con SEQ ID NO: 40, y/o 42, y/o de maíz (*Zea mays*) de acuerdo con SEQ ID NO: 44 y/o de trigo (*Triticum aeastivum*) de acuerdo con SEQ. ID NO: 46 y/o de cebada (*Hordeum vulgare*) de acuerdo con SEQ. ID NO: 48 o de acuerdo con una de las secuencias de consenso de acuerdo con SEQ ID NO: 69, o un fragmento funcional de este. En una forma de realización, la invención se refiere a equivalentes funcionales de secuencias de polipéptidos mencionadas anteriormente.

Con preferencia, la proteína de YODA tiene una secuencia que tiene al menos 50%, con preferencia al menos 60%, al menos 70%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90%, al menos 95%, al menos 97%, al menos 98% o al menos 99%, identidad con cualquiera de las secuencias mostradas en las SEQ ID No.: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 69 o 72; con preferencia el polipéptido tiene la misma o similar función biológica que un polipéptido como se muestra en la SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 69 o 72; con preferencia la expresión del polipéptido de YODA confiere aumento de la resistencia fúngica.

“Cantidad polipéptido” significa, por ejemplo el número de moléculas, o moles de moléculas de polipéptido YODA en un organismo, un tejido, una célula o un compartimiento celular. El “aumento” de la cantidad de polipéptido significa el aumento molar en el número de los respectivos polipéptidos en un organismo, un tejido, una célula o un compartimiento celular,-por ejemplo – por uno de los métodos descritos en la presente más adelante-en comparación con un control adecuado, por ejemplo, el tipo salvaje (planta de control) del mismo género y especie a la que este método no se ha aplicado, en condiciones por lo demás idénticas (tales como, por ejemplo, condiciones de

cultivo, edad de las plantas y similares). El incremento en este contexto equivale a al menos 5%, con preferencia al menos 10% o al menos 20%, con especial preferencia al menos 40% o 60%, con muy especial preferencia al menos 70% o 80%, con máxima preferencia al menos 90%, 95% o 99%, en particular 100%, con particular preferencia más de 100%, con preferencia más de 150%, 200% o 300%.

La identidad entre dos secuencias de ácidos nucleicos significa la identidad de la secuencia de ácidos nucleicos en cada caso de la longitud de la secuencia completa, que se calcula por comparación con ayuda del algoritmo de programa GAP Wisconsin Package Version 10.0, University of Wisconsin, Genetics Computer Group (GCG), Madison, USA; Altschul et al., Nucleic Acids Res. 25, 3389 (1997)), que establece los siguientes parámetros:

Ponderación de la brecha: 50 Ponderación de la longitud: 3
Promedio de apareamiento: 10 Apareamiento erróneo promedio: 0

Por ejemplo, una secuencia que tiene al menos 80 % de identidad con la secuencia de la SEQ ID NO: 1 en el nivel de ácido nucleico se entiende que significa una secuencia que, en comparación con la secuencia de la SEC ID N ° 1 por el algoritmo de programa de arriba con el conjunto de parámetros anterior, tiene una identidad de al menos el 80 %.

La identidad entre dos polipéptidos se entiende que significa la identidad de la secuencia de aminoácidos respecto en cada caso sobre toda la longitud de la secuencia que se calcula por comparación con ayuda del algoritmo de programa GAP Wisconsin Package Version 10.0, University of Wisconsin, Genetics Computer Group (GCG), Madison, USA; Altschul et al., Nucleic Acids Res. 25, 3389 (1997)), que establece los siguientes parámetros:

Ponderación de la brecha: 8 Ponderación de la longitud: 2
Promedio de apareamiento: 2,912 Apareamiento erróneo promedio:-2.003

Por ejemplo, una secuencia que tiene al menos 80% de identidad en el nivel de polipéptido con la secuencia SEQ ID NO: 2 se entiende que significa una secuencia que, después de la comparación con la secuencia SEQ ID NO 2 en el anterior algoritmo del programa con el anterior conjunto de parámetro, tiene al menos 80% de identidad.

Se propuso la eliminación de la parte del dominio regulatorio negativo N-terminal de YODA (CA:YODA) para permitir que YODA sea constitutivamente activo (Lukowitz, W., et al., Cell 116: 109-19 (2004)). Esta región del extremo terminal caracteriza el clado YODA M3PK y define las secuencias ortólogas putativas que son adecuadas para una supresión funcional para la activación constitutiva como se muestra en las Figuras 1 y 2. En una forma de realización preferida, la secuencia que codifica el polipéptido de acuerdo con la invención tiene una supresión en el Dominio regulatorio negativo N-terminal. Con preferencia, el extremo N-terminal de la proteína de YODA está suprimido como se indica en la Figura 1 (es decir, supresión CA:YODA). Con preferencia, se suprimen los aminoácidos N-terminales 184-322 de la proteína de AtYODA. Con preferencia, están suprimidos los aminoácidos N-terminales de las proteínas de YODA derivadas de las especies de plantas diferentes de Arabidopsis correspondientes a los aminoácidos 184-322 de la proteína de AtYODA. Con preferencia, 5, 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45, 50, 55, 60, 65, 70, 75, 80, 85, 90, 95, 100, 105, 110, 115, 120, 125, 130, 135, o 138 aminoácidos, con preferencia aminoácidos consecutivos, con preferencia contados desde el extremo N-terminal (es decir, residuo de aminoácido de AtYODA 184) o el extremo C-terminal (es decir, residuo de aminoácido de AtYODA 322)) correspondiente a los aminoácidos 184-322 de la proteína de AtYODA. La invención también se refiere a las respectivas moléculas de ácido nucleico que codifican tales proteínas suprimidas N-terminales y el uso de estos ácidos nucleicos para conferir resistencia fúngica aumentada, con preferencia, en una planta.

De acuerdo con la invención, la actividad de los polipéptidos mencionados anteriormente se introduce en y se expresa en una planta o una parte de una planta, con preferencia en/dentro de las células epidérmicas y/o células del mesófilo de una planta, como se ilustró anteriormente en la presente, o la expresión del polipéptido aumenta de modo análogo.

In una forma de realización, la actividad de a proteína de YODA aumenta en lema, palea y/o gluma.

Dentro del contexto de la invención, "introducción" o "introducir" comprende todos los métodos que son adecuados para introducir de forma directa o indirecta en una planta o una célula, compartimiento, tejido, órgano o semilla, una secuencia de ácidos nucleicos de acuerdo con la invención, o generarla allí. La introducción puede llevar a una

presencia transitoria o estable de una secuencia de ácidos nucleicos de acuerdo con la invención.

5 "Introducción" o "introducir" comprende, por ejemplo, métodos tales como transfección, transducción o transformación.

Una forma de realización es un casete de expresión de ADN recombinante, el presente casete de expresión de acuerdo con la invención, que comprende a molécula de ácido nucleico de acuerdo con la invención.

10

Una forma de realización es el casete de expresión de ADN recombinante de acuerdo con la invención, donde dicha secuencia de ácidos nucleicos está en unión operable con un promotor que es funcional en las plantas.

15 Una forma de realización es un vector recombinante que comprende el casete de expresión de acuerdo con la invención.

Una forma de realización es una célula que comprende la molécula de ácido nucleico de acuerdo con la invención, un casete de expresión de ADN de acuerdo con la invención, o a vector que comprende dicho casete de expresión.

20

Una forma de realización es un organismo no humano transgénico o una planta, que comprende una molécula de ácido nucleico de acuerdo con la invención, un casete de expresión de ADN de acuerdo con la invención, o un vector que comprende dicho casete de expresión, o que comprende una célula que comprende dicha moléculas de ácido nucleico, dicho casete de expresión, o dicho vector. Con preferencia, dicho organismo o planta se selecciona del grupo que consiste en soja, papa, algodón, colza, colza oleaginosas, canola, girasol, alfalfa, trébol, banana, mora, arándano, frutilla, frambuesa, melón cantalupo, zanahoria, coliflor, café, pepino, berenjena, uva, melón dulce, lechuga, mango, melón, cebolla, papaya, pimienta, piña, calabaza, espinaca, calabaza, tabaco, tomate, tomatillo, sandía, manzana, durazno, pera, cereza, ciruela, brócoli, col, coliflor, repollos de Bruselas, coles, grosellas, palta, naranja, limón, pomelo, mandarina, alcaucil, cereza, nuez, maní, escarola, puerro, arrurruz, remolacha, yuca, nabo, rábano, ñame, batata, arveja, poroto, caña de azúcar, césped, Miscanthus, pasto varilla, trigo, maíz, maíz dulce, arroz, mijo, sorgo, cebada y centeno.

35

Una forma de realización es un método para generar una planta transgénica que es resistente a los oomycetes y/o patógenos fúngicos y /o bacterianos, que comprende usar la molécula de ácido nucleico de acuerdo con la invención, un casete de expresión de ADN de acuerdo con la invención, a vector que comprende dicho casete de expresión, o una célula que comprende dicha moléculas de ácido nucleico, dicho casete de expresión, o dicho vector.

Una forma de realización es un cultivo, material de propagación o composición que comprende la molécula de ácido nucleico de acuerdo con la invención, un casete de expresión de ADN de acuerdo con la invención, o un vector que comprende dicho casete de expresión, o que comprende una célula que comprende dicha moléculas de ácido nucleico, dicho casete de expresión, o dicho vector.

Una forma de realización es el uso de cualquiera de las moléculas de ácido nucleico de acuerdo con la invención, el casete de expresión de ADN de acuerdo con la invención, o un vector que comprende dicho casete de expresión, una parte de planta, o célula de planta para proporcionar una planta, parte de planta, o célula de planta resistente.

La introducción de un casete de expresión de acuerdo con la invención en un organismo o células, tejidos, órganos, partes o semillas del mismo (con preferencia en plantas o células de plantas, tejidos, órganos, partes o semillas) puede llevarse a cabo ventajosamente utilizando vectores que comprenden los casetes de expresión. El casete de expresión puede introducirse en el vector (por ejemplo, un plásmido) a través de un sitio de escisión por restricción adecuada. El plásmido obtenido se introduce primero en células de E. coli. Las células de E. coli transformadas correctamente se seleccionan, cultivan y se obtiene el plásmido recombinante utilizando métodos con los que el experto está familiarizado. El análisis de restricción y secuenciación se pueden usar para la verificación de la etapa de clonación.

Los vectores pueden adoptar la forma de, por ejemplo, plásmidos, cósmidos, fagos, virus u otras agrobacterias. En una forma de realización ventajosa, el casete de expresión se introduce por medio de vectores plásmidos. Los vectores preferidos son aquellos que hacen posible una integración estable del casete de expresión en el genoma del huésped.

Una forma de realización es la parte cosechable de un organismo no humano o planta transgénica, la presente parte cosechable de acuerdo con la invención, que comprende una molécula de ácido nucleico de acuerdo con la invención, un casete de expresión de
5 ADN de acuerdo con la invención, o un vector que comprende dicho casete de expresión, o que comprende una célula que comprende dichas moléculas de ácido nucleico, dicho casete de expresión, o dicho vector, donde la parte cosechable con preferencia es una semilla transgénica de la planta transgénica.

10 Una forma de realización es el producto derivado de un organismo no humano que comprende una molécula de ácido nucleico de acuerdo con la invención, un casete de expresión de ADN de acuerdo con la invención, o un vector que comprende dicho casete de expresión, o que comprende una célula que comprende dicha moléculas de ácido nucleico, dicho casete de expresión, o dicho vector, o planta que es resistente a los
15 oomycetes y/o patógenos fúngicos y/o bacterianos, obtenidos por el método que comprende usar la molécula de ácido nucleico de acuerdo con la invención, un casete de expresión de ADN de acuerdo con la invención, un vector que comprende dicho casete de expresión, o una célula que comprende dicha moléculas de ácido nucleico, dicho casete de expresión, o dicho vector, de una planta producible por el método de acuerdo
20 con la invención o de la parte cosechable de acuerdo con la invención.

Una forma de realización es un método para la producción de un producto, el método presente para la producción de un producto de acuerdo con la invención, que comprende

a) cultivar una planta que comprende la molécula de ácido nucleico de acuerdo con
25 la invención, un casete de expresión de ADN de acuerdo con la invención, o un vector que comprende dicho casete de expresión, o que comprende una célula que comprende dicha moléculas de ácido nucleico, dicho casete de expresión, o dicho vector o se puede obtener por el método de la invención.

b) producir dicho producto de o por la planta y/o parte, con preferencia semillas, de la
30 planta.

Una forma de realización particular es el método para la producción de un producto de acuerdo con la invención, que comprende:

a) cultivar una planta que comprende la molécula de ácido nucleico de acuerdo con
35 la invención, un casete de expresión de ADN de acuerdo con la invención, o a vector que

comprende dicho casete de expresión, o que comprende una célula que comprende dicha moléculas de ácido nucleico, dicho casete de expresión, o dicho vector o se puede obtener por el método de acuerdo con la invención y eliminar las partes cosechables de acuerdo con la invención; y

- 5 b) producir dicho producto de o por las partes cosechables de la planta.

Una forma de realización es el método para la producción de un producto de acuerdo con la invención, donde el producto es harina o aceite, con preferencia, harina de soja o aceite de soja.

10

“Epitope” se entiende que significa las regiones de un antígeno que determinan la especificidad de los anticuerpos (el determinante antigénico). De acuerdo con ello, un epitope es la porción de un antígeno que realmente entra en contacto con el anticuerpo.

15

Tales determinantes antigénicos son aquellas regiones de un antígeno al que los receptores de células T reaccionan y, como consecuencia, producen anticuerpos que se unen específicamente al epitope/ determinante antigénico de un antígeno. En consecuencia, los antígenos, o sus epitopes, son capaces de inducir la respuesta inmune de un organismo con la consecuencia de la formación de anticuerpos específicos, que están dirigidos contra el epitope. Los epitopes consisten por ejemplo, en secuencias lineales de aminoácidos en la estructura primaria de las proteínas, o de estructuras de proteínas secundarias o terciarias complejas. Un hapteno se entiende que significa un epitope que se disocia del contexto del ambiente del antígeno. Aunque los haptenos tienen, por definición, un anticuerpo dirigido contra ellos, los haptenos, bajo ciertas circunstancias, no son capaces de inducir una respuesta inmune en un organismo, por ejemplo después de una inyección. Para este fin, los haptenos se acoplan con las moléculas portadoras. Un ejemplo que se puede mencionar es dinitrofenol (DNP), que, después del acoplamiento a BSA (albúmina sérica bovina), se ha utilizado para la generación de anticuerpos que se dirigen contra DNP (Bohn, A., König, W., Immunology
20 25 30 47 (2), 297 (1982)).

Los haptenos, en consecuencia, son sustancias particulares (con frecuencia sustancias de bajo peso molecular o sustancias pequeños) que, sin bien no desencadena por sí mismos la respuesta inmune, en efecto desencadenarán tal respuestas cuando se acoplan a un portador molecular grande.

35

Los anticuerpos generados de este modo también incluyen los que se puede unir al hapteno solo.

5 En una forma de realización, la presente invención se refiere a un anticuerpo contra un polipéptido caracterizado en la presente, en particular, a un anticuerpo monoclonal que se une a un polipéptido que comprende una secuencia de aminoácidos o consiste de la misma, como se muestra en las secuencias mostradas en las SEQ ID No.: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 69 o 72.

10

Los anticuerpos dentro del alcance de la presente invención se pueden utilizar para identificar y aislar polipéptidos descritos de acuerdo con la invención a partir de organismos, con preferencia plantas, con especial preferencia plantas monocotiledóneas, o aún con más preferencia plantas dicotiledóneas. Los anticuerpos pueden ser de naturaleza monoclonal, policlonal o sintético o consistir en fragmentos de anticuerpo tales como fragmentos Fab, Fv o scFv, que se forman por la degradación proteolítica. Los fragmentos de "cadena simple" Fv (scFv) son fragmentos de cadena simple que, unidos a través de una secuencia de ligador flexible, comprenden solo las regiones variables de las cadenas pesadas y livianas de anticuerpos. Tales fragmentos scFv también se pueden producir como derivados de anticuerpos recombinantes. Una presentación de tales fragmentos de anticuerpos en la superficie de fagos filamentosos hace posible la selección directa, a partir de bibliotecas de fagos combinatorios, de moléculas de scFv que se unen con alta afinidad.

15 20 25 Los anticuerpos monoclonales se pueden obtener de acuerdo con el método descrito por Köhler y Milstein (Nature 256 (1975), 495).

La selección de bibliotecas de ADNc o bibliotecas genómicas de otros organismos, con preferencia de las especies de plantas mencionadas más adelante, que son adecuadas como huéspedes de transformación, usando las secuencias de ácido nucleico descritas en la SEQ ID N °: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 70 o 71 o partes de la misma como sonda es también un método conocido para los expertos en la técnica para identificar homólogos en otras especies. En este contexto, las sondas derivadas de la secuencia de ácido nucleico como se muestra en SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43,

30 35

45, 47, 70 o 71 tienen una longitud de al menos 20 pb, con preferencia al menos 50 bp, con especial preferencia al menos 100 bp, con muy especial preferencia al menos 200 bp, con máxima preferencia al menos 400 bp. La sonda también puede ser una o más kilobases de longitud por ejemplo, 1 kb, 1,5 kb o 3 kb. Una cadena de ADN que es
5 complementaria a las secuencias descritas en las SEQ ID No: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 70 o 71 o un fragmento de la misma cadena con una longitud de entre 20 pb y varias kilobases también se puede emplear para la selección de las bibliotecas.

10 En el método de acuerdo con la invención, también se pueden usar las moléculas de ADN que se hibridan en condiciones estándar con las moléculas de ácido nucleico descritas por la SEQ ID N °: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 70 o 71 y que codifican las proteínas de Yoda, con las moléculas de ácidos nucleicos que son complementarios a las anteriores o con partes de
15 lo anterior y que, como secuencias completas, codifican polipéptidos que tienen propiedades esencialmente idénticas, propiedades funcionales preferidos, a los polipéptidos descritos en la SEC ID N °: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 69 o 72.

20 “Condiciones de hibridación estándar” se debe entender en el sentido amplio y significa, de acuerdo con la aplicación de condiciones de hibridación rigurosas, aún menos rigurosas. Tales condiciones de hibridación se describen, entre otras cosas, en Sambrook J, Fritsch E F, Maniatis T et al., e Molecular Cloning (A Laboratory Manual), 2nd edición, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989, pages 9.31-9.57) o in Current Protocols in
25 Molecular Biology, John Wiley & Sons, N.Y. (1989), 6.3,1-6.3.6.

El experto en la materia, sobre la base de sus conocimientos técnicos, puede elegir las condiciones de hibridación que le permiten diferenciar entre hibridaciones específicas e inespecíficas.

30

Por ejemplo, las condiciones durante la etapa de lavado se pueden seleccionar entre las condiciones de baja rigurosidad (con aproximadamente $2 \times \text{SSC}$ a 50 [grados.] C) y condiciones de rigurosidad alta (con aproximadamente $0.2 \times \text{SSC}$ a 50 [grad.] C, con preferencia a 65 [grad.] C.) ($20 \times \text{SSC}$: citrato de sodio 0,3 M, NaCl 3 M, pH 7,0). Por otra
35 parte, la temperatura durante la etapa de lavado se puede elevar desde condiciones de

baja rigurosidad a temperatura ambiente, aproximadamente 22 [grad.] C, a condiciones de mayor rigurosidad a aproximadamente 65 [grad.] C. Los dos parámetros, concentración de sal y la temperatura, pueden variar de forma simultánea o bien individual, manteniendo en cada caso el otro parámetro constante. Durante la hibridación, también es posible emplear agentes desnaturalizantes tales como, por ejemplo, formamida o SDS. En presencia de formamida 50%, la hibridación se lleva a cabo con preferencia a 42 [grados.] C. Algunos ejemplos de condiciones preferidas para la hibridación y etapas de lavado se detallan a continuación en la presente:

10 (1) Las condiciones de hibridación se pueden seleccionar por ejemplo, entre las siguientes condiciones:

- a) 4*SSC a 65[grados]C,
- b) 6*SSC at 45[grados]C,
- 15 c) 6*SSC, 100 [mu]g/ml ADN de esperma de pescado fragmentado desnaturalizado a 68[grados]C,
- d) 6*SSC, 0.5% SDS, 100 [mu]g/ml ADN de esperma de salmón desnaturalizado a 68[grados]C,
- e) 6*SSC, 0.5% SDS, 100 [mu]g/ml ADN de esperma de salmón fragmentado desnaturalizado, formamida 50% a 42[grados]C,
- 20 f) formamida 50%, 4*SSC a 42[grados]C,
- g) 50% (vol/vol) formamida, 0,1% albúmina sérica bovina, Ficoll 0,1%, polivinilpirrolidona, buffer de fosfato de sodio 50 mM pH 6,5, NaCl 750 mM, citrato de sodio 75 mM a 42[grados]C,
- 25 h) 2* o 4*SSC a 50[grados]C (condición de rigurosidad baja),
- i) 30 a 40% de formamida, 2* o 4*SSC a 42[grados]C (condición de rigurosidad baja), o
- j) buffer de fosfato de sodio 500 mN pH 7,2, SDS 7% (g/V), 1 mM de EDTA, 10 [mu]g/ml de ADN de cadena simple, BSA 0,5% (g/V) (Church y Gilbert, Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 81:1991 (1984))

30

(2) Las etapas de lavado se pueden seleccionar por ejemplo, entre las siguientes condicioness:

- a) NaCl 0,015 M /citrato de sodio 0,0015 M /0,1% SDS a 50[grados]C,
- 35 b) 0,1*SSC a 65[grados]C,

- c) 0,1*SSC, 0.5% SDS at 68[grados]C,
- d) 0,1*SSC, 0.5% SDS, 50% formamida a 42[grados]C,
- e) 0,2*SSC, 0,1% SDS at 42[grados]C, o
- f) 2*SSC at 65[grados]C (condición de rigurosidad baja).

5

En una forma de realización, las condiciones de hibridación se seleccionan de la siguiente manera:

Se elige un buffer de hibridación que comprende formamida, NaCl y PEG 6000. La presencia de formamida en el buffer de hibridación desestabiliza las moléculas de ácidos nucleicos de doble cadena, con lo que la temperatura de hibridación se puede bajar a 42 [grados] C sin reducir de ese modo la rigurosidad. El uso de la sal en el buffer de hibridación aumenta la velocidad de renaturalización de un dúplex de ADN, en otras palabras, la eficiencia de hibridación. Aunque el PEG aumenta la viscosidad de la solución, que tiene un efecto negativo sobre las tasas de renaturalización, la presencia del polímero en la solución aumenta la concentración de la sonda en el medio restante, lo que aumenta la velocidad de hibridación. La composición del buffer es

Buffer de hibridación

- 20 Buffer de fosfato de sodio 250 mM de pH 7,2
- EDTA 1 mM
- 7 % de SDS (g/V)
- NaCl 250 mM
- ssADN 10 [mu] g/ml
- 25 5 % de polietilenglicol (PEG) 6000
- 40 % de formamida

Las hibridaciones se llevan a cabo durante aproximadamente 12 horas a 42 [grados.] C, por ejemplo durante la noche. Los filtros se lavan luego 3* con 2*SSC+0,1% SDS en cada caso aproximadamente 10 minutos.

“Expresión génica” y “expresión” se han de entender como sinónimos y significan la realización de la información que se almacena en una molécula de ácido nucleico.

35 La “modificación” de acuerdo con la invención de las secuencias de nucleótidos o

secuencias de aminoácidos comprende con preferencia mutarlos, o mutaciones. Para los propósitos de la presente invención, “mutaciones” significa la modificación de la secuencia de ácidos nucleicos de una variante del gen en un plásmido o en el genoma de un organismo. Las mutaciones se pueden generar por ejemplo como consecuencia de errores durante la replicación, o por mutágenos. La tasa de mutación espontánea en el genoma de la célula de organismos es muy bajo, sin embargo, los expertos en la técnica conocen una multiplicidad de mutágenos biológicos, químicos o físicos y métodos de la mutación de las secuencias de nucleótidos de una manera aleatoria o específica, y por lo tanto en última instancia, potencialmente, también para modificar las secuencias de aminoácidos que codifican.

Las mutaciones comprenden sustituciones, adiciones, supresiones de uno o más residuos de ácido nucleico. Se entiende que las sustituciones significa el intercambio de bases de ácidos nucleicos individuales, donde se distingue entre transiciones (sustitución de una base de purina para una base de purina y de una base de pirimidina por una base de pirimidina) y transversiones (sustitución de una base de purina por una pirimidina de base, o viceversa).

La adición o inserción se entiende que significa la incorporación de residuos de ácido nucleico adicionales en el ADN, lo que puede produce cambios de marco de lectura. En el caso de tales cambios del marco de lectura, se distingue entre inserciones/adiciones en marco e inserciones fuera del marco. En el caso de las inserciones/adiciones en marco, se retiene el marco de lectura se conserva, y se forma un polipéptido que se alarga mediante el número de los aminoácidos codificados por los ácidos nucleicos insertados. En el caso de inserciones/adiciones fuera de marco, el marco de lectura original se pierde, y la formación de un polipéptido completo y funcional en muchos casos ya no es posible, la que obviamente depende del sitio de la mutación.

Las supresiones describen la pérdida de una o más pares de bases, que lleva los cambios en marco o fuera del marco de lectura y las consecuencias que esto conlleva en lo que respecta a la formación de una proteína intacta.

Los expertos en la técnica están familiarizados con los agentes mutagénicos (mutágenos) que pueden utilizarse para generar mutaciones aleatorias o específicas, y los métodos y técnicas que se pueden emplear. Tales métodos y mutágenos se describen por ejemplo

en ("Mutation breeding: theory and practical applications", Cambridge University Press, Cambridge, UK (1998)), Friedberg E., Walker G., Siede W. ("DNA Repair and Mutagenesis", Blackwell Publishing (1995)), or Sankaranarayanan K., Gentile J. M., Ferguson L. R. ("Protocols in Mutagenesis", Elsevier Health Sciences (2000)).

5

Los métodos habituales y los procesos de la biología molecular, tal como, por ejemplo, el kit de mutagénesis in vitro, "Kit en mutagénesis in vitro de PCR" (Takara Shuzo, Kyoto), o mutagénesis por PCR usando cebadores adecuados, se puede emplear para la introducción de mutaciones dirigidas.

10

Como ya se mencionó anteriormente, existe una multiplicidad de mutágenos químicos, físicos y biológicos.

15

Los mencionados en el presente documento a continuación se dan a modo de ejemplo, pero no como limitación.

20

Los mutágenos químicos pueden dividirse de acuerdo con su mecanismo de acción. Por lo tanto, existen análogos de base (por ejemplo, 5-bromouracilo, 2-aminopurina), agentes alquilantes de mono y bifuncionales (por ejemplo agentes monofuncionales tales como sulfonato de metiletilo, sulfato de dimetilo, o agentes bifuncionales tales como sulfito de dicloroetilo, mitomicina, nitrosoguanidina-dialquil nitrosamina, derivados de N-nitrosoguanidina) o sustancias de intercalación (por ejemplo, acridina, bromuro de etidio).

25

Los ejemplos de mutágenos físicos son las radiaciones ionizantes. Las radiaciones ionizantes son ondas electromagnéticas o radiaciones corpusculares, que son capaces de moléculas ionizantes, es decir, de la eliminación de electrones de ellos. Los iones que permanecen son en la mayoría de los casos altamente reactiva de modo que, en el caso de que se forman en el tejido vivo, son capaces de causar un gran daño por ejemplo, para el ADN y de este modo inducir mutaciones (a baja intensidad). Los ejemplos de

30

radiaciones ionizantes son radiación gamma (energía de los fotones de aproximadamente un mega electrón voltios MeV), radiación de rayos X (energía de fotones de varios o muchos kilo electrón voltios keV) o además luz ultravioleta (luz UV, energía de fotones de más de 3,1 eV). La luz UV causa la formación de dímeros entre las bases, los dímeros de timidina son más comunes, y originan mutaciones.

35

Para la generación tradicional de mutantes mediante el tratamiento de las semillas con agentes mutagenizantes, tales como, por ejemplo, sulfonato de etil metilo (EMS) (Birchler, JA y Schwartz, D., *Biochem. Genet* 17 (11-12), 1173 (1979); Hoffmann, GR, *Mutat Res.* 75 (1), 63 (1980)) o la radiación ionizante en la actualidad se ha añadido el uso de mutágenos biológicos, por ejemplo, los transposones (por ejemplo Tn5, Tn903, Tn916, Tn1000, Mayo BP et. al., *Proc. Natl. Acad. Sci. US.* 100 (20), 11541 (2003)) o métodos de biología molecular tales como la mutagénesis por inserción de T-ADN (Feldman, KA, *Plant Journal* 1, 71 (1991),. Koncz, C., et al, *Plant Mol Biol* 20:.. 963-76 (1992)).

10

Para generar variantes de genes mutados, se prefiere utilizar mutágenos químicos o biológicos. Entre los agentes químicos, se prefiere especialmente generar mutantes por medio de mutagénesis EMS (sulfonato de etil metilo). Entre la generación de mutantes usando mutágenos biológicos, se puede elegir con preferencia mutagénesis de ADN-T o la mutagénesis de transposón.

15

En consecuencia, por ejemplo, también es posible emplear los polipéptidos en el método de acuerdo con la invención que se obtienen como el resultado de una mutación de una secuencia de nucleótidos que codifica un polipéptido de acuerdo con la invención, por ejemplo de acuerdo con SEQ ID No: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 42, 44, 46, 48, 69 o 72.

20

El término "recombinante" significa, por ejemplo con respecto a una secuencia de ácidos nucleicos, un casete de expresión o un vector que comprende dicha secuencia de ácidos nucleicos o un organismo transformado con dicha secuencia de ácidos nucleico, casete o vector de expresión, todos los constructos u organismos que son el resultado de métodos recombinantes y en el que cualquiera es

25

(a) la secuencia de ácidos nucleicos de la proteína YODA

(b) una secuencia de control genético, por ejemplo un promotor, que está unida operativamente con la secuencia de ácidos nucleicos de la proteína YODA, o

30

(c) (a) y (b)

no se encuentra en su ambiente genético natural o se han modificado por métodos recombinantes, esto es posible para la modificación que es, por ejemplo, una sustitución, adición, supresión, o inserción de uno o más residuos de nucleótidos.

35

El ambiente genético natural significa el locus cromosómico natural en el organismo de origen, o la presencia en una biblioteca genómica. En el caso de una biblioteca genómica, el ambiente genético natural de la secuencia de ácidos nucleicos se retiene con preferencia al menos en parte. El ambiente flanquea la secuencia de ácido nucleico
5 al menos en un lado y tiene una longitud de secuencia de al menos 50 pb, con preferencia al menos 500 bp, con especial preferencia al menos 1000 bp, con muy especial preferencia al menos 5000 bp. Un casete de expresión natural-por ejemplo la combinación natural del promotor de la proteína YODA con el correspondiente gen de la proteína YODA-se convierte en un casete de expresión recombinante cuando el último es
10 modificado por medio de métodos sintéticos, no naturales ("artificiales ") tales como, por ejemplo, mutagenización. Los métodos adecuados se han descrito (Patente de US. N ° 5.565.350; WO 00/15815).

Como se usa en la presente, el término "transgénico" se refiere a un organismo, por
15 ejemplo, una planta, célula de planta, callo, tejido de la planta, o parte de planta que contiene el ácido nucleico exógeno, constructo recombinante, vector o casete de expresión descrito en la presente o una parte de este que se introduce con preferencia por procesos no esencialmente biológicos, con preferencia por transformación de Agrobacterias.El constructo recombinante o una de sus partes está integrado de manera
20 estable en un cromosoma, de modo que se transmite a generaciones sucesivas por propagación clonal, propagación vegetativa o propagación sexual.

Las generaciones sucesivas preferidas también son transgénicas. Los procedimientos esencialmente biológicos pueden ser cruza de plantas y/o recombinación natural.

25

Una planta transgénica, célula o tejido de la planta para los propósitos de la invención por lo tanto, se entiende que significa que un ácido nucleico exógeno de YODA, constructo recombinante, vector o casete de expresión que incluye uno o más ácidos nucleicos de YODA es integrado en el genoma por medio de la tecnología de genes.

30

El término ácido nucleico "exógeno" se refiere a un ácido nucleico que se ha introducido en una planta por medio de la tecnología de genes. Un ácido nucleico "exógeno" puede no producirse en una planta en su forma natural, ser diferente del ácido nucleico en cuestión tal como se encuentra en una planta en su forma natural, o puede ser idéntica a
35 un ácido nucleico que se encuentra en una planta en su forma natural, pero no integrada

en su ambiente genético natural. El significado correspondiente de “exógeno” se aplica en el contexto de la expresión de la proteína. Por ejemplo, una planta transgénica que contiene un transgén, es decir, un ácido nucleico exógeno, puede, cuando se compara con la expresión del gen endógeno, se encuentran con un aumento sustancial de la expresión del gen o proteína respectivos en total. Una planta transgénica de acuerdo con la presente invención incluye un ácido nucleico exógeno YODA integrado en cualquier locus genéticos y, opcionalmente, la planta también puede incluir el gen endógeno en la base genética natural.

10 En consecuencia, el método para aumentar la resistencia fúngica, con preferencia resistencia a Phacopsoracea, por ejemplo, roya de poroto de soja, en una planta, parte de planta, o célula de planta, por el aumento de la expresión de una proteína de YODA o un fragmento funcional de este, o una variante de empalme de este, donde la proteína de YODA está codificada por

15 (i) un ácido nucleico exógeno que tiene al menos 50% de identidad, al menos 60% de identidad, con preferencia al menos 70% de identidad de secuencia, al menos 80 %, al menos 90%, al menos 95 %, al menos 98%, al menos 99% de identidad de secuencia, o incluso 100% de identidad de secuencia con SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 70 o 71, o una variante de empalme de este;

20 (ii) un ácido nucleico exógeno que codifica una proteína que tiene al menos 50% de identidad de secuencia, al menos 60%, con preferencia al menos 70% de identidad de secuencia, al menos 80 %, al menos 90%, al menos 95 %, al menos 98%, al menos 99% de identidad de secuencia, o incluso 100% de identidad de secuencia con SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 69 o 72, un fragmento funcional de este; con preferencia la proteína codificada confiere aumento de resistencia fúngica con respecto a las plantas control;

30 (iii) un ácido nucleico exógeno capaz de hibridar en condiciones rigurosas con una secuencia complementaria de cualquiera de los ácidos nucleicos de acuerdo con (i) o (ii); con preferencia que codifica una proteína de YODA; con preferencia donde la molécula de ácido nucleico codifica un polipéptido que tiene esencialmente propiedades idénticas al polipéptido descrito en las SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 69 o 72; con preferencia la proteína codificada confiere aumento de resistencia fúngica con respecto a las plantas control; y/o por

35 (iv) un ácido nucleico exógeno que codifica la misma proteína de YODA como

cualquiera de los ácidos nucleicos de (i) a (iii) anteriores, pero que difiere de los ácidos nucleicos de (i) a (iii) anteriores debido a la degeneración del código genético es una forma de realización adicional de la invención.

5 El aumento de acuerdo con la invención de la resistencia al patógeno también se puede obtener por manipulación de la expresión de proteína propia de la planta, es decir, la proteína endógena, que corresponde a la proteína de acuerdo con la invención, o de una secuencia de nucleótidos endógena, que constituye una secuencia de acuerdo con la invención, y que también puede comprender la región UTR 5'y/o 3'. Este es, entonces,
10 una secuencia de nucleótidos o péptidos endógenos que media un aumento que media un aumento de la resistencia al patógeno o es una secuencia de aminoácidos de acuerdo con la invención que codifica tal proteína. Esta manipulación se puede obtener por cualquier modificación de la secuencia, con preferencia a mutación, pero también por ejemplo por una modificación de la secuencia de ADN promotora del gen que codifica la
15 proteína. Tal modificación, que produce una tasa de expresión modificada, con preferencia aumentada, del gen endógeno de acuerdo con la invención, se puede efectuar por medio de la supresión o inserción de secuencias de ADN. Como regla general, una modificación de la región 5'-UTR en total y/o de la secuencia promotora de los genes endógenos de acuerdo con la invención llevará a una modificación de la cantidad
20 expresada del gen y/o la función del gen o producto génico expresado, y en consecuencia con preferencia también a una modificación de la actividad que se puede detectar en la célula o en las plantas. La modificación de la 5'-UTR in total y/o de la secuencia promotora del gen endógeno de acuerdo con la invención también puede llevar a una modificación de la cantidad de, y/o la función de una proteína de acuerdo con la
25 invención en la célula.

Otra posibilidad de aumentar la actividad y el contenido de la proteína endógena de acuerdo con la invención es regular por aumento los factores de transcripción que están comprometidos en la transcripción del correspondiente gen endógeno, por ejemplo por
30 medio de la sobreexpresión. Los medios para sobreexpresar los factores de transcripción son conocidos por los profesionales expertos y también se describen para las proteínas de acuerdo con la invención dentro del contexto de la presente invención.

Por otra parte, un aumento de la expresión del gen endógeno de acuerdo con la
35 invención se puede conseguir mediante una proteína regulatoria, que no está presente en

el organismo no transformado, que interactúa con el promotor de estos genes. Tal regulador puede tomar la forma de una proteína quimérica que consiste en un dominio de unión a ADN y un dominio activador de la transcripción, tal como se describe por ejemplo en WO 96/06166.

5

La generación de un organismo transformado (o de una célula transformada) requiere la introducción de las moléculas de ADN pertinentes en la célula huésped relevante, y posteriormente la formación del ARN correspondiente y proteínas como el resultado de la expresión génica.

10

Una multiplicidad de métodos (Keown et al., *Methods in Enzymology* 185, 527 (1990)) está disponible para este procedimiento, que se denomina como transformación (o transducción o transfección). Por lo tanto, el ADN o ARN se pueden introducir, por ejemplo, directamente por medio de microinyección o por bombardeo con micropartículas recubiertas de ADN. Además, es posible permeabilizar químicamente la célula, por ejemplo usando polietilenglicol, de modo que el ADN puede llegar a la célula por difusión. El ADN también puede introducirse en la célula por medio de la fusión de protoplastos con otras unidades que comprende de ADN tales como minicélulas, células, lisosomas o liposomas. Un método adecuado adicional de introducir ADN es electroporación, en donde las células se permeabilizan de forma reversible por medio de un impulso eléctrico. Tales métodos se ha descrito (por ejemplo, en Bilang et al., *Gene* 100, 247 (1991); Scheid et al., *Mol. Gen. Genet.* 228, 104 (1991); Guerche et al., *Plant Science* 52, 111 (1987); Neuhauser et al., *Theor. Appl. Genet.* 75, 30 (1987); Klein et al., *Nature* 327, 70(1987); Howell et al., *Science* 208, 1265 (1980); Horsch et al., *Science* 227, 1229 (1985); DeBlock et al., *Plant Physiology* 91, 694 (1989); "Methods for Plant Molecular Biology" (Weissbach y Weissbach, eds.) Academic Press Inc. (1988); y "Methods in Plant Molecular Biology" (Schuler y Zielinski, eds.) Academic Press Inc. (1989)).

20

25

30

En las plantas, los métodos descritos anteriormente para la transformación y regeneración de plantas a partir de tejido de la planta o células de plantas que aprovechados para los fines de transformación transitoria o estable. Los métodos adecuados son principalmente la transformación de protoplastos por medio de la captación de ADN inducida por polietilén-glicol, el método biolístico con pistola de genes, conocido como el método de bombardeo de partículas, electroporación, la incubación de embriones secos en solución que comprende de ADN y microinyección.

35

Además de estas técnicas de transformación "directa", la transformación puede efectuarse también por la infección bacteriana por medio de *Agrobacterium tumefaciens* o *Agrobacterium rhizogenes*. Los métodos se describen por ejemplo en Horsch et al. Ciencia 225, 1229 (1985).

Si se utilizan agrobacterias, el casete de expresión es para ser integrado en plásmidos específicos, que puede ser un vector de transporte o intermediario o un vector binario. Si un plásmido Ti o Ri se utiliza para la transformación, al menos el límite derecho, pero en la mayoría de los casos tanto el límite derecho e izquierdo, del ADN-T plásmido Ti o Ri como región flanqueante está unido con el casete de expresión para ser introducido.

Se prefiere el uso de vectores binarios. Los vectores binarios son capaces de replicar tanto en *E. coli* y en *Agrobacterium*. Como una regla, ellos comprenden un gen marcador de selección y un ligador o poliligador flanqueado por la secuencia límite de ADN-T derecha e izquierda. Se pueden transformar directamente en agrobacterias (Holsters et al., Mol. Gn. Genet 163, 181 (1978)). El gen marcador de selección, por ejemplo el gen nptII, que media la resistencia a la kanamicina, permite seleccionar las agrobacterias transformadas. El *Agrobacterium* que, en el presente caso, actúa como el organismo huésped ya debería comprender un plásmido Ti auxiliar con la región vir, que es necesaria para la transferencia del ADN-T a la célula de planta. Un *Agrobacterium* transformado de este modo se puede utilizar para transformar células de planta. El uso de ADN T para la transformación de las células de planta se ha estudiado y descrito con gran detalle (EP 120 516; Hoekema, in "The Binary Plant Vector System", Offsetdrukkerij Kanters B. V., Alblaserdam, Chapter V; An et al. EMBO J. 4, 277 (1985)). Se conocen varios vectores binarios y en algunos ya disponibles en el comercio, tales como, por ejemplo, pBI101.2 o pBIN19 (Clontech Laboratories, Inc. USA).

En el caso de que el ADN o ARN se inyecta o electropora en las células de plantas, el plásmido utilizado no tiene que cumplir con los requisitos particulares. Se pueden usar plásmidos simples tales como los de la serie pUC. Si las plantas intactas son para regenerar a partir de las células transformadas, es necesario que un gen adicional marcador de selección se ubique en el plásmido.

35

Las células transformadas de manera estable, es decir, las que comprenden el ADN introducido integrado en el ADN de la célula huésped, se pueden distinguir de las células no transformadas cuando un marcador de selección es constituyente del ADN introducido (McCormick et al, Plant Cell Reports 5, 81 (1986)). Por ejemplo, cualquier gen que es capaz de mediar una resistencia a los antibióticos o herbicidas (tales como kanamicina, G 418, bleomicina, higromicina o fosfinotricina) puede actuar como un marcador. Las células transformadas que expresan tal gen marcador de tales son capaces de sobrevivir en presencia de concentraciones de un antibiótico o herbicida adecuado que destruye la célula tipo salvaje no transformada. Los ejemplos incluyen el gen *bar*, que media la resistencia al herbicida fosfinotricina (Rathore et al., Plant Mol. Biol. 21 (5), 871 (1993)), el gen *nptII*, que media la resistencia a la kanamicina, el gen *hpt*, que media la resistencia a la higromicina, o el gen de la *EPSP*, que media la resistencia al herbicida glifosato. Las plantas resultantes se pueden reproducir e hibridar de la manera habitual. Dos o más generaciones se deben cultivar con el fin de asegurar que la integración genómica es estable y hereditaria.

Los métodos mencionados anteriormente se describen por ejemplo en Jones et al. ("Techniques for Gene Transfer", en "Transgenic Plants", Vol. 1, Engineering and Utilization, editado por Kung S. D. and Wu R., Academic Press, p. 128-143 (1993), y en Potrykus, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42, 205 (1991)). Se prefiere clonar el constructo que se expresa en un vector que es adecuado para transformar *Agrobacterium tumefaciens*, por ejemplo en pBin 19 (Bevan et al., Nucl. Acids. Res. 12, 8711 (1984)).

Cuando una célula de planta transformada que se ha generado, se puede obtener una planta intacta utilizando métodos conocidos para los expertos. Un ejemplo de un material de partida usado aquí son cultivos de callos. La formación de brote y raíz de esta biomasa celular aún en forma indiferenciada se puede inducir de una manera conocida. Las plántulas obtenidas se pueden plantar y reproducir.

Los expertos en la técnica también conocen métodos para la regeneración de partes de plantas y plantas intactas a partir de células de plantas. Por ejemplo, los métodos descritos por Fennell et al, Plant Cell Rep, 11, 567 (1992); Stoeger et al, Plant Cell Rep. 14, 273 (1995); Jahne et al, Theor. Appl. Genet. 89, 525 (1994), se utilizan para este propósito.

La presente invención se refiere además a una molécula de ácido nucleico recombinante que comprende los siguientes elementos en orientación 5'-3': secuencias reguladoras de un promotor que es activo en células de planta, una secuencia de ADN según la invención en unión operativa con el mismo, si es apropiado, secuencias reguladoras que, en la célula de planta, pueden actuar como señales de transcripción, terminación y/o poliadenilación en unión operativa con este.

En dichos constructor de expresión/casetes de expresión, una molécula de ácido nucleico cuya expresión (transcripción y, en su caso, la traducción) genera una proteína de YODA con preferencia en unión operativa con al menos un elemento de control genético (por ejemplo, un promotor) que asegura la expresión en plantas. Si el constructo de expresión es para ser introducido directamente en la planta y la proteína YODA generada en el mismo en las plantas, se prefieren elementos de control genético específicos de planta (por ejemplo, promotores). Sin embargo, la proteína YODA también puede generarse en otros organismos o in vitro y luego introducir en la planta. En este contexto, se da preferencia a todos los elementos de control genético procariotas o eucariotas (por ejemplo, promotores) que permitan la expresión en la planta seleccionada en cada caso para la producción.

Con preferencia, la invención comprende un constructo de vector recombinante o constructo/casete de expresión que comprende:

(i) un ácido nucleico que tiene al menos 50% de identidad, al menos 60% de identidad, con preferencia al menos 70% de identidad de secuencia, al menos 80 %, al menos 90%, al menos 95 %, al menos 98%, al menos 99% de identidad de secuencia, o incluso 100% de identidad de secuencia con SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 70 o 71 o una variante de empalme de este;

(ii) un ácido nucleico que codifica una proteína que tiene al menos 50% de identidad, al menos 60% de identidad, con preferencia al menos 70% de identidad de secuencia, al menos 80 %, al menos 90%, al menos 95 %, al menos 98%, al menos 99% de identidad de secuencia, o incluso 100% de identidad de secuencia con SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 69 o 72; con preferencia la proteína codificada confiere aumento de resistencia fúngica con respecto a las plantas control;

(iii) un ácido nucleico capaz de hibridarse en condiciones rigurosas con una secuencia complementaria de cualquiera de los ácidos nucleicos de acuerdo con (i) o (ii); con preferencia que codifica una proteína de YODA; con preferencia donde la molécula de ácido nucleico codifica un polipéptido que tiene propiedades esencialmente idéntica al polipéptido descrito en las SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 69 o 72; con preferencia la proteína codificada confiere aumento de resistencia fúngica con respecto a las plantas control; y/o

(iv) un ácido nucleico que codifica la misma proteína de YODA que cualquiera de los ácidos nucleicos de (i) a (iii) anteriores, pero que difiere de los ácidos nucleicos de (i) a

(iii) anteriores debido a la degeneración del código genético, operativamente unido con

(b) un promotor y

(c) una secuencia de terminación de la transcripción.

Los términos "unido operativamente (con el mismo)" o "unido funcionalmente (con el mismo)" se entienden que significa, por ejemplo, las disposiciones secuenciales de un promotor con la secuencia de ácido nucleico a expresar y, si es apropiado, otros elementos regulatorios, tales como, por ejemplo, un terminador de tal manera que cada uno de los elementos regulatorios (o regulación) es capaz de cumplir con su función en la expresión transgénica de la secuencia de ácido nucleico, de acuerdo con la disposición de las secuencias de ácido nucleico para proporcionar ARN sentido o antisentido. Una unión directa en el sentido químico de la palabra no es necesaria en la presente. Las secuencias de control genéticos tales como, por ejemplo, secuencias potenciadoras, también pueden ejercer su función, sobre la secuencia blanco, desde posiciones en una cierta distancia, o incluso desde otras moléculas de ADN.

Las disposiciones preferidas son aquellas en los que la secuencia de ácido nucleico para expresar de forma recombinante se coloca después de la secuencia que actúa como promotor, de modo que las dos secuencias están unidas covalentemente entre sí. En este contexto, se prefiere que la distancia entre la secuencia promotora y la secuencia de ácido nucleico que se expresa de forma recombinante es menos de 200 pares de bases, Con especial preferencia de menos de 100 pares de bases, con muy especial preferencia de menos de 50 pares de bases.

La generación de una unión funcional y la generación de un casete de expresión puede llevarse a cabo por medio de técnicas de recombinación y clonación habituales como se

describe por ejemplo en Maniatis T., Fritsch E. F. y Sambrook J., "Molecular Cloning: A Laboratory Manual", Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor (N.Y.) (1989), in Silhavy T. J., Berman M. L. y Enquist L. W. "Experiments with Gene Fusions", Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor (N.Y.) (1984), in Ausubel F. M. et al., "Current
 5 Protocols in Molecular Biology", Greene Publishing Assoc. y Wiley Interscience (1987) y in Gelvin et al., in "Plant Molecular Biology Manual" (1990). Sin embargo, también es posible colocar, entre las dos secuencias, las secuencias adicionales que ejercen, por ejemplo, la función de un ligador con los sitios de escisión de enzimas de restricción específicas, o de un péptido señal. La inserción de secuencias también puede llevar a la
 10 expresión de proteínas de fusión. Se prefiere que el casete de expresión, que consiste en una unión del promotor y secuencia de ácidos nucleicos para expresar, puede estar presente en forma de vector integrado y se inserta en un genoma de la planta mediante, por ejemplo, transformación.

15 El método de acuerdo con la invención se puede combinar ventajosamente con otros métodos que producen resistencia a patógenos (por ejemplo, contra insectos, hongos, bacterias, nematodos y similares), la resistencia al estrés o otra mejora de las características de la planta. Se mencionan ejemplos entre otros, en Dunwell JM, J. Exp. Bot. 51, (Spec No) 487 (2000).

20

La invención también se refiere a moléculas de ácido nucleico que comprenden moléculas de ácido nucleico que codifican las proteínas de YODA de Arabidopsis de acuerdo con los polinucleótidos SEQ. ID NO: 1, y las secuencias de ácidos nucleicos que son complementarias a estas, y la secuencias que se derivan debido al degeneración del
 25 código genético, donde las moléculas de ácido nucleico no consisten en SEQ ID NO: 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 70 o 71. La invención también se refiere a moléculas de ácido nucleico que comprende moléculas de ácido nucleico que codifican proteínas de YODA de las plantas de soja de acuerdo con los polinucleótidos SEQ. ID No.: 19, 21, 23, 25, 27, 29, y las secuencias de ácidos
 30 nucleicos que son complementarias a estas, y la secuencias que se derivan debido al degeneración del código genético, donde las moléculas de ácido nucleico no consisten en SEQ ID No: 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 70 o 71.

La invención también se refiere a la proteína de YODA de Arabidopsis de acuerdo con
 35 SEQ. ID NO: 2 o una que comprende estas secuencias, que no corresponden a una de

las secuencias de la SEQ ID No.: 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46 o 48. La invención también se refiere a la proteína de YODA de las plantas de soja de acuerdo con SEQ. ID No.: 20, 22, 24, 26, 28 o 30 o uno que comprende estas secuencias, que no corresponden a una de las secuencias de la SEQ ID No.: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 32, 34, 36, 38, 42, 44, 46 o 48.

La invención también se refiere a casetes de expresión transgénicos que comprenden una de las secuencias de ácidos nucleicos de acuerdo con la invención. En los casetes de expresión transgénicos de acuerdo con la invención, la secuencia de ácidos nucleicos que codifica las proteínas de YODA de Arabidopsis se une con al menos un elemento de control genético definido anteriormente de manera tal que la expresión (transcripción y, si es apropiado, la traducción) se puede efectuar en cualquier organismo, con preferencia en plantas dicotiledóneas. Los elementos de control genéticos que son adecuados para este propósito se describieron anteriormente. Los casetes de expresión transgénicos también pueden comprender otros elementos funcionales como se definió anteriormente.

Tales casetes de expresión comprenden por ejemplo una secuencia de ácidos nucleicos de acuerdo con la invención, por ejemplo una secuencia de ácidos nucleicos que es esencialmente idéntica a una molécula de ácido nucleico como se muestra en la SEQ ID No.: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 70 o 71 o un fragmento de este de acuerdo con la invención, donde dicha secuencia de ácidos nucleicos con preferencia tiene orientación en sentido u orientación antisentido con respecto a un promotor y en consecuencia puede llevar a la expresión de ARN sentido o antisentido, dicho promotor es un promotor que es activo en las plantas, con preferencia un promotor que se puede inducir mediante el ataque de patógenos. También están comprendidos de acuerdo con la invención los vectores transgénicos que abarcan dichos casetes de expresión transgénicos.

Los promotores específicos de plantas significan cualquier promotor que es capaz de controlar la expresión de los genes, en particular genes extraños, en plantas o partes de plantas, célula de plantas, tejidos de planta, cultivos de planta. En la presente, la expresión por ejemplo, puede ser constitucional, inducible o dependiente del desarrollo

Se prefieren los siguientes:

35

a) Promotores constitutivos

Promotor “constitutivo” se refiere a aquellos promotores que aseguran la expresión en numerosos, con preferencia todos los tejidos durante un periodo de desarrollo de la planta relativamente largo, con preferencia en todo momento durante el desarrollo de la planta. En particular, se utiliza con preferencia un promotor de planta o un promotor derivado de un virus de plantas. El promotor del transcripto 35S de CaMV virus del mosaico de coliflor (Franck et al. Cell 21, 285 (1980); Odell et al. Nature 313, 810 (1985); Shewmaker et al. Virology 140, 281 (1985); Gardner et al. Plant Mol Biol 6, 221 (1986)) o el promotor 19S CaMV (patente U.S. N ° 5.352.606; WO 84/02913. Un promotor constitutivo adecuado adicional es el promotor de la subunidad pequeña de Rubisco (SSU) (Patente US. N ° 4.962.028), el promotor de la nopalina sintasa de Agrobacterium, el promotor doble TR, el promotor de OCS Agrobacterium (octopina sintasa), el promotor de ubiquitina (Holtorf S. et al Plant Mol Biol 29, 637 (1995)), el promotor de ubiquitina 1 (Christensen et al Plant Mol Biol 18, 675 (1992.); Bruce et al Proc Natl Acad Sci US. 86, 9692 (1989)), el promotor de ubiquitina del perejil (ver, por ejemplo US. 2007/0006347), el promotor de ubiquitina de maíz, el promotor *Smas*, el promotor de ciamil-alcohol deshidrogenada (patente de US. N ° 5.683.439), los promotores de subunidades ATPasa vacuolar o el promotor de una proteína rica en prolina de trigo (WO 91/13991), y otros promotores de genes cuya expresión constitutiva en plantas es conocido por lo expertos. Se prefiere especialmente como promotor constitutivo el promotor de gen de nitrilasa-1 (Nit1) de *A. thaliana* (GenBank Acceso N°: Y07648.2, Nucleotide 2456-4340, Hillebrand et al. Gene 170, 197 (1996)).

b) Promotores específicos de tejido

Una forma de realización emplea promotores con especificidades para las anteras, ovarios, flores, hojas, tallos, raíces y semillas.

Los promotores específicos de semillas son, por ejemplo, el promotor de faseolina (Patente de US. N ° 5.504.200; Bustos y otros Plant Cell 1 (9), 839 (1989))., Del gen de la albúmina 2S (Joseffson et al J Biol Chem 262, 12196 (1987)), de legumina, 326 (1989)), del *USP* (Shirsat et al Mol Gen Genet 215 (2.) (proteína de semilla desconocida; Bäumllein et al Mol Gen Genet 225 (3), 459 (1991)), el gen de la napina (patente de US. N ° 5.608.152; Stalberg et al L Planta 199, 515 (1996)), del gen que codifica la proteína de

unión de sacarosa (WO 00/26388) o el promotor de legumina B4 (LeB4; Bäumlein et al Mol Gen Genet 225, 121 (1991); Bäumlein et al Plant Journal 2 (2), 233 (1992); Fiedler et al Biotechnology (NY) 13 (10), 1090 (1995)), el promotor oleosina de Arabidopsis (WO 98/45461), el promotor de *Bce4* de Brassica (WO 91/13980). Los promotores específicos
 5 de la semilla más adecuados son aquellos de los genes que codifican la glutenina de alto peso molecular (HMWG), gliadina, enzima de ramificación, ADP glucosa pirofosfatasa (AGPasa) o almidón sintasa. Otros promotores preferidos son los que permiten la expresión específica de la semilla en monocotiledóneas como el maíz, cebada, trigo, centeno, arroz, etc Es posible y ventajoso emplear el promotor del gen *lpt2* o *lpt1* (WO
 10 95/15389, WO 95/23230) o los promotores descritos en el WO 99/16890 (promotores del gen hordeína, del gen de glutelina, del gen de orizina, del gen prolamina, del gen de gliadina, del gen de la zeína, de la kasirina del gen o del gen de secalina).

Los promotores específicos de tubérculo, raíz de almacenamiento o raíz, por ejemplo, el
 15 promotor de patatina de clase I (B33) o el promotor del inhibidor de la catepsina D de papa.

Los promotores específicos de hoja son, por ejemplo, el promotor de FBPasa citosólica de papa (WO 97/05900), el promotor *SSU* (subunidad pequeña) del rubisco (ribulosa-1,5-
 20 bisfosfato carboxilasa) o el promotor *ST-LSI* de la papa (Stockhaus et al. EMBO J. 8, 2445 (1989)). Los promotores específicos de la epidermis son, por ejemplo el promotor del gen *OXLP* ("proteína tipo oxalato oxidasa"; Wei et al. Plant Mol. Biol. 36, 101 (1998)) y un promotor que consiste en el promotor *GSTA1* y el intrón *WIR1a* (WO 2005/035766) y el promotor *GLP4* (WO 2006/1288832 PCT/EP 2006/062747).

Los ejemplos de otros promotores específicos de tejido son: promotores específicos de
 flor, por ejemplo el promotor de la fitoeno sintasa (WO 92/16635) o el promotor del gen *Prr* (WO 98/22593) y promotores específicos de antera, por ejemplo el promotor 5126
 (patente de US. N ° 5.689.049, 5.689.051), promotor de *glob-I* y el de [gamma]-zeína.

30 c) Promotores inducibles químicamente

Los casetes de expresión también pueden comprender un promotor químicamente
 inducible (artículo de revisión:Gatz et al Annu Rev. Plant Physiol Plant Mol Biol 48, 89
 35 (1997)) a través del cual se puede controlar la expresión del gen exógeno en la planta

puede ser controlada a una determinada punto en el tiempo. También se pueden usar los promotores de este tipo, tales como, por ejemplo, el promotor *PRP1* (Ward et al. Plant Mol Biol. 22, 361 (1993)), un promotor inducible por ácido salicílico (WO 95/19443), un promotor inducible por bencensulfonamida (EP 0 388 186), un promotor inducible por tetraciclina (Gatz et al. Plant J 2, 397 (1992)), un promotor inducible por ácido abscísico (EP 0 335 528) y un promotor inducible por etanol o ciclohexanona (WO 93/21334).

d) Promotores inducibles por estrés o patógeno

10 Muy especialmente ventajoso es el uso de promotores inducibles por patógenos que hacen posible una expresión solo cuando sea necesario (es decir, en el caso de un ataque por patógenos).

En una forma de realización, el método de acuerdo con la invención, por lo tanto utiliza
15 promotores que son activos en plantas que son promotores inducible por patógenos.

Los promotores inducibles por patógenos comprenden los promotores de los genes que se inducen como resultado de ataque de patógenos, tales como, por ejemplo, los genes de proteínas PR, proteínas SAR, [beta]-1,3-glucanasa, quitinasa, etc (por ejemplo, Redolfi
20 et al. Neth J Plant Pathol 89, 245 (1983); Uknes, et al. Plant Cell 4, 645 (1992); Van Loon Plant Mol Viral 4, 111 (1985); Marineau et al. Plant Mol Bid 9, 335 (1987); Matton et al. Molecular Plant-Microbe Interactions 2, 325 (1987); Somssich et al. Proc Natl Acad Sci USA 83, 2427 (1986); Somssich et al. Mol Gen Genetics 2, 93 (1988); Chen et al. Plant J 10, 955 (1996); Zhang and Sing Proc Natl Acad Sci USA 91, 2507 (1994); Warner, et al.
25 Plant J 3, 191 (1993); Siebertz et al. Plant Cell 1, 961 (1989))

También están comprendidas son promotores inducibles por lesión tales como la del gen *pinII* (Ryan Ann Rev Phytopath 28, 425 (1990); Duan et al Nat. Biotech 14, 494 (1996)), del gen *wun1* y *wun2* (Patente de US. N ° 5.428.148), el gen de *wun1* y *wun2*), del gen sistemina (McGurl et al. Science 225, 1570 (1992)), del gen *WIP1*(Rohmeier et al. Plant Mol Biol 22, 783 (1993); Eckelkamp et al. FEBS Letters 323, 73 (1993)), del gen *MPI* (Corderok et al. Plant J 6(2), 141 (1994)) y similares.

Una fuente de promotores de patógenos inducible adicionales es la familia de genes PR.
35 Se ha demostrado que una serie de elementos en estos promotores son ventajosos. Por

lo tanto, la región de nucleótidos del nucleótido-364 hasta el nucleótido-288 en el promotor de la PR- 2d media la especificidad salicilato (Buchel et al. (1996) Plant Mol Biol. 30, 493). La secuencia 5'- TCATCTTCTT-3 ' aparece en forma repetida en el promotor de la cebada [β]-1,3- glucanasa y en más de otros 30 genes inducidos por el

5 estrés. En el tabaco, esta región se une a una proteína nuclear cuya abundancia es aumentada por salicilato. Los promotores de PR- 1 de tabaco y Arabidopsis (EP-A 0 332 104, WO 98/03536) también son adecuados como promotores inducibles por patógenos. Los promotores preferidos, ya que son particularmente inducidos en forma específica por patógenos, son los promotores PR – 5" ácidos (APR5) de la cebada (Schweizer et al

10 Plant Physiol 114, 79 (1997).) Y trigo (Rebmann et al Plant Mol Biol, 16. 329 (1991)). Las proteínas aPR5 se acumulan dentro de aproximadamente 4 a 6 horas después del ataque de patógenos y solo muestran muy poca expresión de base (WO 99/66057). Un enfoque para la obtención de un aumento de la especificidad inducida por patógenos es la generación de promotores sintéticos a partir de combinaciones de elementos

15 receptivos a los patógenos conocidos (Rushton et al Plant Cell 14, 749 (2002); WO 00/01830, WO 99/66057) Otros promotores inducibles por patógenos de diferentes especies son conocidas por los expertos (EP-A 1 165 794; EP-A 1 062 356; EP-A 1 041 148; EP-A 1 032 684).

20 Otros promotores inducibles por patógenos comprenden el promotor Flachs *Fis1* (WO 96/34949), el promotor *Vst1* (Schubert et al. Plant Mol Biol. 34, 417 (1997)) y el promotor de sesquiterpeno ciclasa *EAS4* de tabaco (Patente de US. N ° 6.100.451).

Otros promotores preferidos son aquellos que son inducidos por el estrés biótico o

25 abiótico, tales como, por ejemplo, el promotor inducible por patógenos del gen *PRP1* (o promotor *gst1*), por ejemplo de la papa (WO 96128561; Ward et al Plant Mol Biol 22, 361 (1993)), el promotor *hsp70* o *hsp80* inducible por calor de l tomate (patente de US. N ° 5.187.267), el promotor de alfa-amilasa inducible por el enfriamiento de la papa (WO 96/12814), el promotor *PPDK* inducible por la luz o el promotor *pinII* inducible por lesión

30 (EP-A 0 375 091).

e) Promotores específicos del tejido de mesófilo

El tejido mesófilo significa el tejido de la hoja, entre las capas de la epidermis, que

35 consiste en el mesófilo de empalizada, el mesófilo esponjoso y los haces vasculares.

En una forma de realización, el método de acuerdo con la invención emplea promotores específicos de tejido mesófilo, tales como, por ejemplo, el promotor de la germina de trigo 9f-3.8 gen (GenBank Acceso N°: M63224) o el promotor *GerA* de cebada (WO 02/057412). Dichos promotores son particularmente ventajosos ya que son tanto
 5 específicos del tejido mesófilo como inducibles por patógenos. También es adecuado el promotor específico de tejido de mesófilo *CAB-2* de *Arabidopsis* (GenBank Acceso N°: X15222), y el promotor *Zea maysPPCZm1* (GenBank Acceso N°: X63869) u homólogos de los mismos. Específico del tejido mesófilo de significa que la transcripción de un gen
 10 se limita a los mínimos tejidos posibles de la planta que comprenden el tejido mesófilo como el resultado de la interacción específica de elementos cis presentes en la secuencia del promotor y los factores de transcripción que se unen a estos elementos; con preferencia, significa una transcripción que se limita al tejido mesófilo.

15 Otros promotores específicos del mesófilo son *PEPC*; Kausch, Plant Mol. Biol. 45, 1 (2001)); *OsrbcS* (Kyojuka et al., Plant Phys. 102, 991- (1993)); *OsPPDK*, acc. AC099041; *TaGF-2.8*, acc. M63223 (Schweizer, Plant J. 20, 541 (1999)); *TaFBPase*, acc. X53957; *TaWIS1*, acc. AF467542 (US 20021115849); *HvBIS1*, acc. AF467539 (US 2002/115849); *ZmMIS1*, acc. AF467514 (US 2002/115849); *HvPR1a*, acc. X74939
 20 (Bryngelsson et al., Molecular Plant-Microbe Interactions 7 (2), 267 (1994); *HvPR1b*, acc. X74940 (Bryngelsson et al., Molecular Plant-Microbe Interactions 7 (2), 267 (1994)); *HvB1,3gluc*; acc. AF479647; *HvPrx8*, acc. AJ276227 (Kristensen et al., Molecular Plant Pathology 2 (6), 311(2001)); and *HvPAL*, acc. X97313 (Wei, Plant Molecular Biology 36, 101 (1998)).

25

f) Los promotores Epidermis Específicos

“Tejido epidérmico” o epidermis significa las capas de tejido exteriores de las plantas. La epidermis pueden ser monocapa a múltiples capas; existe una expresión del gen “
 30 enriquecido” en la epidermis, tales como, por ejemplo, de *Cer3*, que puede actuar como marcador (Hannoufa, Plant J. 10 (3), 459 (1996)).

Por “epidermis”, el experto en la materia entiende con preferencia la epidermis predominante de las partes aéreas primarias de la planta, por ejemplo de los brotes, las
 35 hojas, las flores, los frutos y las semillas.

Los promotores específicos de la epidermis son, por ejemplo, *WIR5* (=GstA1), acc. X56012 (Dudler & Schweizer, no publicado); *GLP4*, acc. AJ310534 (Wei, Plant Molecular Biology 36, 101 (1998)); *GLP2a*, acc. AJ237942 (Schweizer, Plant J. 20, 541 (1999).); *Prx7*, acc. AJ003141 (Kristensen, Molecular Plant Pathology 2 (6), 311(2001)); *GerA*, acc. 5 AF250933 (Wu, Plant Phys. Biochem. 38, 685 (2000)); *OsROC1*, acc. AP004656; *RTBV*, acc. AAV62708, AAV62707 (Klöti, PMB 40, 249 (1999)) and *Cer3* (Hannoufa, Plant J. 10 (3), 459 (1996)).

g) Promotores dependientes del desarrollo

10

Los ejemplos de otros promotores adecuados son promotores específicos de la maduración de frutas tales como, por ejemplo, promotor específico de maduración de frutas de'l tomate (WO 94/21794, EP 409 625). Los promotores dependientes del desarrollo incluyen algunos de los promotores específicos de tejido, porque el desarrollo 15 de los tejidos individuales se lleva a cabo de forma natural de una forma de dependiente del desarrollo.

Los promotores constitutivos y específicos de hojas y/o tallo, inducibles por patógeno, específicos de raíz, específicos de mesófilos son particularmente preferidos, los más 20 preferidos son los promotores constitutivos, inducibles por patógenos, específicos del tejido de mesófilo y específicos de la raíz.

Una posibilidad adicional es para otros promotores que hacen posible la expresión en tejidos de las plantas más o en otros organismos, tales como, por ejemplo, la bacteria E. 25 coli para unirse operativamente a la secuencia de ácidos nucleicos para expresar. Todos los promotores descritos anteriormente son en principio adecuados como promotores de la planta.

Otros promotores que son adecuados para la expresión en plantas se describen (Rogers 30 et al Meth in Enzymol 153, 253 (1987); Schardl et al Gene 61, 1 (1987); Berger et al Proc Natl Acad Sci EE.UU. 86, 8402 (1989)).

Por otra parte, los expertos en la técnica son capaces de aislar otros promotores adecuados por medio de métodos de rutina. Por lo tanto, los expertos en la técnica 35 pueden identificar, por ejemplo, otros elementos de ácido nucleico regulatorios

específicos de la epidermis, con la ayuda de métodos habituales de biología molecular, por ejemplo con los experimentos de hibridación o con estudios de unión ADN-proteína. Aquí, una primera etapa implica, por ejemplo, el aislamiento del tejido deseado del organismo deseado del cual se aíslan las secuencias regulatorias, de donde se aísla el
5 poli (A) + ARN y se establece una biblioteca de ADNc. En una segunda etapa, los clones de la primera biblioteca cuyas correspondientes moléculas de poli(A) + ARN moléculas solo se acumulan en el tejido deseado se identifican por medio de la hibridación con la ayuda de clones de ADNc que se basan en las moléculas de poli (A) + ARN de otro tejido. Entonces, los promotores con elementos reguladores específicos de tejido se
10 aíslan con ayuda de estos ADNc así identificados. Por otra parte, los expertos en la técnica tienen otros métodos basados en la PCR disponibles para el aislamiento de promotores específicos de tejido adecuados.

Las secuencias de ácidos nucleicos presentes en los casetes o vectores de expresión de
15 la invención se pueden unir operativamente a otras secuencias de control genético, además de un promotor. El término secuencias de control genético tiene un significado amplio y significa todas las secuencias que tienen una influencia en la aparición o función de la molécula de ácido nucleico recombinante de la invención. Por ejemplo, las secuencias de control genético modifican la transcripción y la traducción en los
20 organismos procariotas o eucariotas. Los casetes de expresión de la invención comprenden con preferencia un promotor con una especificidad 5' –corriente arriba mencionada anteriormente de la secuencia de ácidos nucleicos particular que se ha de expresar transgénicamente, y una secuencia de terminación como secuencia de control genético 3' – corriente abajo adicional, y si es apropiado otros elementos reguladores
25 convencionales, en cada caso unido operativamente a la secuencia de ácido nucleico que se expresa transgénicamente.

Las secuencias de control genéticas también comprenden otros promotores, elementos
30 promotores o promotores mínimos capaces de modificar las propiedades de control de la expresión. Por tanto, esto es posible, por ejemplo a través de secuencias de control genético para producir la expresión específica de tejido en forma adicionalmente dependiente de factores de estrés particulares. Los elementos correspondientes se describen, por ejemplo, para estrés por agua, ácido abscísico (Lam E y Chua NH, J Biol Chem 1991; 266 (26): 17 131) y estrés por calor (Schoffl F et al, Molecular y Genética
35 General 217 (2-3): 246, 1989).

Es posible, en principio, usar todos los promotores naturales con sus secuencias reguladoras como las mencionadas anteriormente en el método de la invención. Además es posible usar de modo ventajoso promotores sintéticos.

5

Las secuencias de control genético comprenden además también las región no traducidas (5'-UTR), intrones o regiones no codificadoras 3' de los genes, tales como, por ejemplo, el intrón actina-1, o los intrones de *Adh1-S* 1, 2 y 6 (en general: The Maize Handbook, Chapter 116, Freeling y Walbot, Eds., Springer, New York (1994)). Se ha demostrado que estas pueden desempeñar una función significativa en la regulación de la expresión génica. Así, se ha mostrado que las secuencias 5' no traducidas son capaces de aumentar la expresión transitoria de genes heterólogos. Un ejemplo de un potenciador de la traducción que se puede mencionar es la secuencia 5' líder del virus del mosaico del tabaco (Gallie et al. Nucl Acids Res. 15, 8693 (1987)) y similares. Además pueden promover la especificidad de tejido (Rouster J et al. Plant J 15, 435 (1998)). Especialmente preferido es la 5'-UTR natural de del gen *AtYODA* o *GmYODA*, en particular, que con la secuencia de SEQ ID NO: 1, 19, 21, 23, 25, 27, o 29 o una secuencia con al menos 50 %, 60 %, 70 %, 80 %, 90 %, 95 %, 97 % o, en particular, 99 % o más de identidad con este.

20

La molécula de ácido nucleico recombinante de acuerdo con la invención puede comprender ventajosamente una o más de las llamadas secuencias potenciadoras en unión operativa con el promotor, que hacen que el aumento de expresión transgénica de la secuencia de ácidos nucleicos sea posible. Las secuencias ventajosas adicionales, tales como elementos reguladores o terminadores adicionales también se pueden insertar en el extremo 3' de las secuencias de ácido nucleico para expresar en forma recombinante. Las secuencias de ácido nucleico para expresar de manera recombinante pueden estar presentes en una o más copias del constructo génico.

30

Las señales de poliadenilación adecuadas como secuencias de control son señales de poliadenilación de plantas, con preferencia las que corresponden esencialmente a las señales de poliadenilación de T-ADN de *Agrobacterium tumefaciens*, en particular, al gen 3 del T-DNA (octopina sintasa) del plásmido Ti pTiACHS (Gielen et al. (1984) EMBO J. 3:835) o equivalentes funcionales de estos. Los ejemplos de secuencias de terminación particularmente adecuados son el terminador OCS (octopina sintasa) y el terminador

35

NOS (nopalina sintasa).

Las secuencias de control, además significan las que obtienen la recombinación homóloga o inserción en el genoma de un organismo huésped posible o permiten la
 5 eliminación del genoma. En la recombinación homóloga, por ejemplo, el promotor natural de un gen particular se puede sustituir específicamente con un promotor con especificidad para la epidermis embrionaria y/o la flor.

Una molécula de ácido nucleico recombinante y un vector derivado de ella pueden
 10 comprender elementos funcionales adicionales. El término elemento funcional tiene un significado amplio y significa todos los elementos que tienen una influencia en la producción, replicación o función de las moléculas de ácidos nucleicos, los vectores o los organismos transgénicos de la invención. Como ejemplos no limitantes que se pueden mencionar son los siguientes:

15

a) Los marcadores de selección que confieren una resistencia a un inhibidor de metabolismo tal como 2-desoxiglucosa 6-fosfato (WO 98/45456), antibióticos o biocidas, con preferencia herbicidas, por ejemplo, kanamicina, G 418, bleomicina, higromicina o fosfinotricina y similares. Los marcadores de selección especialmente preferidos son
 20 aquellos que confieren una resistencia a los herbicidas. Como ejemplos pueden citarse: las secuencias de ADN que codifican acetiltransferasas fosfinotricina (PAT), que inactivan los inhibidores de glutamina sintasa (gen *bar* y *pat*), 5-enolpiruvilshikimato-3-fosfato sintasa (genes de *EPSP* sintasa) que confieren resistencia a Glifosato (R) (N-(fosfometil) glicina), el gen *gox*, que codifica la enzima degradadora de Glifosato (R)
 25 (glifosato oxidorreductasa), el gen *deh* (que codifica una deshalogenasa que inactiva dalapon), y los genes que codifican para enzimas nitrilasa degradadoras de bromoxinilo, el gen *aasa*, que confiere una resistencia al antibiótico espectinomina, el gen de estreptomina fosfotransferasa (*SPT*), que hace posible una resistencia a la estreptomina, el gen de la neomicina fosfotransferasa (*NPTII*), que confiere una
 30 resistencia a la kanamicina o geneticidina, el gen de la higromicina fosfotransferasa (*HPT*), que media una resistencia a la higromicina, el gen de la acetolactato sintasa (*ALS*), que media la resistencia a herbicidas de sulfonilurea (por ejemplo, variantes de *ALS* mutadas con, por ejemplo, la mutación *S4* y/o *Hra*), y el gen de la acetolactato sintasa (*ALS*), que media la resistencia a herbicidas de imidazolinona.

35

- b) Los genes indicadores que codifican proteínas fácilmente cuantificables y aseguran por medio de un color o actividad enzimática intrínseca una evaluación de la eficiencia de la transformación o de la ubicación o el momento de la expresión. Muy particularmente se prefieren en este contexto, a las proteínas indicadoras (Schenborn E. y Groskretz D. Mol Biotechnol. 1999; 13(1):29), tal como proteína verde fluorescente (GFP) (Sheen et al (1995) Plant Journal. 8 (5): 777; Haselhoff et al (1997) Proc Natl Acad Sci EE.UU. 94 (6):. 2122; Reichel et al (1996) Proc Natl Acad Sci EE.UU. 93 (12):.. 5888; Tian et al. (1997) Plant Cell Rep 16:267; WO 97/41228; Chui et al. (1996) Curr Biol 6:325; Leffel et al. (1997) Biotechniques. 23(5):912-8), la cloramfenicoltransferasa, una luciferasa Ow et al. (1986) Science 234:856; Millar et al. (1992) Plant Mol Biol Rep 10:324), el gen de aecurina (Prasher et al (1985) Biochem Biophys Res Commun 126(3):1259), la [beta]-galactosidasa, gen de locus R (codifica una proteína que regula la producción de pigmentos de antocianina (coloración roja) en tejidos de la planta y por lo tanto hace posible el análisis directo de la actividad del promotor sin la adición de adyuvantes adicionales o sustratos cromogénicos; Dellaporta et al., En: Chromosome Structure y Función: Impact of New Concepts, 18th Stadler Genetics Symposium, 11:263, (1988), se prefiere muy especialmente [beta]-glucuronidasa (Jefferson et al, EMBO J. 1987, 6, 3901)
- c) Los orígenes de replicación que aseguran la replicación de los casetes o vectores de expresión de la invención en, por ejemplo, E. coli. Los ejemplos que se pueden mencionar son *ORI* (origen de la replicación del ADN), el ori *pBR322* o el ori *P15A* (Sambrook et al: Molecular Cloning A Laboratory Manual, 2^a ed Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, Nueva York, 1989).
- d) Elementos que son necesarios para la transformación de plantas mediada por *Agrobacterium*, tales como, por ejemplo, el límite derecho o izquierdo de la región de T-ADN o *vir*.

Para seleccionar las células transformadas con éxito, en general se requiere, introducir adicionalmente un marcador de selección que confiere a las células transformadas con éxito una resistencia a un biocida (por ejemplo un herbicida), un inhibidor de metabolismo tal como 2-desoxiglucosa 6-fosfato (WO 98/45456) o un antibiótico. El marcador de selección permite la selección de las células transformadas de las células no transformadas (McCormick et al. (1969) Plant Cell Reports 5:81).

La presente invención también se refiere a células de plantas transgénicas y a planta transgénicas que comprenden una secuencia de ácidos nucleicos de acuerdo con la invención o una molécula de ácido nucleico recombinante de acuerdo con la invención, y a partes de las plantas, cultivos transgénicos y material de propagación transgénico de estas plantas, tales como protoplastos, células de plantas, callos, semillas, tubérculos, esquejes, y a la progenie transgénica de esta planta.

La invención también se refiere a plantas que, como resultado de los procesos naturales o inducción artificial, comprenden una o más mutaciones en una molécula de ácido nucleico que comprende la secuencia de ácidos nucleicos como se muestra en la SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 70 o 71, donde dicha mutación causa un aumento de la actividad, función o cantidad de polipéptido de uno de los polipéptidos codificados por las moléculas de ácido nucleico como se muestra en la SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 70 o 71. Por ejemplo una mutación generada e identificada por TILLING.

Se prefieren en este contexto son plantas dicotiledóneas, en particular, los que pertenecen a las familias Solanaceae y Cucurbitaceae, muy especialmente las plantas preferidas se seleccionan de los géneros de plantas *Cibachoa*, *Capsicum*, *Nicotiana*, *Nierembergia*, *Petunia*, *Solanum*, *Cucurbita*, *Cucumis*, y *Citrullus* y especialmente las plantas preferidas se seleccionan entre los géneros *Glycine*, con preferencia, *Glycine max* (Soja), *Calibrachoa x hybrida*, *Capsicum annuum* (pimiento), *Nicotiana tabacum* (tabaco), *Nierenbergia scoparia* (flor trompeta), *Petunia x hybrida*, *Solanumlycopersicum* (tomate), *Solanumtuberosum* (papa), *Solanummelongena* (berenjena), *Cucurbitamaxima* (calabaza), *Cucurbita pepo* (zapallo, zucchini), *Cucumis metuliferus* (melón africano) *Cucumis melo* (melón almizcleño), *Cucumis sativus* (pepino) y *Citrullus lanatus* (sandía).

También se prefieren en este contexto las plantas monocotiledóneas, en particular las que pertenecen a la familia Poaceae, muy especialmente se prefieren las plantas seleccionadas de los géneros de planta *Hordeum*, *Avena*, *Secale*, *Triticum*, *Sorgo*, *Zea*, *Saccharum* y *Oryza*, muy especialmente se prefieren las plantas seleccionadas entre los géneros *Hordeum vulgare* (cebada), *Triticum aestivum* (trigo), *Triticum aestivum* subsp. *spelta* (espelta), *Triticale*, *Avena sativa* (avenas), *Secale cereale* (centeno), *Sorgo bicolor* (sorgo), *Zea mays* (maíz), *Saccharum officinarum* (caña de azúcar) y *Oryza sativa* (arroz).

Como consecuencia, una forma de realización de la invención se refiere a una planta, que comprende una secuencia de ácidos nucleicos de acuerdo con la invención comprende una mutación que causa, en la plantas o partes de estas, un aumento de la actividad de una de las proteínas codificadas por las moléculas de ácido nucleico de la invención. Por ejemplo, la mutación se refiere a uno o más residuos de aminoácidos que se identifican en la secuencia de consenso en las figuras como conservados o altamente conservados.

- 10 En consecuencia, una forma de realización preferida es una planta transgénica, parte de planta transgénica, o célula de planta transgénica que sobreexpresa una proteína de YODA exógena. Con preferencia, la proteína de YODA sobre expresada en la planta, parte de planta o célula de planta está codificada por y
- (i) un ácido nucleico exógeno que tiene al menos 50% de identidad con SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 70 o 71, o una variante de empalme de este; o por
- 15 (ii) un ácido nucleico exógeno que codifica una proteína que tiene al menos 50% de identidad con SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 69 o 72, con preferencia la proteína codificada confiere aumento de resistencia fúngica con respecto a las plantas control;
- 20 (iii) un ácido nucleico exógeno capaz de hibridarse en condiciones rigurosas con una secuencia complementaria de cualquiera de los ácidos nucleicos de acuerdo con (i) o (ii); con preferencia que codifican una proteína de YODA; con preferencia donde la molécula de ácido nucleico codifica un polipéptido que tiene propiedades esencialmente idénticas al polipéptido descrito en las SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 69 o 72; con preferencia la proteína codificada confiere aumento de resistencia fúngica con respecto a las plantas control; y/o por
- 25 (iv) un ácido nucleico exógeno que codifica la misma proteína de YODA que cualquiera de los ácidos nucleicos de (i) a (iii) anterior, pero que difiere de los ácidos nucleicos de (i) a (iii) anteriores debido a la degeneración del código genético.
- 30

En una forma de realización preferida, la invención también se refiere a las plantas transgénicas transformadas con al menos

- a) una secuencia de ácidos nucleicos que comprende las moléculas de ácido nucleico como se muestra en la SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31,
- 35

33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 70 o 71; las secuencias de ácidos nucleicos que son complementarias a estas, o las moléculas de ácido nucleico que codifican los polipéptidos como se muestra en la SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 69 o 72;

- 5 b) un casete de expresión transgénico que comprende una de las secuencias de ácidos nucleicos de acuerdo con la invención, o a vector de acuerdo con la invención, y células, cultivos celulares, tejidos, partes tales como por ejemplo, hojas, raíces y similares o material de propagación en el caso de organismos de planta derivados de estos organismos.

10

En una forma de realización, la planta de acuerdo con la invención, o la planta usada de acuerdo con la invención, es diferente de *Arabidopsis thaliana*.

Los organismos huésped u organismos iniciales que son preferidos como "organismos transgénicos" son especialmente las plantas que se definieron anteriormente. En una forma de realización, el organismo transgénico es una planta madura, semillas, brotes y plántulas, y partes, material de propagación y los cultivos derivados de la misma, por ejemplo culturas celulares. "Planta madura", significa plantas en cualquier etapa de desarrollo más allá de la etapa de plántula. "Plántula" significa una planta inmadura joven en una etapa temprana de desarrollo. Las plantas que son particularmente preferidas como organismos huésped son plantas en las que se puede aplicar el método de acuerdo con la invención para la obtención de una resistencia a los patógenos de acuerdo con los criterios mencionados anteriormente. En una forma de realización, la planta es una planta dicotiledónea, tal como, por ejemplo, de soja, calabacón, pimientos, tabaco, flor trompeta, petunia, tomate, papa, berenjena, calabaza, zapallo, zucchini, melón, pepino o sandía, en particular seleccionado entre los los géneros *Calibrachoa x hybrida*, *Calibrachoa x hybrida*, *Capsicum annuum* (pimiento), *Nicotiana tabacum* (tabaco), *Nierenbergia scoparia* (flor trompeta), *Petunia x hybrida*, *Solanumlycopersicum* (tomate), *Solanumtuberosum* (papa), *Solanummelongena* (berenjena), *Cucurbitamaxima* (calabaza), *Cucurbita pepo* (zapallo, zucchini), *Cucumis metuliferus* (melón africano) *Cucumis melo* (melón almizcleño), *Cucumis sativus* (pepino) y *Citrullus lanatus* (sandía). En otra forma de realización, la planta es una planta monocotiledónea tal como, por ejemplo, trigo, avenas, sorgo/mijo, cebada, centeno, maíz, arroz, trigo sarraceno, sorgo, tritical, espelta o caña de azúcar, en particular seleccionando entre los géneros *Hordeum vulgare* (cebada), *Triticum aestivum* (trigo), *Triticuma estivum* subsp *spelta* (espelta),

15

20

25

30

35

Triticale, *Avena sativa* (avenas), *Secale cereale* (centeno), *Sorgo bicolor* (sorgo), *Zeamays* (maíz), *Saccharum officinarum* (caña de azúcar) y *Oryza sativa* (arroz).

5 Los organismos transgénicos se pueden generar con los métodos descritos anteriormente para la transformación o transfección de organismos.

10 La invención también se refiere al uso de los organismo transgénicos de acuerdo con la invención y de las células, cultivos celulares, partes tales como, por ejemplo, raíces, hojas y similares en el caso de los organismo de plantas transgénicas, y material de propagación transgénica tales como semillas o frutas para la preparación de materias primas, materia of foodstuffs o alimentos para animales, productos farmacéuticos o productos químicos finos.

15 Las partes cosechables de las plantas transgénicas de acuerdo con la presente invención son parte de la invención. Con preferencia, las partes cosechables comprenden el ácido nucleico de YODA o proteína de YODA. Las partes cosechables pueden ser semillas, raíces, hojas y/o flores que comprenden el ácido nucleico de YODA o proteína de YODA o partes de estos. Las partes preferidas de las plantas de soja son porotos de soja que comprenden el ácido nucleico de YODA o proteína de YODA.

20

Los productos derivados de una planta transgénica de acuerdo con la presente invención, partes de esta o partes cosechables de estas son parte de la invención. Un producto preferido es harina o aceite, con preferencia, harina de soja o aceite de soja. Con preferencia, la harina de soja y/o oil comprende el ácido nucleico de YODA o proteína de YODA.

25

En una forma de realización el método para la producción de un producto comprende

- a) cultivar las plantas de la invención o se puede obtener por los métodos de la invención y
- 30 b) producir dicho producto de o por las plantas de la invención y/o partes, por ejemplo, semillas, de estas plantas.

En una forma de realización adicional el método comprende las etapas a) cultivar las plantas de la invención, b) eliminar las partes cosechables definidas anteriormente de las

35 plantas y c) producir dicho producto de o por las partes cosechables de la invención

El producto se pueden producir en el sitio en donde la planta ha crecido, las plantas y/o partes de estas se pueden retirar del sitio en donde han crecido las plantas para producir el producto. Normalmente, la planta se cultiva, se retiran las partes cosechables
5 deseadas de la planta, si es factible en ciclos repetidos, y el producto se obtiene de las partes cosechables de la planta. La etapa de cultivo de la planta se puede realizar solo una vez cada vez se realizan los métodos de la invención, mientras que se permite repetir las etapas de producción del producto, por ejemplo, por la eliminación repetida de las partes cosechables de las plantas de la invención y si es necesario el posterior
10 procesamiento de estas partes para llegar al producto. También es posible repetir la etapa de cultivo de las plantas de la invención y las plantas o partes cosechables se almacenan hasta que la producción del producto luego se lleva a cabo una vez para las plantas o partes de plantas acumuladas. Asimismo, las etapas de cultivo de las plantas y producción del producto se pueden realizar con una superposición en el tiempo, incluso
15 en forma simultánea en gran medida o en forma secuencial. En general las plantas se cultivan durante algún tiempo antes de producir el producto.

En una forma de realización, los productos producidos por dichos métodos de la invención son productos vegetales tales como, pero sin limitación, un producto
20 alimenticio, alimento para animales, un suplemento alimenticio, suplemento alimenticio para animales, fibra, producto cosmético y/o farmacéutico. Los productos alimenticios se consideran como composiciones utilizadas para la nutrición y/o para complementar la nutrición. Los alimentos para animales y los suplementos de alimentación animal, en particular, se consideran como productos alimenticios.

25 En otra forma realización, los métodos de la invención para la producción se utilizan para preparar productos agrícolas tales como, pero sin limitación, extractos de plantas, proteínas, aminoácidos, hidratos de carbono, grasas, aceites, polímeros, vitaminas, y similares.

30 Es posible que un producto vegetal consista en uno o más productos agrícolas en gran medida.

La plantas transgénicas de la invención se pueden cruzar con plantas transgénicas
35 similares o con plantas transgénicas que carecen de los ácidos nucleicos de la invención

o con plantas no transgénicas, usando métodos conocidos de mejoramiento genético, para preparar semillas. Además, las células de plantas o plantas transgénicas de la presente invención pueden comprender, y/o cruzarse con otra planta transgénica que comprende uno o más ácidos nucleicos exógenos, de este modo se crea un “apilamiento”
 5 de transgenes en la planta y/o su progenie. La semilla luego se planta para obtener una planta transgénica fértil cruzada que comprende el ácido nucleico de YODA. La planta transgénica fértil cruzada puede tener el casete de expresión particular heredado a través de un progenitor femenino o a través de un progenitor masculino. La segunda planta puede ser una planta endogámica. La planta transgénica fértil cruzada puede ser un
 10 híbrido. También se incluyen dentro de la presente invención las semillas de alguna de estas plantas transgénicas fértiles cruzadas. Las semillas de esta invención se pueden cosechar de plantas transgénicas fértiles y usar para cultivar generaciones de progenie de plantas transformadas de esta invención que incluyen líneas de plantas híbridas que comprenden el ácido nucleico exógeno.

15

En consecuencia, una forma de realización de la presente invención es un método de reproducción de una planta resistente a hongos que comprende las etapas de

(a) cruzar una planta transgénica descrita en la presente o una planta obtenible por el método descrito en la presente con una segunda planta;

20 (b) obtener una semilla o semillas resultantes de la etapa de cruzamiento descrita en (a);

(c) plantar dicha semilla o semillas y cultivar la semilla o semillas a las plantas; y

(d) seleccionar de dichas semillas las plantas que expresan una proteína de YODA, con preferencia codificada por

25 (i) un ácido nucleico exógeno que tiene al menos 60% de identidad con las SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 70 o 71, o una variante de empalme de este;

(ii) un ácido nucleico exógeno que codifica una proteína que tiene al menos 60% de identidad con las SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34,
 30 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 69 o 72; con preferencia la proteína codificada confiere aumento de resistencia fúngica con respecto a las plantas control;

(iii) un ácido nucleico exógeno capaz de hibridar en condiciones rigurosas con una secuencia complementaria de alguno de los ácidos nucleicos de acuerdo con (i) o (ii); con preferencia que codifican una proteína de YODA; con preferencia donde la molécula de
 35 ácido nucleico codifica un polipéptido que tiene propiedades esencialmente idénticas al

polipéptido descrito en las SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 69 o 72; con preferencia la proteína codificada confiere aumento de resistencia fúngica con respecto a las plantas control; y/o por

- 5 (iv) un ácido nucleico exógeno que codifica la misma proteína de YODA que alguno de los ácidos nucleicos de (i) a (iii) anteriores, pero que difiere de los ácidos nucleicos de (i) a (iii) anteriores debido a la degeneración del código genético.

Otra forma de realización preferida es un método para la mejora de plantas que comprende

- 10 (a) obtener una planta transgénica por cualquiera de los métodos de la presente invención;
- (b) combinar dentro de una célula de planta el material genético de al menos una célula de planta de la planta de (a) con el material genético de al menos una célula que difiere en uno o más genes de las células de plantas de las plantas de (a) o cruzamiento
- 15 de las plantas transgénica de (a) con una segunda planta;
- (c) obtener semillas a partir de al menos una planta generada a partir de la célula de una planta de (b) o de la planta de la cruce de la etapa (b);
- (d) plantar dichas semillas y cultivar las semillas a las plantas, y
- (e) seleccionar de dichas plantas, las plantas que expresan el ácido nucleico que codifica
- 20 la proteína de YODA, y opcionalmente
- (f) producir el material de propagación de las plantas que expresan el ácido nucleico que codifica la proteína de YODA.

Las plantas transgénicas se pueden seleccionar por métodos conocidos como se describe anteriormente (por ejemplo, mediante la detección de la presencia de uno o más marcadores que son codificados por genes expresables en plantas cotransferidos con el gen *YODA* o la detección del ácido nucleico *YODA* mismo).

De acuerdo con la invención, la expresión de un gen estructural obviamente, también se puede efectuar, o influenciar, independientemente de la forma de realización del método de acuerdo con la invención o el uso del tema de acuerdo con la invención.

Los ejemplos que siguen son formas de realización de la invención, y no están destinados a limitar el alcance de la invención contenido en el resto de la descripción, las

35 figuras y las reivindicaciones.

Secuencias:

- SEQ ID NO: 1 y 2: *AtYODA1* NM_105047,2 (AT1G63700)
- 5 SEQ ID NO: 3 y 4 *VvYODA1* (XP003631415,1) (LOC100263296)
 SEQ ID NO: 5 y 6 *VvYODA2* (XP003634098,1) (LOC100242348)
 SEQ ID NO: 7 y 8 *VvYODA3* (CAN65619,1)
 SEQ ID NO: 9 y 10 *PtYODA1* (XP002304501,1)
 SEQ ID NO: 11 y 12 *PtYODA2* (XP002322482,1)
- 10 SEQ ID NO: 13 y 14 *PtYODA3* (XP002318210,1)
 SEQ ID NO: 15 y 16 *OsYODA1* (NP001053542,1) (Os04g0559800)
 SEQ ID NO: 17 y 18 *OsYODA2* (NP001047673,1) (Os02g0666300)
 SEQ ID NO: 19 y 20 *GmYODA1* (XP003548172,1) (LOC100792783)
 SEQ ID NO: 21 y 22 *GmYODA2* (XP003533990,1) (LOC100819762)
- 15 SEQ ID NO: 23 y 24 *GmYODA3* (XP003556116,1)
 SEQ ID NO: 25 y 26 *GmYODA4* (XP003536457,1)
 SEQ ID NO: 27 y 28 *GmYODA5* (XP003538696,1)
 SEQ ID NO: 29 y 30 *GmYODA6* (XP003532415,1)
 SEQ ID NO: 31 y 32 *CmYODA1* (ADN34290,1)
- 20 SEQ ID NO: 33 y 34 *SIYODA1* (Solyc08g081210,1,1)
 SEQ ID NO: 35 y 36 *SIYODA2* (Solyc03g025360,1,1)
 SEQ ID NO: 37 y 38 *SIYODA3* (Solyc06g036080,1,1)
 SEQ ID NO: 39 y 40 *SbYODA1* (XP002448319,1)
 SEQ ID NO: 41 y 42 *SbYODA2* (XP002452783,1)
- 25 SEQ ID NO: 43 y 44 *ZmYODA1* (CAW45396,1)
 SEQ ID NO: 45 y 46 *TaYODA1* (AK335442,1)
 SEQ ID NO: 47 y 48 *HvYODA1* (BAJ98424,1)
 SEQ ID NO: 49 a 54: cebadores
 SEQ ID NO: 55 a 68: marcadores
- 30 SEQ ID NO: 69: secuencia de consenso del polipéptido SEQ ID No. de 2 a 48.
 SEQ ID NO: 70: 5'UTR en combinación con la secuencia de *AtYODA*
 SEQ ID NO: 71 y 72: mutante *CA:YODA*
 SEQ ID NO: 73: dominio quinasa of *AtYODA1*

BREVE DESCRIPCIÓN DE LAS FIGURAS

Figura 1. Alineamiento y secuencia de consenso de las secuencias polipeptídicas de YODA (denominada también en la presente como YDA) de *Arabidopsis thaliana*, grapevine, *Populus trichocarpa*, arroz, soja, melón, tomate, sorgo, maíz, trigo y cebada, la supresión CA:YDA se indica con flechas blancas. El dominio quinasa está incluido en un recuadro. La prolina (P) en el alelo mutado *yda10* mostrado como una flecha negra. ! es cualquiera de IV, \$ es cualquier persona de LM, % es cualquiera de FY y # es cualquiera de NDQEBZ.

10

Figura 2. Árbol filogenético de ortólogos de YODA putativos. Relación evolutiva inferida mediante el uso del método de agrupamiento de vecinos (ver materiales y métodos), basado en la secuencia de la proteína de longitud completa de la proteína

De *Arabidopsis thaliana* AtYODA1 proteína (At1g63700) y ortólogos putativos de *Solanum lycopersicum* SIYODA1 (Solyc08g081210,1,1), SIYODA2 (Solyc03g025360,1,1), SIYODA3 (Solyc06g036080,1,1), *Vitis vinifera* VvYODA1 (XP003631415,1), VvYODA2 (XP003634098,1), VvYODA3 (CAN65619,1), *Populus trichocarpa* PtYODA1 (XP002304501,1), PtYODA2 (XP002322482,1), PtYODA3 (XP002318210,1), *Oryza sativa Japonica* OsYODA1 (NP001053542,1), OsYODA2 (NP001047673,1), *Glycine max* GmYODA1 (XP003548172,1), GmYODA2 (XP003533990,1), GmYODA3 (XP003556116,1), GmYODA4 (XP003536457,1), GmYODA5 (XP003538696,1), GmYODA6 (XP003532415,1), *Cucumis melo* subsp. *melo* CmYODA1 (ADN34290,1), *Sorgo bicolor* SbYODA1 (XP002448319,1), *Sorgo bicolor* SbYODA2 (XP002452783,1), *Zea mays* ZmYODA1 (CAW45396,1), *Triticum aestivum* TaYODA1 (AK335442,1), y *Hordeum vulgare* subsp. *vulgare* HvYODA1 (BAJ98424,1). El árbol también incluyó los seis miembros del clado A2 de proteínas MAPKKK en *Arabidopsis* (At1g53570 y At5g66850), en *Zea mays* ZmMAP3Ka (NP001130629), in *Glycine max* GmMAP3Ka (XP003531452,1), en *Brassica napus* BnMAP3Ka (CAA08995,1), en *Solanum lycopersicum* SIMAP3Ka (NP001234485,1), y en *Gossypium hirsutum* GhMAP3Ka (ADI52619,1) al que pertenece YODA1 (Peterson et al., 2010). Las secuencias se obtuvieron a partir de las bases de datos NCBI y Solgenomics. El árbol se dibuja en escala, con longitudes de rama en las mismas unidades que los de las distancias evolutivas utilizadas para inferir el árbol filogenético. Las distancias evolutivas se calcularon utilizando el método de corrección de Poisson y están en las unidades de la serie de sustituciones de aminoácidos por sitio. El análisis incluyó 15 secuencias de

35

aminoácidos. Todas las posiciones que contienen brechas y datos faltantes fueron eliminadas. Los análisis evolutivos se realizaron en MEGA5 (Tamura et al., 2011) MEGA5 (Tamura et al., 2011).

5 Figura 3. *YODA* regula la resistencia de *Arabidopsis* al hongo necrotrófico *Plectosphaerella cucumerina*. (A) Estructura del gen *YODA*. Los recuadros corresponden a los exones, y las brechas a los intrones. Se indican los dominios regulatorios N – terminal, quinasa y C –terminal de *YODA*. Se indican los aminoácidos mutados en los alelos *YODA10* y *YODA1*, o suprimidos en el dominio N de las plantas *CA- Yoda*, que
10 muestra una activación constitutiva de *YODA* (Bergamann et al., 2004). (B) La resistencia de las mutantes *YODA10* y *YODA10/+YODA1/+* y de las plantas de *CA- Yoda* a *P. cucumerina BMM (PcBMM)*. Determinación, por PCR cuantitativa en tiempo real (QRT-PCR), de ADN fúngico (*Pcβ-TUBULIN*) en las plantas inoculadas a los 5 días después de la inoculación (dpi) con una suspensión de esporas (4×10^6 esporas/ml) de *PcBMM*. Los
15 valores (\pm error estándar, SE) se normalizaron a *UBIQUITIN21* de *Arabidopsis* y se representan como el promedio de la expresión aumentada n-veces-en comparación con las plantas de tipo salvaje correspondientes (*Col-0* y *La-0*, respectivamente). Las mutantes hipersusceptibles y resistentes, *agb1-1* y *irx1-6*, respectivamente, se incluyeron para la comparación. (C) Calificación promedio de la enfermedad ($DR \pm SE$) de los
20 genotipos indicados en 8 dpi. DR varía entre 0 (sin síntomas) y 5 (planta muerta). Las letras indican valores estadísticamente diferentes de los de las plantas de tipo salvaje (ANOVA $p < 0,05$, prueba de Bonferroni). (D) Síntomas de la enfermedad de los genotipos indicados en 8 dpi. Los datos provienen de una de tres experimentos independientes realizados, que dieron resultados similares.

25

Figura 4. Mapeo de la mutación *elk2/YODA10*. (A) La mutación *elk2/YODA10* se asigna a la parte inferior del cromosoma 1 entre los marcadores *nga128* (BAC F7A10) y *SNP10490* (BAC T27F4). El mapeo fino utilizando marcadores adicionales delimita la mutación *elk2* entre los marcadores *Cer473845* y *Cer450793* (1 y 1 recombinaciones en
30 576 eventos meióticos). La secuenciación aleatoria permitió la identificación de nuevos SNPs (polimorfismos de nucleótido único) entre los ecotipos *Col- 0* y *Ws- 2* que se utilizaron para el desarrollo de marcadores SNPs adicionales, que permitieron mapear la mutación entre los marcadores *F16M19-1* y *F12P18-1* (en *F18M19* y *P12P18* BACS, respectivamente). El número de plantas heterocigóticas encontradas para cada marcador
35 genético del BAC indicado se detalla entre corchetes. (B) Alineamiento del dominio

quinasa de la proteína de Arabidopsis de ortólogos de YODA y YODA. Se muestra el residuo de prolina (P) mutado en el alelo *YODA10*, que está altamente conservado en todos los ortólogos de YODA. El alineamiento de parte del dominio regulatorio N-terminal del clado YODA de MAP3K.

5

Figura 5. Fenotipos macroscópicas de Líneas CA:YODA en bases Col- 0, La- 0 y er-1 (A) Se muestran las roseta de plantas de 4 semanas, inflorescencia de flores, plantas de 6 semanas y silicuas unidas a los pedúnculos de las plantas de tipo salvaje (Col- 0 y La- 0), mutantes *YODA10* y *er-1* y plantas CA: YODA (en Col- 0, La- 0 y er). Las plantas se cultivaron durante 3 semanas en condiciones de días cortos (14 horas de oscuridad/10 horas luz) y después se transfirieron a condiciones de días largos (8 horas de oscuridad/16 horas de luz) 3 semanas. (B) Calificación promedio de la enfermedad (DR \pm SE) de los genotipos indicados en 8 dpi. DR varía entre 0 (sin síntomas) y 5 (planta muerta). Las letras indican valores estadísticamente diferentes de los de las plantas de tipo salvaje (ANOVA $p < 0,05$, prueba de Bonferroni). Los datos provienen de uno de tres experimentos independientes realizado, que dieron resultados similares. Resistencia de las plantas CA-YODA (en base Col-0) a *P. cucumerina BMM (PcBMM)*. Determinación, por PCR cuantitativa en tiempo real (QRT- PCR), de ADN fúngico (*Pc β -tubulina*) en las plantas inoculadas a los 5 días después de la inoculación (dpi) con una suspensión de esporas (4×10^6 esporas/ml) de *PcBMM*. Los valores (\pm error estándar, SE) se normalizaron a UBIQUITIN21 de Arabidopsis y se representan como el promedio de la expresión aumentada n-veces-en comparación con las plantas de tipo salvaje correspondientes (Col-0). Las mutantes hipersusceptibles y resistentes, *agb1-1* y *irx1-6*, respectivamente, se incluyeron para la comparación.

25

Figura 6. La activación constitutiva de YODA (CA- YODA) confiere un amplio espectro de resistencia a patógenos biotróficos. (A) Resistencia de plantas CA:YODA hongo del oidio. Fotos representativas que muestran fenotipos de infección macroscópica de las plantas de tipo salvaje (WT, Col-0 y La- 0), mutante *YODA10* (en base Col-0), y plantas CA:YODA, *er-1* y CA:YODA *er-1* (en base La-O) después de la inoculación con el agente causal de oidio *G. orontii*. Las imágenes fueron tomadas a 11 dpi. (B) Tinción con azul de tripano de hojas inoculadas con *G. orontii* a las 24 horas después de la inoculación. (C) Resistencia de las plantas CA-YODA a oomiceto *Hyaloperonospora arabidopsidis*. Las plantas de dos semanas se infectaron con *H. arabidopsidis* cepa *cala2*, y se realizó el recuento de hojas inoculadas y conidiosporas a 7 dpi. (D) Las hojas inoculadas se tiñeron

35

con azul de tripano a los 7 dpi y se examinaron bajo un microscopio óptico. HR, respuesta hipersensible; h, hifas, TN, necrosis traseras. Bar = 0,5 mm.) Acceso Col-0 que contiene el gen *RPP2* que confiere resistencia a *cala2*, y el gen *eds1-2* – para mutantes deficientes en el gen se incluyeron como controles. Se muestran los errores estándar de los valores promedio. Las clases significativamente diferentes se indican con letras minúsculas (ANOVA de una vía, pruebas post- hoc de Bonferroni, $p < 0.05$ cada uno). Estos ensayos se realizaron al menos tres veces y dieron resultados similares. (E) Plantas de tipo salvaje (Col- 0 y La- 0), *YODA10*, *er-1* y la correspondiente línea CA:*YODA* (en las bases La- 0 y *er-1*) se inocularon por pulverización con una suspensión de *Pseudomonas syringae* pv. *tomato* DC3000 ($OD_{\lambda 600} = 0,2$ $DA_{600} = 0,2$ en $MgCl_2$ 10 mM, Silwet 0035 %). Las mutantes *cpr5-1* y *agb1-2* resistentes y sensibles, respectivamente (en base Col-0) se incluyeron para la comparación. El crecimiento del patógeno bacteriano se evaluó en 2 dpi. (barras blancas) y 4dpi (barras negras). Se muestran las medias y los errores estándar ($n = 10$ plantas por tratamiento). Las letras indican valores estadísticamente diferentes de los de las plantas de tipo salvaje (ANOVA $p < 0,05$, prueba de Bonferroni).

Figura 7. La activación constitutiva de *YODA* (CA:*YODA*) no tiene ningún efecto perjudicial sobre la aptitud. Con el fin de determinar el análisis de la biomasa vegetal, las plantas se cultivaron durante 3 semanas, bajo condiciones de de día largo (16 horas de luz, 8 horas de oscuridad, 21 ° C de día, 20 ° C de noche, 65 % de humedad), o en de día corto (10 horas de luz, 14 horas de oscuridad, 21 ° C de día y 20 ° C de noche, 65 % de humedad). Se obtuvo el peso fresco de las rosetas individuales, La- 0 ($n = 25$) y CA:*YODA* ($n = 30$). Las barras representan los valores promedio \pm SD. Se registró el rendimiento de las semillas de las plantas completamente adultas que se cultivaron durante 3 semanas bajo condiciones de día corto y luego se transfirieron durante 3 semanas adicionales a las condiciones de día largo. Las semillas se cosecharon 4 semanas más tarde a partir de plantas individuales ($n = 20$). Las barras representan los valores promedio \pm SD.

30

Figura 8. Respuesta de defensa de las líneas de Arabidopsis transgénicas que sobreexpresan *YDA1* bajo el control del promotor CaMV 35S para el hongo necrotrófico *Plectosphaerella cucumerina* PcBMM.

(A) Fenotipo del desarrollo de plantas transgénicas de Arabidopsis de 6 semanas que sobreexpresan genes *YDA1* bajo el promotor 35S.

35

(B) Calificación de las enfermedades (DR) (promedio \pm SE) 11 días después de la inoculación de las plantas con 4×10^6 esporas/ml de *PcBMM*. DR varía entre 0 (sin síntomas) y 5 (planta muerta). Las mutantes *AGB1-2* y *ern1/irx1-6* mutantes (en base Col-0), que son hipersusceptibles y resistentes a *PcBMM*, respectivamente, se incluyeron para comparación.

(C) Cuantificación de biomasa de *PcBMM* en los genotipos indicados 3 días después de la inoculación. Los cebadores específicos de genes *PcBMM* β -*tubulina* y *Arabidopsis UBIQUITIN21* se utilizaron para qRT-PCR. Los valores se representan como veces de aumento de la expresión en comparación con las plantas de tipo salvaje. Las barras de error indican SE (n = 2).

(D) Perfil de transcripción de perfiles de gen *YDA1* en los genotipos detalladas. La expresión génica se normalizó a los niveles de *AtUBQ21*. Las barras de error indican SE (n = 2).

Las letras indican que los datos son significativamente diferentes de las plantas de tipo salvaje (ANOVA 0,05; test de Bonferroni).

EJEMPLOS DE LA INVENCION

20 Métodos generales

Material biológico y condiciones de cultivo

Plantas de *Arabidopsis thaliana* se cultivaron en suelo esterilizado como se ha descrito previamente (Hernández- Blanco et al., Plant Cell 19: 890-903 (2007). Se usaron las siguientes líneas en base Col-0: *elk2/YODA10* (Lease et al., Plant Cell 13: 2631-41 (2001)), *er-105* (Torii et al., Plant Cell 8: 735-46 (1996)), *mpk3-1* (Lee and Ellis., J. Biol. Chem. 282:25020-9 (2007)), *cerk1-2* (Miya et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 104: 19613-8 (2007)), *fls2* (Zipfel et al., Nature 428: 764-7 (2004)), líneas que sobreexpresan *ap2c1* y AP2C1 #640.1 y #640.2 (OE:AP2C1; Schweighofer et al., Plant Cell 19: 2213-24 (2007)), *coi1-1* (Feys et al., Plant Cell 6:751-59 (1994)), *ein2* (Guzmán and Ecker, Plant Cell 2: 513-23 (1990)), *sid2-1* (Nawrath and Métraux, Plant Cell 11: 1393-404 (1999)), *agb1-1* (Lease et al., Plant Cell 13: 2631-41 (2001)), *agb1-2* (Ullah et al., Plant Cell 15: 393-409 (2003)), *irx1-6* (Hernández-Blanco et al., Plant Cell 19: 890-903 (2007)), *mlo2-6-12* (Consonni et al., Plant Physiol. 152: 1544-61 (2010)), *eds1-2* (García et al., PLoS

Pathog. 6: e1000970 (2010)) and *cpr5* (Bowling et al., Plant Cell 9: 1573-84 (1997)). Las plantas *yoda1* y *CA:YODA* usadas en algunos experimentos tenían base La-0. (Lukowitz et al., Cell 116: 109-19 (2004)). Las líneas mutantes dobles se generaron por la cruce del alelo *yoda10/elk2* con las mutantes *yoda1*, *ER-105*, *MPK3*, *cerk1-2*, *FLS2*, *ap2c1*, *coi1-1*,
 5 *ein2*, *SID2-1* y *AGB1-1* y la selección de combinaciones homocigóticas en la progenie F₂ mediante amplificaciones por PCR específicas del alelo para la genotipificación. Las plantas *CA:YODA* en base Col-0 se obtuvieron mediante la cruce de *CA:YODA* en base La-0 con plantas Col-0 y *yoda10* seguido de cuatro retrocruzas con estos genotipos. La genotipificación de la mutación *yoda10* en todos los dobles mutantes se confirmó
 10 mediante amplificación por PCR seguida por digestión con XbaI, y la mutación *yoda1* se confirmó mediante amplificación por PCR y digestión MseI. La mutación *er-1* se confirmó mediante amplificación por PCR seguida de digestión con HindIII. Las mutantes *coi1-1* y *ein2* fueron confirmadas por cultivo semillas en placas con 50 µM de JA y 10 µM de CCCC, respectivamente. Los oligonucleótidos utilizados para detectar las diferentes
 15 líneas mutantes se muestran en la Tabla 1.

Mapeo y clonación del gen *ELK2/YODA*. El gen *ELK2* se mapeó utilizando 288 plantas de un *elk2* (Col-0) x *Ws-2* F₂, que se seleccionaron sobre la base del fenotipo asociado al desarroll *elk2*, que fue confirmado en las poblaciones F₃ de las plantas F₂ seleccionadas.
 20 El mapeo realizado por Servicio de Cartografía Genética (Proyecto GEFA; Universidad Miguel Hernández, Elche, España) ubicó *ELK2* entre los marcadores Cer473845 y Cer450793 (1 y 1 de recombinación, respectivamente, en 576 eventos meióticos). La secuenciación aleatoria permitió la identificación de nuevos SNPs (polimorfismo de un solo nucleótido) entre Col-0 y *Ws-2* (ver Tabla 1). Estos nuevos marcadores fueron
 25 utilizados para el mapeo fino de *ELK2* entre BACS F9N112, F2K11/F24D7.

Los genes putativos de todos estos BACS se secuenciaron completamente en las plantas *elk2* y Col-0 resultantes en la identificación de un cambio de base individual (C a T) en el gen de *YODA*, que produjo un cambio de P⁶¹⁹ a L (Figuras 1 y 3 A2).

30

Inoculación de Arabidopsis thaliana con patógenos

Plantas de *Arabidopsis* de tres semanas se inocularon con una suspensión de esporas (4 x 10⁶ esporas/ml) de *Plectosphaerella cucumerina* BMM. La progresión de la enfermedad
 35 se estimó mediante la determinación de la calificación promedio de la enfermedad (DR, 0-

5; 0, no hay infección; 5, planta muerta). Se realizó la tinción con azul de tripano y la cuantificación relativa de ADN fúngico por qPCR como se ha descrito previamente (Sánchez-Vallet et al, Plant J. 63: 115-27 (2010)). Se realizaron al menos tres experimentos independientes, y se determinaron diferencias estadísticamente significativas entre los genotipos de Arabidopsis inoculados por análisis de una vía de la varianza y prueba de Bonferroni post hoc, como se informó anteriormente (Sánchez-Rodríguez et al, Mol Plant Microbe Interact 22: 953-63 (2009). La inoculación con *Pseudomonas syringae pv tomato* DC3000 se realizó como se informa (Zipfel y otros, Nature 428: 764-7 (2004)). La cuantificación de crecimiento bacteriano en las plantas inoculadas se determinó a 2 y 4 ppp como describió previamente (Zipfel y otros, Nature 428: 764-7 (2004)). La inoculaciones de plantas con las cepas Noco y Emwa de *Hyaloperonopora arabidopsidis* se realizaron como se informó (Llorente et al, Plant J. 43: 165-80 (2005)). La inoculación de los genotipos de Arabidopsis con hongo de oidio (*Golovinomyces cichoracearum* cepar CBGP) fue realizada por Consonni et al., 2010.

15

Prueba de resistencia a Fusarium y Colletotrichum en maíz

Las plantas de maíz transgénicas se cultivan en invernadero o fito-cámara- en condiciones de crecimiento estándares en un ambiente controlado (20-25 ° C, 60-90 % de humedad).

20

Poco después de que las plantas entran en la fase reproductiva, las plantas transgénicas se inoculan cerca de la base del tallo con una suspensión de esporas de hongos (10^5 esporas en solución de PBS) de *Fusarium ssp.* o *Colletotrichum graminicola*. Las plantas se incuban durante 2-4 semanas a 20-25 ° C y 60-90 % de humedad.

25

Para calificar la enfermedad, se separan los tallos y se califica la progresión de la enfermedad por la observación del característico color marrón a negro del hongo a medida que crece el tallo. Las calificaciones de la enfermedad se llevan a cabo mediante la asignación de una puntuación visual.

30

Por experimento, se califica el área foliar afectada de más de 10 plantas transgénicas (y plantas salvajes como el control). Para el análisis, el promedio del área de hoja enferma de la planta madre no transgénica se establece en 100 % para calcular el área foliar enferma relativa de las líneas transgénica.

35

Inoculación de las plantas de soja con patógenos

10 plantas T₁ por evento se colocan en macetas y se cultivan durante 3-4 semanas en el
 5 fitocámara (16 h-día-y 8 h-noche-Ritmo a una temperatura de 16 y 22 ° C y una humedad
 de 75 %) hasta que se han expandido completamente las primeras 2 hojas trifoliadas. Las
 plantas se reinoculan con esporas de *P. pachyrhizi*.

Con el fin de obtener el material de esporas apropiado para la inoculación, las hojas de
 10 soja que habían sido infectadas con roya hace 15-20 días, se toman 2-3 días antes de la
 inoculación y se transfieren a placas de agar (agar 1 % en H₂O). Las hojas se colocan
 con su lado superior sobre el agar, que permite que el hongo crezca a través del tejido y
 produzca esporas muy jóvenes. Para la solución de la inoculación, las esporas se quitan
 de las hojas y se añaden a una solución de Tween-H₂O. El recuento de esporas se
 15 realiza bajo un microscopio óptico por medio de una cámara de recuento Thoma. Para la
 inoculación de las plantas, se añade la suspensión de esporas a un matraz de
 pulverización operados con aire comprimido y se aplica uniformemente sobre las plantas
 o las hojas hasta que la superficie de la hoja está bien humectada. Para los ensayos
 macroscópicos se utiliza una densidad de esporas de 1-5x10⁵ esporas/ml. Para la
 20 microscopía, se usa una densidad de > 5 x 10₅ esporas/ml. Las plantas inoculadas se
 colocan durante 24 horas en una cámara de invernadero con un promedio de 22 ° C y >
 90 % de humedad del aire. Se realiza el siguiente cultivo en una cámara con un promedio
 de 25 ° C y 70 % de humedad del aire. Para la evaluación del desarrollo del patógeno, las
 hojas inoculadas de las plantas se tiñen con azul de anilina 48 horas después de la
 25 infección. La progresión de la enfermedad roya de la soja se obtiene por la estimación del
 área enferma (área que está cubierta por uredinios en esporulación) en la parte trasera
 (el lado abaxial) de la hoja. Además, se toma en cuenta la coloración amarilla.

Análisis de la expresión génica

30

Las extracciones de ARN de *Arabidopsis thaliana* se realizaron como se describe
 (Llorente et al, Plant J. 43:. 165-80 (2005)). Los análisis qPCR en tiempo real se
 realizaron como se informó anteriormente (Sánchez- Vallet et al, Plant J. 63:. 115-27
 (2010)). Las secuencias de oligonucleótidos, diseñadas utilizando PRIMER EXPRESS
 35 v2.0 (Applied Biosystems), se emplearon en qPCR que se ha descrito previamente

(Sánchez-Vallet et al., 2010)), excepto los de los genes y *LOX2* (5'-ATCAACAAGCCCCAATGGAA-3' y 5'-CGGCGTCATGAGAGATAGCAT-3'). Los resultados de qPCR son valores promedio (\pm DE) de dos replicados técnicos. Las diferencias en las relaciones de expresión (Δ Ct) entre las muestras se analizaron por ANOVA (prueba LSD) usando StatGraphics (StatPoint Technologies, Inc.). Los experimentos de qPCR se realizaron al menos tres veces.

Ejemplo 1: Identificación de la mutante *YODA1*

En una prueba realizada para identificar mutantes defectuosas en la respuesta inmune de *Arabidopsis* contra patógenos fúngicos, se halló que la línea mutante *elk2* (Lease et al., *Plant Cell* 13: 2631-41 (2000) se vio afectada en la resistencia a los hongos con diferentes estilos de vida, incluyendo los necrótrofos *Plectosphaerella cucumerina* y *Botrytis cinerea*, el biotrofo *Golovinomyces cichoracearum* y el patógeno vascular *Fusarium oxysporum*. (Llorente et al, *Plant J.* 43: 165-80 (2005), Figura 3) Estos datos sugirieron que *ELK2* desempeñó una función relevante en la regulación de la respuesta inmune de *Arabidopsis* a los patógenos fúngicos y por lo tanto se realizó una clonación basada en mapa del gen *ELK2* y se encontró que corresponde a *YODA* MAP3K (fig. 4). La mutación en el alelo mutante *elk2* (*YODA10yda10*) causó la transición de aminoácidos a Leu⁶¹⁹ de un Pro⁶¹⁹ altamente conservado del dominio quinasa C-terminal del clado MAP3K definido por la proteína *YODA* (Fig. 1, Fig. 3 a, Fig. 4B) Curiosamente, esta transición Pro⁶¹⁹ a Leu produjo una mutación hipomórfica viable de la proteína *YODA* en contraste con los alelos *Yoda* letal para los embriones previamente aislados y caracterizados (por ejemplo *YODA1*). Para probar que *elk2* (*YODA10*) era un nuevo alelo mutante de *YODA*, se generaron las plantas *YODA10/YODA1* hemizigotas que albergan un cromosoma de cada mutante parental y se halló que estas plantas, como *YODA10*, soportaron mayor biomasa fúngica de *P. cucumerina* *BMM* y tienen calificaciones de enfermedad más fuertes que las observadas en las plantas tipo salvaje Col- 0, pero estos parámetros de susceptibilidad fueron menores que los observados en la mutante *agb1-1* hipersusceptible 1 (Fig. 3 BD). Estos datos corroboran que *elk2* (*YODA10*) era una mutación hipomórfica del gen *YODA*.

Ejemplo 2: La activación constitutiva de la actividad de *YODA* lleva a un aumento de la respuesta inmune.

Se ha demostrado que la supresión de una porción del dominio N-terminal de YODA (aminoácidos 184-322) produce una activación constitutiva de la actividad YODA (fig. 3 BD; Lukowitz, W., y otros, Cell 116.: 109-19 (2004)). Además, se demostró que la expresión de la versión de proteína CA-YODA en la mutante *YODA1* (*YODA1CA-YODA*)
 5 suprime los fenotipos asociados con el desarrollo *YODA1* (Lukowitz, W., y otros, Cell 116.: 109-19 (2004)). Se generaron las líneas *CA-YODA* y *CA-YODA/YODA10* mediante la cruce de las plantas *CA-YODA* descrita anteriormente (en base La- 0) con plantas *YODA10* y Col-0 tipo salvaje y se observó el desarrollo de los fenotipos asociados con el desarrollo *CA-YODA* descritos (por ejemplo, curvatura de la silicua) en las plantas *CA-YODA* (Col-0) y *CA-YODA/YODA10* obtenidas (Fig. 5 a). Por otra parte los fenotipos
 10 asociados con el desarrollo *YODA10* fueron suprimidos en las líneas *CA-YODA/YODA10* (Fig. 5 A).

De modo sorprendente, se halló que las líneas *CA-YODA* son más resistentes que las plantas de tipo salvaje correspondientes (Col- 0 o La- 0) a diferentes tipos de patógenos, incluyendo el hongo *P. necrotrófico cucumerinaBMM*, el hongo biotrófico de oidio, oomiceto *H. arabidopsidis* y la bacteria *Pseudomonas syringae pv. tomato* DC3000, lo que también indica que la activación constitutiva de la proteína YODA produjo resistencia de amplio espectro a los patógenos (Fig. 3B-D y las Figs. 5B y 6). Además, la expresión
 15 de *CA-YODA* en el alelo *yoda10* suprimió su fenotipo de susceptibilidad a *P. cucumerinaBMM* (Fig. 5B). Estos datos indican que YODA regula la respuesta inmune de de Arabidopsis a diferentes patógenos y que su activación constitutiva conduce a una respuesta inmune mejorada.

25 Ejemplo 3: La activación constitutiva de la actividad de YODA no tiene cambios en el cultivo de días cortos

La biomasa vegetal y el rendimiento de las semillas se determinó en las líneas *CA:YODA* y en plantas tipo salvajes La- 0 con el fin de evaluar los costos del intercambio de
 30 resistencia mejorada observada (Fig. 7). Las plantas *CA:YODA* presentaron menos biomasa cuando se cultivaron exclusivamente en días largos. Sin embargo, no se observó ninguna diferencia significativa en la biomasa de las plantas o el rendimiento de semilla cuando las plantas se cultivaron inicialmente bajo días cortos.

35

Ejemplo 4: Clonación de los constructos de sobreexpresión de YODA para la transformación in maíz, soja y *Arabidopsis thaliana*

Para la transformación de soja, el ADNc de longitud completa AtYODA (como se muestra
 5 en SEQ ID NO: 1) se sintetizó de una manera que permite la clonación dirigida en un
 vector de transformación de soja, de manera que el gen de longitud completa de YODA
 se ubica en dirección de sentido entre el promotor de ubiquitina del perejil (PcUbi) y un
 terminador de octopina sintasa derivado de *Agrobacterium tumefaciens* (OCS). El vector
 binario final de transformación de la soja se compone de: (1) un casete de resistencia a
 10 espectinomicina/estreptomicina para la selección bacteriana (2) un origen pVS1 para la
 replicación en agrobacterias (3) un origen de replicación de pBR322 para el
 mantenimiento estable en *E. coli* y (4) entre el límite derecho e izquierdo: una selección
 de AHAS bajo el control de un promotor de subunidad grande de acetohidroxiácido
 sintasa de *Arabidopsis* (incluyendo el intrón 5'UTR del gen de actina de *Arabidopsis*) y el
 15 casete de expresión YODA descrito anteriormente. La reacción de clonación se
 transformó en *E. coli* (DH5alfa), se mini-preparó y seleccionó por digestiones de
 restricción específicas. Se secuenció un clon positivo de cada vector del constructo y se
 sometió a la transformación de la soja.

20 Para la transformación de maíz, el ADNc de longitud completa AtYODA (como se
 muestra en la SEQ ID 1) se sintetizó de una manera que permite la clonación dirigida en
 un vector de transformación de maíz, de una manera que el gen de longitud completa
 YODA se ubica en dirección de sentido entre el promotor de ubiquitina de maíz (ZmUbi) y
 un terminador de octopina sintasa derivado de *Agrobacterium tumefaciens* (OCS).

25 El vector final de transformación de plantas de maíz binario se compone de: (1) un casete
 de resistencia a espectinomicina/estreptomicina para la selección bacteriana (2) un origen
 pVS1 para la replicación en agrobacterias (3) un origen de replicación de pBR322 para el
 mantenimiento estable en *E. coli* y (4) entre el límite derecho e izquierdo: una selección
 30 de AHAS bajo el control de un promotor de subunidad grande de acetohidroxiácido
 sintasa de *Zea mays* y el casete de expresión descrito anteriormente YODA.

La reacción de clonación se transformó en *E. coli* (DH5alfa), se mini-preparó y seleccionó
 por digestiones de restricción específicas. Se secuenció un clon positivo de cada vector
 35 del constructo y se sometió a la transformación de la soja.

Para la transformación de *Arabidopsis thaliana*, el ADNc de longitud completa AtYODA se sintetizó de una manera que permite la clonación dirigida en un vector de transformación de *Arabidopsis*, de una manera que el gen de longitud completa YODA se ubica en dirección de sentido entre el promotor CaMV 35S (35SCaMV) y un terminador de la nopalina sintasa (NOS) derivado de *Agrobacterium tumefaciens* (NOS). El vector binario final de la transformación de *Arabidopsis* se compone de: (1) un casete de resistencia a kanamicina/higromicina para la selección bacteriana (2) un origen loci *trfA* para la replicación en agrobacterias (3) un origen de replicación *col E1* para el mantenimiento estable en *E. coli* y (4) entre el límite derecho e izquierdo: un gen de selección NPT II (resistencia de la planta a la kanamicina) bajo el control del promotor de NOS, un gen de selección HPT (resistencia de las plantas a higromicina) bajo el control del promotor 35S y el anteriormente descrito casete de expresión YODA bajo la el control del promotor 35S de CaMV. La reacción de clonación se transformó en *E. coli* (DH5alfa), se mini – preparó y seleccionó por digestiones de restricción específicas. Se secuenció un clon positivo de cada vector del constructo y se presentó la transformación de la sojancción específicos. Un clon positivo de cada constructo vector se secuenció y se sometió a la transformación de *Arabidopsis*.

20 Ejemplo 5: Transformación of maíz, soja y *Arabidopsis thaliana*

5.1 Transformación del maíz

El constructo del vector de expresión de maíz (vere el ejemplo 4) se transformó en el maíz.

Las células de *Agrobacterium* que alberga un plásmido que contiene el gen de interés y el gen de AHAS de maíz mutado se cultivaron en medio YP suplementado con los antibióticos apropiados para 1-2 días. Se recogió un asa de siembra de células de *Agrobacterium* y se suspendió en 1,8 ml de medio M- LS- 002 (LS-inf). Los cultivos se incubaron con agitación a 1200 rpm durante 5 min-3 horas. Las mazorcas de maíz se cosecharon en 8-11 días después de la polinización. Las mazorcas se esterilizaron en solución de Clorox al 20% durante 5 min, seguido por pulverización con 70 % de etanol y después se enjuaga completamente con agua estéril. Los embriones inmaduros 0,8-2,0 mm de tamaño se diseccionaron en el tubo que contiene células de *Agrobacterium* en

solución LS- inf.

Los constructos se transformaron en embriones inmaduros por un protocolo de Japón modificado del método de transformación de la planta mediada por *Agrobacterium* de tabaco (Patentes US. Nros. 5.591.616; 5.731.179; 6.653.529, y la Publicación de la Solicitud de Patente de US. N ° 2009/0249514). Se utilizaron dos tipos de vectores de plásmido para la transformación. Un tipo tenía un solo límite de T-ADN en cada una de los lados izquierdo y derecho del límite, y el gen marcador seleccionable y el gen de interés estaban entre los límites izquierdo y derecho del del T-ADN. El otro tipo era el llamado "dos constructos de ADN-T " como se describe en Patente US. No. 5.731.179 de tabaco de Japón. En los dos constructos de ADN, el gen marcador seleccionable se ubicó entre un conjunto de límites de T-ADN y el gen de interés se incluyó entre el segundo conjunto de límites de T-ADN. Se puede usar cualquier vector de plásmido.. El vector de plásmido se sometió a electroporación en *Agrobacterium*.

15

La infección por *Agrobacterium* de los embriones se llevó a cabo por la inversión del tubo varias veces. La mezcla se vertió sobre un disco de papel de filtro sobre la superficie de una placa que contiene medio de co-cultivo (M-LS- 011). La solución agro líquida se eliminó y los embriones se examinaron bajo un microscopio y se colocaron con el escutelo hacia arriba. Los embriones se cultivaron en la oscuridad a 22 ° C durante 2-4 días, y se transfirieron a medio M-MS-101 sin selección y se incubaron durante cuatro a siete días. Los embriones se transfirieron a continuación al medio M-LS-202 que contiene imazetapir 0,75 µM y se cultivaron durante tres semanas a 27 ° C para seleccionar las células del callo transformadas.

25

La regeneración de plantas se inició mediante la transferencia de callos resistentes al medio M-LS-504 suplementado con imazetapir 0,75 µM y cultivaron bajo luz a 26 ° C durante dos a tres semanas. Los brotes regenerados se transfirieron luego a una caja de enraizamiento con medio M-MS-618 (imazetapir 0,5 µM). Las plántulas con raíces se transfirieron a mezcla para macetas sin tierra y se cultivaron en una cámara de crecimiento durante una semana, y luego se trasplantaron a macetas más grandes y se mantienen en un invernadero hasta su madurez.

La producción de plantas de maíz transgénico se describe también, por ejemplo, en la Patente US N.º 5.591.616 y 6.653.529; Solicitud de Patente US publicación N °

2009/0249514, y WO/2006136596, cada uno de los cuales se incorporan por referencia en su totalidad. La transformación del maíz se puede realizar mediante la transformación con *Agrobacterium*, como se describe en la patente US N.º 5.591.616; 5.731.179; Publicación de Solicitud de Patente US N.º 2002/0104132, y similares. La transformación de maíz (*Zea mays* L.) también se puede realizar con una modificación del método descrito por Ishida et al. (Nature Biotech., 1996, 14:745-750). La línea A188 endogámica (Universidad de Minnesota) o híbridos con A188 como progenitor son buenas fuentes de material donante para la transformación (Fromm et al., Biotech, 1990, 8:833), pero también se pueden utilizar con éxito otros genotipos. Las espigas se cosechan a partir de plantas de maíz en aproximadamente 11 días después de la polinización (DAP) cuando la longitud de embriones inmaduros es aproximadamente de 1 a 1,2 mm. Los embriones inmaduros se co-cultivan con *Agrobacterium tumefaciens* que portan vectores “super binarios” y las plantas transgénicas se recuperan por organogénesis. El sistema de vector super binario se describe en WO 94/00977 y WO 95/06722. Los vectores se construyen como se describe. Varios genes marcadores de selección se utilizan incluyendo el gen del maíz que codifica una acetohidroxi ácido sintasa mutada (AHAS) (Patente US N.º 6.025.541). Del mismo modo, varios promotores se usan para regular el gen de rasgo para proporcionar la regulación constitutiva, de desarrollo, inducible, tisular o ambiental de la transcripción génica.

20

Los embriones escindidos se pueden utilizar y cultivar en medio de inducción de callo, luego en medio de regeneración de maíz, que contiene imidazolinona como un agente de selección. Las placas de Petri se incuban a la luz a 25 ° C durante 2-3 semanas, o hasta que se desarrollan brotes. Los brotes verdes se transfieren de cada embrión al medio de enraizamiento del maíz y se incuban a 25 ° C durante 2-3 semanas, hasta que se desarrollan las raíces. Los brotes enraizados se transplantan al suelo en el invernadero. Las semillas T1 se producen a partir de plantas que presentan tolerancia a los herbicidas de imidazolinona y que son PCR positivo para los transgenes.

30 5.2 Transformación de soja

El constructo del vector de expresión de soja (ver el ejemplo 4) se transformó en la soja.

5.2.1 Esterilización y germinación de las semillas de soja

35

Prácticamente cualquier semillas de una variedad de soja se puede emplear en el método de la invención. Una variedad de cultivares de soja (que incluye a Jack, Williams 82, Jake, Stoddard y Resnik) es adecuada para la transformación de la soja. Las semillas de soja se esterilizaron en una cámara con un gas de cloro producido por la adición de 3,5
 5 ml de HCl 12N gota a gota en 100 ml de lavandina (5,25 % de hipoclorito de sodio) en un desecador con una tapa hermética. Después de 24 a 48 horas en la cámara, se retiraron las semillas y aproximadamente 18 a 20 semillas se sembraron en medio GM sólido con o sin 5 μ M de 6-bencil- aminopurina (BAP) en placas de Petri de 100 mm. Las plántulas sin BAP son más alargadas y desarrollan raíces, especialmente formación de raíces
 10 secundarias y laterales. BAP fortalece la plántula formando una plántula más corta y robusta.

Las plántulas de siete días, cultivadas en la luz ($> 100 \mu$ Einstein/m²s) a 25 ° C se utilizaron para material de explante para los tipos de tres explantes. En este momento, la
 15 cubierta de la semilla se dividió, y el epicótilo con las hojas unifoliadas han crecido hasta, como mínimo, la longitud de los cotiledones. El epicótilo debe ser al menos 0,5 cm para evitar el tejido del nodo cotiledonario (debido a que los cultivares de soja y lotes de semillas pueden variar en el tiempo de desarrollo, una descripción de la etapa de germinación es más precisa que un tiempo de germinación específico).

20 Para la inoculación de las plántulas enteras, ver Método A (ejemplo 5.2.3.1 y 5.2.3.2) o explantes de hojas, ver el método B (ejemplo 5.2.3.3).

Para el Método C (ver el ejemplo 5.2.3.4), el hipocótilo y uno y una mitad o parte de
 25 ambos cotiledones se retiran de cada plántula. Las plántulas luego se colocan en el medio de propagación durante 2 a 4 semanas. Las plántulas producen varios brotes ramificados de los que se obtienen los explantes. La mayoría de los explantes se origina de la plántula en crecimiento de la yema apical. Estos explantes se utilizan preferiblemente como tejido blanco.

30

5.2.2 – Crecimiento y preparación del cultivo del Agrobacterium

Los cultivos de Agrobacterium se prepararon por estriado de Agrobacterium (por ejemplo, A. tumefaciens o A. rhizogenes) que lleva el vector binario deseada (por ejemplo, H. Klee.
 35 R. Horsch and S. Rogers 1987 Agrobacterium-Mediated Plant Transformation and its

further Applications to Plant Biology; Annual Review of Plant Physiology Vol. 38: 467-486) en medio de crecimiento sólido YEP (medio YEP: 10 g de extracto de levadura, 10 g de Bacto peptona, 5 g de NaCl, se ajusta el pH a 7,0, y se llevar el volumen final a 1 litro con H₂O, para placas de agar YEP se añaden 20 g de agar, autoclave) e incubabjn a 25 ° C
 5 hasta que aparecieron las colonias (aproximadamente 2 días). De acuerdo con los genes de marcador seleccionable presente en el plásmido Ti o Ri, el vector binario, y los cromosomas bacterianos, se pueden utilizar diferentes compuestos de selección para *A. tumefaciens* y *A. rhizogenes* selección en los medios sólidos y líquidos YEP. Varias cepas de *Agrobacterium* se pueden utilizar para el método de transformación.

10

Después de aproximadamente dos días, una sola colonia (con un palillo de dientes estéril) se recogió y 50 ml de YEP líquido se inocularon con antibióticos y se agitó a 175 rpm (25 ° C) hasta alcanzar una DO₆₀₀ entre 0,8-1,0 (aproximadamente 2 d). Se preparan patrones de glicerol de trabajo (15 %) para la transformación y un ml de patrón de
 15 *Agrobacterium* se divide en alícuotas en tubos Eppendorf de 1,5 ml y después se almacena a -80 ° C.

20

El día antes de la inoculación del explante, se inocularon 200 ml de YEP con 5 µl a 3 ml de patrón de *Agrobacterium* de trabajo en un matraz Erlenmeyer de 500 ml. El matraz se agitó durante la noche a 25 ° C hasta que la DO₆₀₀ fue de entre 0,8 y 1,0. Antes de la preparación de los explantes de soja, las *Agrobacterias* se sedimentaron por centrifugación durante 10 min a 5.500 xg a 20 ° C. El sedimento se resuspendió en CCM líquido a la densidad deseada (DO₆₀₀ 0,5-0,8) y se colocó a temperatura ambiente al menos 30 min antes de su uso.

25

5.2.3-Preparación y cocultivo de explantes (inoculación)

30

Varios métodos para la transformación de la soja son conocidos en la técnica. En el contexto de la presente invención, el Método A descrito en la presente a continuación se ha utilizado para la generación de plantas de soja transgénicas. Sin embargo, otros métodos tales como el Método B o Método C (ver 5.2.3.3 y 5.2.3.3) también se pueden aplicar.

5.2.3.1 Método A Preparación del explante en el día de la transformación.

35

Las plántulas en este momento presentaban epicótilos alargados de al menos 0,5 cm, pero en general, entre 0,5 y 2 cm. Los epicótilos alargadas de hasta 4 cm de longitud se han empleado con éxito. Los explantes se prepararon luego con: i) con o sin algunas raíces, ii) con una parte, uno o dos cotiledones, se retiraron todas las hojas preformadas
5 incluyendo meristema apical, y el nodo ubicado en el primer conjunto de hojas se lesionó con varios cortes utilizando un bisturí afilado.

Este corte en el nodo no sólo indujo la infección por *Agrobacterium*, sino que también distribuyó las células meristemáticas axilares y dañó brotes preformados. Después de la
10 lesión y preparación, los explantes se dejaron de lado en una placa de Petri y posteriormente se cocultivarón con la mezcla MCP líquido/ *Agrobacterium* durante 30 minutos. Los explantes luego se retiraron del medio líquido y se sembraron en la parte superior de un papel de filtro estéril en placas de Petri de 15x100 mm con medio de co-cultivo sólido. Los tejidos blanco lesionados se colocaron de manera que estén en
15 contacto directo con el medio.

5.2.3.2 Método A modificado: Preparación del explante del epicótilo

Se usaron segmentos de epicótilo de soja preparados de plántulas de 4 a 8 días como
20 explantes para la regeneración y transformación. Las semillas de soja cv. L00106CN, 93-41.131 y Jack germinaron en 1/10 sales de MS o un medio de composición similar con o sin citoquininas durante 4 a 8 d. Los explantes de epicótilo se prepararon mediante la eliminación del nodo cotiledonar y el nodo del tallo de la sección del tallo. El epicótilo se cortó en 2 a 5 segmentos. Se prefiere especialmente los segmentos unidos al nodo
25 primario o superior que comprende tejido meristemático axilar.

Los explantes se utilizaron para la infección por *Agrobacterium*. AGL1 de *Agrobacterium* que alberga un plásmido con el gen de interés (GOI) y el gen marcador seleccionable de AHAS, bar o el *dsdA* se cultivó en medio LB con los antibióticos apropiados durante la
30 noche, se recolectaron y resuspendieron en un medio de inoculación con acetosiringona. Los segmentos de epicótilo recién preparados se sumergieron en la suspensión de *Agrobacterium* durante 30 a 60 min y luego los explantes se secaron con papel secante sobre papeles de filtro estériles. Los explantes inoculados luego se cultivaron en un medio de co-cultivo con L-cisteína y TTD y otros productos químicos, tales como
35 acetosiringona para aumentar la liberación de ADN-T durante 2 a 4 d. Los explantes de

epicótilo infectadas se colocaron a continuación en un medio de inducción de brotes con agentes de selección, tales como imazapir (para el gen de AHAS), glufosinato (por gen bar), o D-serina (para el gen dsdA). Los brotes regenerados se subcultivaron en medio de alargamiento con el agente selectivo.

5

Para la regeneración de plantas transgénicas Los segmentos luego se cultivaron en un medio con citoquininas tales como BAP, TDZ y/o cinetina para inducción de brotes. Después de 4 a 8 semanas, los tejidos cultivados se transfirieron a un medio con concentración de citoquinina más baja para la elongación de los brotes. Los brotes
10 alargados se transfirieron a un medio con auxina para el enraizamiento y desarrollo de la planta. Varios brotes se regeneraron.

Se recuperaron muchos sectores transformados estables que muestran una fuerte expresión de ADNc. Las plantas de soja se regeneraron a partir de explantes de epicótilo.

15

Se demostró la liberación de T-ADN eficiente y los sectores transformados en en forma estable.

5,2.3.3 Método B: Explantes de hojas

20

Para la preparación del explante de hoja se retira el cotiledón del hipocótilo. Los cotiledones se separan el uno del otro y se retira el epicótilo. Las hojas primarias, que consisten en la lámina, el pecíolo y las estípulas, se retiran del epicótilo cortando cuidadosamente en la base de las estípulas de tal manera que los meristemos axilares estén incluidos en el explante. Para lesionar el explante, así como para estimular la
25 formación de brotes de novo, se retira cualquier brote pre-formado y el área entre las estípulas se corta con un escalpelo afilado 3 a 5 veces.

30

Los explantes se sumergen completamente o el extremo del pecíolo lesionado se sumerge en la suspensión de Agrobacterium inmediatamente después de la preparación del explante. Después de la inoculación, los explantes se transfieren a papel de filtro estéril para eliminar el cultivo de Agrobacterium y se colocan los explantes con lado lesionado en contacto con un papel Whatman redondo de 7 cm superpuesto al medio CCM sólido (ver más arriba). Este papel de filtro impide el exceso de crecimiento de A. tumefaciens en los explantes de soja. Se envuelven las cinco placas con Parafilm™ "M"

35

(American National Can, Chicago, Illinois, EE.UU.) y se incuban durante tres a cinco días

en la oscuridad o de la luz a 25 ° C.

5.2.3.4 Método C: Meristemo axilar propagado

5 Para la preparación del explante del meristemo axilar propagado se usan plántulas de 3-4 semanas. Los explantes meristemáticos axilares se pueden preparar desde el primer al cuarto nodo. Se puede obtener un promedio de tres y cincuenta y siete explante de cada plántula. Los explantes se preparan a partir de plántulas mediante el corte 0,5 a 1,0 cm por debajo del nodo axilar en el entrenudo y se retira el pecíolo y la hoja del explante. La
10 punta donde se encuentrann los meristemas axilares se corta con un escalpelo para inducir el crecimiento de brotes de novo y permitir el acceso de las células blanco al *Agrobacterium*. Por lo tanto, un explante de 0,5 cm incluía el tallo y un brote.

Una vez cortados, los explantes se colocan inmediatamente en la suspensión de
15 *Agrobacterium* durante 20 a 30 minutos. Después de la inoculación, los explantes se transfieren a papel de filtro estéril para eliminar el exceso de cultivo de *Agrobacterium* luego se coloca casi completamente sumergido en CCM sólido o en la parte superior de un papel de filtro redondo 7 cm que se superpone al MCP sólido, de acuerdo con la cepa de *Agrobacterium*. Este papel de filtro evita el crecimiento excesivo de *Agrobacterium* en
20 los explantes de soja. Las placas se envuelven con Parafilm™ "M" (American National Can, Chicago, Illinois, EE.UU.) y se incuban durante dos o tres días en la oscuridad a 25 ° C.

5,2.4 – Inducción de brotes

25 Después de 3 a 5 días de co-cultivo en la oscuridad a 25 ° C, los explantes se lavaron en medio líquido SIM (para eliminar el exceso de *Agrobacterium*) (SIM, see Olhoft et al 2007 A novel *Agrobacterium* rhizogenes-mediated transformation method of soy using primary-node explants from seedlings In Vitro Cell. Dev. Biol. Plant (2007) o medio Modwash
30 (sales principales B5 1X, 1X sales menores B5, hierro 1X MSIII, 3 % de sacarosa, vitaminas B5 1X, MES 30 mM, 350 mg/L de Timentin™ pH 5,6, WO 2005/121345) y se transfirieron en seco sobre papel de filtro estéril (para evitar daños especialmente en la lámina) antes de colocar en el medio SIM sólido. Los aproximadamente 5 explantes (Método A) o 10 a 20 (Métodos B y C) se colocaron de tal manera que el tejido blanco
35 estaba en contacto directo con el medio. Durante las primeras 2 semanas, los explantes

se pueden cultivar con o sin medio selectivo. Con preferencia, explantes se transfirieron a SIM sin selección durante una semana.

5 Para los explantes de hoja (Método B), el explante se debe colocar en el medio de tal manera que esté perpendicular a la superficie del medio con el pecíolo incrustado en el medio y la lámina fuera del medio.

10 Para el meristema axilar propagado (Método C), el explante se coloca en el medio de modo de estar paralelo a la superficie del medio (basípeto) con el explante parcialmente incrustado en el medio.

15 Las placas envueltas con cinta Scotch 394 con ventilación (3M, St. Paul, Minnesota, US) se colocaron en una cámara de crecimiento durante dos semanas, con una temperatura promedio de 25 ° C en 18 h luz/6 h oscuridad ciclo de 70-100 $\mu\text{E}/\text{m}^2\text{s}$.

20 Los explantes se mantuvieron en el medio de SIM con o sin selección hasta que se produjo el crecimiento de los brotes de novo en la zona deseada (por ejemplo, meristemas axilares en el primer nodo por encima del epicótilo). Las transferencias a medio fresco pueden ocurrir durante este tiempo. Los explantes se transfirieron al SIM con o sin selección a SIM con la selección después de aproximadamente una semana. En este momento, hubo un considerable desarrollo de brotes de novo en la base del pecíolo de los explantes de hojas en una variedad de SIM (Método B), en el nodo primario para los explantes de plántulas (Método A), y en los nodos axilares de los explantes propagados (Método c)

25 Con preferencia, se removieron todos los brotes formados antes de la transformación hasta 2 semanas después del co-cultivo para estimular el nuevo crecimiento de los meristemas. Esto ayudó a reducir el quimerismo en el transformante primario y aumentar la amplificación de las células meristemáticas transgénicas. Durante este tiempo el explante puede o no cortarse en piezas más pequeñas (es decir, desprender el nodo del explante mediante la reducción del epicótilo).

5.2.5-Elongación del brote

35 Después de 2 a 4 semanas (o hasta que se formó una masa de brotes) en un medio SIM

(con preferencia con selección), los explantes se transfirieron a medio de SEM (medio de elongación de los brotes, ver Olhoff et al 2007 A novel Agrobacterium rhizogenes-mediated transformation method of soy using primary-node explants from seedlings. In Vitro Cell. Dev. Biol. Plant (2007) 43:536–549) que estimula la elongación del brote de los primordios del brote. Este medio puede o no puede contener un compuesto de selección.

Después de cada 2 a 3 semanas, los explantes se transfirieron a medio fresco SEM (con preferencia que contiene selección) después de retirar cuidadosamente el tejido muerto. Los explantes se mantener juntos y no fragmentarse en trozos y retener algo de salud.

Los explantes continuaron transfiriendo hasta que el explante nuere o se alargan los brotes. Los brotes alargados > 3 cm se retiraron y se colocaron en medio RM durante aproximadamente 1 semana (Método A y B), o aproximadamente de 2 a 4 semanas dependiendo del cultivar (Método C), en este momento las raíces se comenzaron a formar. En el caso de los explantes con raíces, se transfirieron directamente en el suelo.

Los brotes enraizados se transfirieron al suelo y se endurecieron en una cámara de crecimiento durante 2 a 3 semanas antes de la transferencia al invernadero. Las plantas regeneradas obtenidas con este método fueron fértiles y produjeron un promedio de 500 semillas por planta.

Después de 5 días de co-cultivo con Agrobacterium tumefaciens, la expresión transitoria del gen de interés (GOI) fue generalizada en los explantes meristemáticos de plántulas axilares especialmente en las regiones lesionadas durante la preparación del explante (Método A). Los explantes se colocaron en medio de inducción de brotes sin selección para ver cómo el nodo primario responde a la inducción y la regeneración de brotes.

Hasta el momento, más de 70 % de los explantes formaron nuevos brotes en esta región. La expresión de GOI fue estable después de 14 días en SIM, lo que implica la integración del ADN-T en el genoma de soja. Además, los experimentos preliminares dieron lugar a la formación de brotes que expresaban ADNc que se forman después de 3 semanas en la SIM.

Para el Método C, el tiempo medio de regeneración de una plántula de soja utilizando el protocolo meristema axilar propagado fue de 14 semanas a partir de la inoculación del explante. Por lo tanto, este método tiene un tiempo de regeneración rápida que produce plantas de soja fértiles y sanas.

5.3 Transformación de *Arabidopsis thaliana*

5 Las plantas de *Arabidopsis thaliana* se transformaron por inmersión floral tal como se describe por Clough and Bent (Floral dip: a simplified method for Agrobacterium-mediated transformation of *Arabidopsis thaliana*. Plant J, 1998, 16:735-43).

Ejemplo 6: Respuesta de defensa de las líneas transgénicas que sobreexpresan AtYODA1 al hongo necrotrófico *Plectosphaerella cucumerina* PcBMM

10

Las plantas transgénicas de *Arabidopsis thaliana* que sobreexpresan el gen *AtYODA1* de longitud completa bajo el control del promotor *CaMV 35S*, así como, las plantas de control adecuados se inocularon con el hongo necrotrófico *Plectosphaerella cucumerina* PcBMM como se describió en la presente anteriormente (ver Inoculación de plantas con patógenos). Los resultados se muestran en la Figura 8. Como se puede ver en la Figura 8, las plantas transgénicas generadas muestran aumento de resistencia al patógeno. Curiosamente, los síntomas pleiotrópicos que se observan para plantas CA-YODA no estaban presentes en las líneas que sobreexpresan YODA. En condiciones no estresadas, no se observaron diferencias fenotípicas entre plantas salvajes y las plantas 15 CaMV 35S:YODA.
20

REIVINDICACIONES

1. Un método para aumentar la resistencia fúngica en una planta, una parte de planta, o una célula de planta, caracterizado porque el método comprende la etapa de aumentar la expresión y/o actividad de una proteína de YODA en la planta, parte de planta, o célula de planta en comparación con una planta de tipo salvaje, parte de planta de tipo salvaje o célula de planta de tipo salvaje.
2. El método de acuerdo con la reivindicación 1, caracterizado porque dicha proteína de YODA comprende una secuencia de aminoácidos que tiene al menos 80% de identidad con SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 69 o 72.
3. El método de acuerdo con las reivindicaciones 1 o 2, que comprende introducir una secuencia de nucleótidos exógena que codifica una secuencia de aminoácidos que tiene al menos 80% de identidad con las SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 69 o 72 en una planta, una parte de una planta, o a célula de planta, y expresar dicha secuencia de nucleótidos en la planta, la parte de la planta, o la célula de planta; donde dicha secuencia de nucleótidos aumenta en la planta, la parte de la planta, o la célula de planta en comparación con la planta original, o de tipo salvaje, parte de la planta, o célula de planta.
4. El método de acuerdo con las reivindicaciones 1 o 2, que comprende modificar una secuencia de nucleótidos endógena que codifica una secuencia de aminoácidos que tiene al menos 80% identidad con SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 69 o 72, y/o la región no traducida (5'UTR) en comparación con la secuencia original.
5. El método de acuerdo con la reivindicación 3, caracterizado porque dicha secuencia de nucleótidos comprende al menos una molécula de ácido nucleico seleccionado del grupo que consiste en:
- a) una molécula de ácido nucleico exógena que codifica al menos un polipéptido que comprende la secuencia como se muestra en la SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 69 o 72;
 - b) una molécula de ácido nucleico exógena que comprende al menos un polinucleótido

de la secuencia como se muestra en la SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 70 o 71,;

c) una molécula de ácido nucleico exógena que codifica a polipéptido cuya secuencia tiene al menos 80% de identidad con la secuencia como se muestra en la SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 69 o 72;

d) una molécula de ácido nucleico exógena que comprende al menos un polinucleótido cuya secuencia tiene al menos 80% de identidad con la secuencia como se muestra en la SEQ ID NO: 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 69, 70 o 71;

e) una molécula de ácido nucleico exógena de acuerdo con (a) a (d) que codifica un fragmento o un epítipo de la secuencia como se muestra en la SEQ ID NO: 2, 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18, 20, 22, 24, 26, 28, 30, 32, 34, 36, 38, 40, 42, 44, 46, 48, 69 o 72;

f) una molécula de ácido nucleico exógena que codifica un polipéptido que es reconocido por un anticuerpo monoclonal dirigido contra un polipéptido que está codificado por la molécula de ácido nucleico como se muestra en (a) a (d);

g) una molécula de ácido nucleico exógena que se hibrida en condiciones rigurosas con el complemento de la molécula de ácido nucleico como se muestra en (a) a (d); y

h) una molécula de ácido nucleico exógena que se puede aislar de un biblioteca de ADN usando el complemento de la molécula de ácido nucleico como se muestra en (a) a (d) o sus partes-fragmentos de al menos 15 nt, 20 nt, 30 nt, 50 nt, 100 nt, 200 nt o 500 nt, como sonda condiciones de hibridación rigurosas; la secuencia de nucleótidos es tal que se genera una resistencia al patógeno o aumenta de este modo;

i) una molécula de ácido nucleico exógena de (a) a (d) anterior, pero que difiere de la molécula de ácido nucleico de (a) a (d) anterior debido a la degeneración del código genético.

6. El método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1 a 6, caracterizado porque se genera o aumenta una resistencia al patógeno fúngica o bacteriana.

7. El método de acuerdo con la reivindicación 6, caracterizado porque el patógeno fúngico es necrotrofo, un biotrofo o un patógeno Oomycete.

8. El método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 3 o 5-7, caracterizado porque comprende

a) introducir en una célula de planta un casete de expresión recombinante que comprende la molécula de ácido nucleico caracterizada en (a) a (i) en una unión operable con un promotor que es activa en las plantas;

b) regenerar una planta de la célula de planta, y

5 c) expresar dicha molécula de ácido nucleico para generar o aumentar una resistencia al patógeno en dicha planta.

9. El método de acuerdo con la reivindicación 8, caracterizado porque el promotor es un promotor inducible por patógeno o un promotor específico de epidermis o mesófilo, o el
10 promotor es un promotor inducido por estrés; con preferencia cuando el promotor se selecciona del grupo que consiste en un promotor inducido por: estrés osmótico, estrés por sequía, estrés por frío, estrés por calor, estrés oxidativo, deficiencia de nutrición, infección con un hongo, infección con un oomycete, infección con un virus, infección con una bacteria, infestación con nematodos, infestación con plagas, infestación con malezas,
15 y herbívoro.

10. El método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1-9, caracterizado porque la planta se selecciona del grupo que consiste en: soja, papa, algodón, colza, colza oleaginosas, canola, girasol, alfalfa, trébol, banana, mora, arándano, frutilla,
20 frambuesa, melón cantalupo, zanahoria, coliflor, café, pepino, berenjena, uva, melón dulce, lechuga, mango, melón, cebolla, papaya, pimienta, piña, calabaza, espinaca, calabaza, tabaco, tomate, tomatillo, sandía, manzana, durazno, pera, cereza, ciruela, brócoli, col, coliflor, repollos de Bruselas, coles, grosellas, palta, naranja, limón, pomelo, mandarina, alcaucil, cereza, nuez, maní, escarola, puerro, arrurruz, remolacha, yuca,
25 nabo, rábano, ñame, batata, arveja, poroto, caña de azúcar, césped, Miscanthus, pasto varilla, trigo, maíz, maíz dulce, arroz, mijo, sorgo, cebada y centeno.

11. El método de acuerdo con la reivindicación 5, caracterizado porque dicha secuencia de nucleótidos es una unión operable con un promotor inducible por patógeno o un
30 promotor específico de epidermis y/o mesófilo.

12. Un casete de expresión de ADN recombinante caracterizado porque comprende una molécula de ácido nucleico caracterizada en la reivindicación 5.

35 13. El casete de expresión de ADN recombinante de acuerdo con la reivindicación 12,

caracterizado porque dicha secuencia de ácidos nucleicos es una unión operable con un promotor que es funcional en las plantas.

5 14. Un vector recombinante caracterizado porque comprende el casete de expresión de acuerdo con la reivindicación 12.

10 15. Una célula caracterizada porque comprende la molécula de ácido nucleico caracterizado en la reivindicación 5, un casete de expresión de ADN que comprende dicha molécula de ácido nucleico, o un vector que comprende dicho casete de expresión.

15 16. Un organismo no humano transgénico o una planta, caracterizado porque comprende una molécula de ácido nucleico caracterizada en la reivindicación 5, un casete de expresión de ADN que comprende dicha molécula de ácido nucleico, o un vector que comprende dicho casete de expresión, o que comprende una célula que comprende dicha molécula de ácido nucleico, dicho casete de expresión, o dicho vector.

20 17. El organismo o la planta de acuerdo con la reivindicación 16, caracterizado porque es seleccionado del grupo que consiste en soja, papa, algodón, colza, colza oleaginosas, canola, girasol, alfalfa, trébol, banana, mora, arándano, frutilla, frambuesa, melón cantalupo, zanahoria, coliflor, café, pepino, berenjena, uva, melón dulce, lechuga, mango, melón, cebolla, papaya, pimienta, piña, calabaza, espinaca, calabaza, tabaco, tomate, tomatillo, sandía, manzana, durazno, pera, cereza, ciruela, brócoli, col, coliflor, repollos de Bruselas, coles, grosellas, palta, naranja, limón, pomelo, mandarina, alcaucil, cereza, nuez, maní, escarola, puerro, arrurruz, remolacha, yuca, nabo, rábano, ñame, batata, 25 arveja, poroto, caña de azúcar, césped, Miscanthus, pasto varilla, trigo, maíz, maíz dulce, arroz, mijo, sorgo, cebada y centeno.

30 18. Un método para generar una planta transgénica que es resistente a oomycetes y/u hongos y /o patógenos bacterianos, caracterizado porque comprende usar la molécula de ácido nucleico caracterizado en la reivindicación 5, un casete de expresión de ADN que comprende dicha molécula de ácido nucleico, un vector que comprende dicho casete de expresión, o una célula que comprende dicha moléculas de ácido nucleico, dicho casete de expresión, o dicho vector.

35

19. Un cultivo, material de propagación o composición caracterizado porque comprende la molécula de ácido nucleico caracterizado en la reivindicación 5, un casete de expresión de ADN que comprende dichas moléculas de ácido nucleico, o un vector que comprende dicho casete de expresión, o que comprende una célula que comprende dicha molécula
5 de ácido nucleico, dicho casete de expresión, o dicho vector.
20. Uso de alguna de las moléculas de ácido nucleico descrita en las reivindicaciones 5, el casete de expresión de ADN de acuerdo con la reivindicación 13 o 14, o el vector de acuerdo con la reivindicación 15 caracterizado porque es para la transformación de una
10 planta, parte de planta, o célula de planta para proporcionar una planta, parte de planta, o célula de planta resistente a hongos.
21. La parte cosechable de un organismo no humano o planta transgénico descrita en la reivindicación 16 o 17, caracterizada porque la parte cosechable con preferencia es
15 una semilla transgénica de la planta transgénica.
22. El producto derivado de un organismo no humano de acuerdo con la reivindicación 16 o planta de acuerdo con la reivindicación 18, de una planta producible por el método de cualquiera de las reivindicaciones 1-10 o 18 o de la parte cosechable de la planta de
20 acuerdo con la reivindicación 21, caracterizado porque el producto es con preferencia harina de soja o aceite de soja.
23. Método para la producción de un producto caracterizado porque comprende
a) cultivar una planta de acuerdo con la reivindicación 16 o 17 o se puede obtener
25 por el método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1-10 o 18 y
b) producir dicho producto de o por la planta y/o parte, con preferencia semillas, de la planta.
24. Método de acuerdo con la reivindicación 23 caracterizado porque comprende
30 a) cultivar una planta de acuerdo con la reivindicación 16 o 17 o se puede obtener por el método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 1-10 o 18 y eliminar las partes cosechables definidas en la reivindicación 21 de las plantas; y
b) producir dicho producto de o por las partes cosechables de la planta.

25. Método de acuerdo con las reivindicaciones 23 o 24, caracterizado porque el producto es harina o aceite con preferencia, harina de soja o aceite de soja.

	1		90
At_YODA	MP	WWK---SKDEKKKTNKE	SIIDAFNRKLGFASEDRSSGRSRKSRRRRDEIVSERGAI
Vv_YODA1	MPS	WWGKSSSKEVKKKENRE	SFIDSIHRRKFRTVSEKCNNSRGASQRHCGDTVSEKESRS
Pt_YODA1	MRS	WWGKSSSKEEKKKANK	ESFIDTINRKFKITSEKSNNSRGGSRRCCKDTLSEKVSLSRVPS
Vv_YODA2	MPS	WWGKSSSKEAKKKTNKE	ESFIDTLHRKFKIPSEGKVSNSRGGSHRRCSDTISEKGSQ
Vv_YODA3	MPS	WWGKSSSKEAKKKTNKE	ESFIDTLHRKFKIPSEGKVSNSRGGSHRRCSDTISEKGSQ
Pt_YODA2	MPS	WWGKSSSKEVKKKANK	ESFIDTLHRRFKSPSDGKLNDRPGGSRRCSDTISEKGSQ
Pt_YODA3	MPS	WWGKSSSKEELKKKANK	ESFIDTLHRRFKSPSDGKLNDRSGGSRRCSDTISEKGSQ
Cm_YODA1	MPS	WWGKSSSKEVKK--SK	ESLIDTLQRKLRT-TDGKTNKSGESPRNCNDTISEQGS
Gm_YODA1	MPS	WWGKSSS--TKKKANK	ESFIDAFHRKFKIPSEGKPSGRSGGSRRCSDTISEKGAQ
Gm_YODA2	MPS	WWGKSSS--TKKKANK	ESFINAFHRKFKIPSEGKPNRSRGGSRRCSDTISEKGAQ
Gm_YODA3	MLT	WWGKSSSKEEKKKANK	ESFIDTLHRKLRIRISSGKVSIRS
Gm_YODA4	MLT	WWGKSSSKEKTKKANK	ESFIDTLHRKLRISSEGKVNIRS
S1_YODA2	MPS	WWKSS--KEAKK	PKTKESFIDTLHRKFKSPA
S1_YODA3	MPS	WWGKS--K-AK	KKATKESFIDSLHRKFKSPA
Os_YODA1	MPP	WWGKSSSKDAKK-TTK	ENLIDTFHR-LISPNDQKGSTKSRGSRRCSDTISEKGSQ
Hv_YODA1	MPS	WWGKSSSKDAKK-TTK	ENLMDTFHR-FISPNEQKSGSKSRRYRRGDDT
Sb_YODA1	MPT	WWGKSSSKDVKK-TTK	ENLIDTFHR-LISPNEQKGSTKSRRCSDTISEKGSQ
Ta_YODA1	MPS	WWGKSSSKDAKK-TTK	ENLMDTFHR-FISPNEQKSGSKSRRYRRGDDT
Os_YODA2	MPP	WWGKSSSKDAKK-TAK	ENLIDTFHR-LISPNEQKSGSKSRRYRRGDDT
Sb_YODA2	MPP	WWGKSSSKEVKK-TAK	ENLIDTFQR-LISSNEQKSGSRKSRKHKGD
Zm_YODA1	MPP	WWGKSSSKEVKK-TAK	ENLIDTFQR-LISSNEQKSGSRKSRKHKGD
Gm_YODA5	MSS	WWEKSSSKDVKR	KRKRKSIIDTIQRKL-----NKS
Gm_YODA6	MRL	WWGKS-SKE	SKRANKETIIDTIQRKLKNTSEEKCNNSGRSR
S1_YODA1	MRS	WWGKSSSKDVR	RKSTKESFIDIINRKLKIFTTEKSSGKSS
Consensus	Mps	WWGksSKe.Kkk.kkEsfidT.hRkl...e.k...ksggrR...dt.sekg...s...sr	

	91		180
At_YODA	SP	SPS---TV	SRCSF-AERSPAVPLRP
Vv_YODA1	SP	SPS---TV	SRCSF-AERPHAQLPLPL
Pt_YODA1	SP	SPS---TV	SRCSF-AERPQAQLPLPL
Vv_YODA2	SP	SPS---KIV	SRCSF-VERPNAQLPLPL
Vv_YODA3	SP	SPS---KIV	SRCSF-VERPNAQLPLPL
Pt_YODA2	SP	SPSPSSKH	VRCSF-AERPHAQLPLPL
Pt_YODA3	SP	SPS---SKH	VRCSF-AERPHAQLPLPL
Cm_YODA1	SAS	PS---KQ	VLRCQSF-SERPQAQLPLPL
Gm_YODA1	SP	SPS---KVG	RCSF-VERPHAQLPLPL
Gm_YODA2	SP	SPS---KVG	RCSF-VERPHAQLPLPL
Gm_YODA3	SP	SPS---KVG	RCSF-IDRPHAQLPLPL
Gm_YODA4	SP	SPS---KVG	RCSF-IDRPHAQLPLPL
S1_YODA2	ASS	PS---KH	VRCSF-AERPLAQLPLPL
S1_YODA3	SSS	PS---KN	VRCSF-AEKALAQLPLPL
Os_YODA1	PT	SPS---KE	VRCSFSAADRPHAQLPLPL
Hv_YODA1	AT	SPS---KE	VRCSFSAADRPHAQLPLPL
Sb_YODA1	PT	SPS---KE	VRCSFSAADRPHAQLPLPL
Ta_YODA1	AT	SPS---KE	VRCSFSAADRPHAQLPLPL
Os_YODA2	SAS	PS---KE	VRCSFSAARAHAQLPLPL
Sb_YODA2	ST	SPS---KE	VRCSFSAADRPHAQLPLPL
Zm_YODA1	ST	SPS---KE	VRCSFSAADRPHAQLPLPL
Gm_YODA5	SP	SPS---TH	VRCSF-AERPLAQLPLPL
Gm_YODA6	SAS	PS---TH	VRCSF-TERPLSPLPLPL
S1_YODA1	SP	SPS-----	-----TCSIILV-----
Consensus	sp	SPS	k.VsRcQSF.aerp.aqPLPLPg..p..v.rtdSgi..ssk..lek..kpsl.lPLP.p.....r.p.d.g#..taS

Fig. 1


Delección CA:YDA

181 270
 At_YODA VSSGSSV-GDIPSDS--LISPLASDCEENGRNT----PVNISSRDQ-SMHSNKNSAEMFKP---VPKNKRILSASPRRRPLGTHVKNLQIP
 Vv_YODA1 VFSYSIDSIDPSES-RLLSPQASDYENGNRTTMSPPSSVMHKDQSPVLTPRKPREALRPA-NLLLNQIHSTSPKVVPLSTHVPNFPVP
 Pt_YODA1 VSSDSIDSDDLPS-RVLSPLTSDYENGNRTAVNSPPSSVMRKDQSPIINRKNSTRETLKHA-NLPANNQTLSTSPKRAIFSSQVQNLQIP
 Vv_YODA2 VYSEGSTDSIDAADS-HHRSPQATDYDNGTRTAASIFSSVMLKDQ-SPVAHVNAREAQKPA-NLLFSNHISPTSPKRRPLSSHVNLQVP
 Vv_YODA3 VYSEGSTDSIDAADS-HHRSPQATDYDNGTRTAASIFSSVMLKDQ-SPVAHVNAREAQKPA-NLLFSNHISPTSPKRRPLSSHVNLQVP
 Pt_YODA2 VFSSESTDSIDPADS-SHRSPLATDYDLGTRTIASSPSSAMVKDHCATVSVQNSREAKKPA-NLSPGNHTSPTSPKRRPISSHVNLQVP
 Pt_YODA3 VSESATDSIDPADS-SHRSPAATDYDLGTRTTTSSPSSAMVKDQCAIVSHSNSKEAKKPA-SLSFGNHTSPTSPKRRPVSSHVNLQVP
 Cm_YODA1 VSSSESTDSIDPADS-RHRSPQATDYDLGTRTAASSPSSVILKDQSSSTLTQPSQKARKPA-NISLSNHIFSTSPKRRPLSSHVNLQVP
 Gm_YODA1 VSESADSDIDPADS-HNRSPLATDCEGTTRTAAGSPSSLMQKDDQSSSTVSVQNSREAKKPA-NI-LGNHMSSTSPKRRPLSNHVTNLQIP
 Gm_YODA2 VSSSEADSDIDPADS-RNRSPLATDCEGTTRTAAGSPSSLMVKDQSTTVSVQNSREAKKPA-NI-LGNHTSPTSPKRRPLSNHVTNLQIP
 Gm_YODA3 VFSDCSADSDIDPADS-HNRSPLATDCEGTTRTAAGSPSSLMVKDQPPAVSQNLNSTGVKKPG-NI-LSNHMSSTSPKRRPLRNHVNLQVP
 Gm_YODA4 VFSDCSADSDIDPADS-HNRSPLATDCEGTTRTAAGSPSSSMLKDQPPPTVSLNSTGVKKPG-NI-LSNHMSSTSPKRRPLRNHVNLQVP
 Sl_YODA2 ISSSECSIESDIDPDS-RQRSPLATDYEFGSRTAAGSPSSLVVKDQ-SAVGQISLKEMTRPV-SLSPSRNVSSVSPKRRPLSSHVNTTLQVP
 Sl_YODA3 ISSSECSVESDIDPDS-RQRSPLATDYEFGSRTAAGSPSSLVVKDQ-SAVGQTSIKEATELV-NLSPSGHVSSTSPKRRPLSNHLSIQIP
 Os_YODA1 PSSNCS-DSIDHGDSD-QLQSPVGNDAENATLVTLNKNSNARKCECPGITAKNMKEIHRPA-NQVHGSHILSTSPRG-VAADSYQSNLQ
 Hv_YODA1 LSSNCSIDSIDHGDSD-QLQSPVGNDAENTTNTTSKSKSSNVRKERPGAITTKHTKEMTKTA-NQFLSNHTLSTSPRG-IAADNHQSNPQN
 Sb_YODA1 VSSNCSADSDIDPADS-QLQSPVGNDSNVTKVSSKSSNVRKDSGAIITTKTKELKPAANAFPSNHQSTPRG-ISADNNQPDQLN
 Ta_YODA1 LSSNCSVDSIDHGDSD-QLQSPVGNDAENTTNTTSKSKSSNVRKERPGAITTKHTKEMAKTA-NQFLSNHTLSTSPRG-IAADNHQPNPQN
 Os_YODA2 ISSHCSIDSIDDPGL-RLQGPVANDTENVAKVATTGNSVSVVHKESSAITRKGTEKVTMPT-NAFLSNQILSTSPRGTVVADSYQSNLQ
 Sb_YODA2 VSSNCSIDSIDDPGDSD-QLQSPVGNDAENATRITATSSSSVVLHKESSAITTKSTKEVAKPN-NAFLSNQILSTSPRGTV-ADGYQSNLQ
 Vv_YODA1 VSSNCSIDSIDDPGDSD-QLQSPVGNDAENATRITATSSSSVVLHKESSAITRKNTEVAKPN-SAILSNQILSTSPRGTF-ADGYQSNLQ
 Gm_YODA5 ISSGSSIDSIDQDSD-HFLSPLASDSEENGNQATVHNTVSVVHKDQPPITIQKNSRVSSKPA-PQLCNHQLLYNTPKGASL--HLPNPQIA
 Gm_YODA6 VSSDSIDSIDNSDPSPLASDCEENGNPATINSLSVVFHNSQLITIQKNSRASSKSS-PQLCNSSTSTSPRGAPL--HLQNLKIA
 Sl_YODA1 VSCDSSDSDIDLTDSD-RFLSPQTSDYENGRSRTALNSPSSLKQKQVQSPIASNASSGEMLSA-TLLSDNQAIPTSPRQRLLRSHVPPGLQI
 Consensus vsS.s.#S#.#.DS...SP.a.D.#ngtrt...spss...k#q.....ns.e..kpa n....nh...stsPk.rpl..hv.nlq.p


271 360
 At_YODA QRDLVLCAPDSLLSSPSRSPMRSFIPDQVSNHGLLISKPYSDVSLGSGQCSSPSSGYNNSGGDMATQLFWQPSRCSPESCSPVPS
 Vv_YODA1 QNG-AFCSAPDSMSSPSRSPMRLFSPEQVMNSFWTKPYADIALLSGHCSPPSGHNSGHNSGGDMGQLFWQPSRCSPESCSPIPS
 Pt_YODA1 HRV-AFFSAPDSMSSPSRSPMRAFGTEQVINNGFWACKTYSDIGLLSGQCSSPSSGYNNSGGDMGQLFWQPSRCSPESCSPIPS
 Vv_YODA2 YHG-AFGSAPDSMSSPSRSPLRAFQTDQGLNSAFWACKPYSDVTLGSGQCSSPSSGYNNSGGDMGQLFWQPSRCSPESCSPIPS
 Vv_YODA3 YHG-AFGSAPDSMSSPSRSPLRAFQTDQGLNSAFWACKPYSDVTLGSGQCSSPSSGYNNSGGDMGQLFWQPSRCSPESCSPIPS
 Pt_YODA2 KHG-SFCSAPDSMSSPSRSPMRAFGAEQVINSAFWACKPYSDVNLGSGHCSPPSGHNSGHNSGGDMGQLFWQPSRCSPESCSPIPS
 Pt_YODA3 QHV-ASGSAPDSMSSPSRSPMRASSTEQVINSAFWACKPYPDANFLSGHCSPPSGHNSGHNSGGDMGQLFWQPSRCSPESCSPIPS
 Cm_YODA1 YHG-NVCIAPDSMSSPSRSPIRAFSSEQVINNAVSTCKPYMDVTFPGSGHCSPPSSGYNNSGGDLGQLFLQPSRCSPESCSPVPS
 Gm_YODA1 PHG-AFFSAPDSMSSPSRSPLRAFQTEQVLSAFWACKPYPEVNFVGGSGHCSPPSGHNSGHNSGGDMGQLFWQPSRCSPESCSPVPS
 Gm_YODA2 PHG-AFCAPDSMSSPSRSPLRSFQTEQVLSAFWACKPYPEVNFVGGSGHCSPPSGHNSGHNSGGDMGQLFWQPSRCSPESCSPVPS
 Gm_YODA3 PHG-AFYSAPDSMSSPSRSPLRAFQTDQVLSAFLACKPYPEVNFVGGSGHCSPPSGHNSGHNSGGDMGQLFWQPSRCSPESCSPVPS
 Gm_YODA4 PHG-AFYSTPDSMSSPSRSPLRAFQTDQVLSAFLACKPYPEVNFVGGSGHCSPPSGHNSGHNSGGDMGQLFWQPSRCSPESCSPVPS
 Sl_YODA2 PPG-AFCSAPDSMSSPSRSPMRAAASEQVTSSTLWAGRAYPDLPLSLGSGHCSPPSSGYNNSGGDMGQLFWQPSRCSPESCSPIPS
 Sl_YODA3 SHG-TLCSVPDSMSSPSRSPMKAAGCEQVSSSTFWACKTYPDLPGLSGHCSPPSSGYNNSGGDMGQLFWQPSRCSPESCSPIPS
 Os_YODA1 PRPLVLDAPNSLMSSPSRSP-RRICPDHIPTSAFWACKPHTDVTFLGSGQCSSPSSGQTSGHNSGGDLAQFLWQPSRCSPESCSPIPS
 Hv_YODA1 PRPVVLEAPNSLMSSPSRSP-RRICPDHIPTSAFWACKPHTDVTFLGSGQCSSPSSGQTSGHNSGGDLAQFLWQPSRCSPESCSPIPS
 Sb_YODA1 LRPVVLEAPNSLMSSPSRSP-RRICPDHIPTSAFWACKPHADVTFLGSGQCSSPSSGQTSGHNSGGDLAQFLWQPSRCSPESCSPVPS
 Ta_YODA1 PRPVVLEAPNSLMSSPSRSP-RRICPDHIPTSAFWACKPHTDVTFLGSGQCSSPSSGQTSGHNSGGDLAQFLWQPSRCSPESCSPIPS
 Os_YODA2 SRKVVLDAPNSVMSSPSRSP-RILCPDQIPSSAFWACKPHTDVTFLGSAQCSSPSSGQTSGHNSGGDLAQFLWQPSRCSPESCSPIPS
 Sb_YODA2 PRQIALEAPNSLMSSPSRSP-RIICPDQIPTSAFWACKPHTDITFLGSGQCSSPSSGQTSGHNSGGDLGPIFWQPSRCSPESCSPIPS
 Zm_YODA1 PRQIALEAPNSLMSSPSRSP-RNICPVQIPTSAFWACKPHTDVTFLGSGQCSSPSSGQTSGHNSGGDLGPIFWQPSRCSPESCSPIPS
 Gm_YODA5 SSG-GLWSAPDSMSSPSRSP-PLRMFGSEQVLSNGFCTCKLYPDLA---TRHCSSP---GSGHNSGGDLTGHN-----SPIPS
 Gm_YODA6 QPG-GLCSAPDSMSSPSRSPNQMGAFGEQMLNSELHTCKPYDIP---SGRCYNPVSGRDSSGHNSGGDISGQMLPQNKSPESCSPIPS
 Sl_YODA1 PHHGASYSAPDSMSSPSRSP-PMRVFGHEVMMNPGFWLCKPHGETTFLGSGHCSPPSSGQTSGHNSGGDLAQFPFWPHSRCSPESCSPVPS
 Consensus ..g...SAP#SsmSSPSRSP.P.r.fg.#qv.nsafwagKpy.#v.flgSg.CSSPSSG.nSGHNS.GGD\$sgqlfwqpsrgSPESCSP!PS

Fig. 1

Delección CA:YDA

361  450

At_YODA PRMTSPGPSSRIQSGAVPLHPRAGSSTTGSFTRRLLDDN-RQQSHRLPPLPILISN-TCPFSPPTYSAATSP-SVPRSPARAEATVSGSR
Vv_YODA1 PRMTSPGPSSRIQSGAVPLHPRAGAAAASEFTNRDDG-KQQSHRLPPLPITISN-SCPFSPPTYSTSTTP-SVPRSPGR-ENPTSGSR
Pt_YODA1 PRVISPGPSSRIHSGAVTPLHPRAAGVTIIESPTSRPDDG-KQQSHRLPPLPITISN-THPFSPPTYSAATSP-SVPRSPGR-ENPTSGSR
Vv_YODA2 PRMTSPGPSSRIQSGAVPLHPRAGGAASESQTTSWPDEG-KQQSHRLPPLVAVSS-SSPFSHSNSPAASP-SVPRSPGR-ENPTSGSR
Pt_YODA2 PRMTSPGPSSRVQSGAVPLHPRAGGTI-E SQTTSWPDDG-KQQSHRLPPLVTVSS-PSPFSHSNSPAASP-SVPRSPGR-ENPTSGSR
Pt_YODA3 PRMTSPGPSSRVQSGAVPLHPRAGGTIIESQTTSWDDG-KQQSHRLPPLVTVSS-PSPFSHSNSPAASP-SVPRSPGR-ENPTSGSR
Cm_YODA1 PRMTSPGPSSRVQSGAVPLHPRAGGIPTE SQTTSWPDE---KQTHRLPPLVAVSS--APFSPSHSNSPAASP-SVPRSPGR-ENPTSGSR
Gm_YODA1 PRMTSPGPSSRIQSGAVPLHPRAGGTPNESQTGRVDDV-KPQSHRLPPLVAVTN-TLFFSHSNSPAASP-SMPSRSPGR-ENPTSGSR
Gm_YODA2 PRMTSPGPSSRIQSGAVPLHPRAGGTPNESQTGRVDDV-KPQSHRLPPLVAVTN-TLFFSHSNSPAASP-SMPSRSPGR-ENPTSGSR
Gm_YODA3 PRMTSPGPSSRIQSGAVPLHPRAGGTPNESQT-----HRLPPLVAVSS-SSPFSHSNSPAASP-SMPSRSPGR-ENPTSGSR
Gm_YODA4 PRMTSPGPSSRIQSGAVPLHPRAGGTPNESQT-----HRLPPLVAVSS-SSPFSHSNSPAASP-SMPSRSPGR-ENPTSGSR
Sl_YODA2 PRMTSPGPSSRIQSGAVPLHPRAGGAGELQTSWPDDG-KAQSHRLPPLPITISN-SSPFSHSNSPAASP-SVPRSPGR-ENPTSGSR
Sl_YODA3 PRMTSPGPSSRIQSGAVPLHPRAGGAGELQTNWDDA-KPESHRLPPLPITISN-SSPFSHSNSPAASP-SVPRSPGR-ENPTSGSR
Os_YODA1 PRMTSPGPSSRVQSGSVPLHPRSGGMAPESETNRHDDGKKKQTHRLPPLPISN--SSFFPNKSTPASP-SAPRSPGR-ENPTSGSR
Hv_YODA1 PRMTSPGPSSRVQSGSVPLHPRSGGMAPESETNRHDDGKKKQTHRLPPLPISN--SSFFPNKSTPASP-SAPRSPGR-ENPTSGSR
Sb_YODA1 PRMTSPGPSSRVQSGSVPLHPRSGGMAPESETNRHDDGKKKQTHRLPPLPISN--SSFFPNKSTPASP-SAPRSPGR-ENPTSGSR
Ta_YODA1 PRMTSPGPSSRVQSGSVPLHPRSGGMAPESETNRHDDGKKKQTHRLPPLPISN--SSFFPNKSTPASP-SAPRSPGR-ENPTSGSR
Os_YODA2 PRMTSPGPSSRVQSGSVPLHPRAGGMAPESETRRLLDEGKKQTHRLPPLPISN--SSFFPNKSTPASP-SAPRSPGR-ENPTSGSR
Sb_YODA2 PRMTSPGPSSRVQSGSVPLHPRAGGMAPESETRRLLDEGKKQTHRLPPLPISN--SSFFPNKSTPASP-SAPRSPGR-ENPTSGSR
Zm_YODA1 PRMTSPGPSSRVQSGSVPLHPRAGGVTPESETNRHAEAGNKKQTHRLPPLPISN--SSFFPNKSTPASP-SAPRSPGR-ENPTSGSR
Gm_YODA5 PGMKSPGSSRIQSGAVPLHPRAGSAALESFTRRPDDV-KQ-THRLPPLPITISN-HCFSPPTYSAATTP-SAPRSPGR-ENPTSGSR
Gm_YODA6 PRMTSPGPSSRIQSGAVPLHPRAGGTLAESASLDDG-KQQSHRLPPLPISN--SSTFSLSCSMTTP---AIPRSPGR-ENPTSGSR
Sl_YODA1 PRMTSPGPSSRIQSGAVPLHPRAGGTLAESASLDDG-KQQSHRLPPLPISN--SSTFSLSCSMTTP---AIPRSPGR-ENPTSGSR
Consensus PRMTSPGPSSRIQSGAVPLHPRAGGTLAESASLDDG-KQQSHRLPPLPISN--SSTFSLSCSMTTP---AIPRSPGR-ENPTSGSR

451  540

At_YODA WKKGRLGSGFGHVVYGFNDSGEMCAMKEVTLLSDDPKSRESAQQLQEIQLLSRLRHPNIVQYYGSEVDDKLYIYLEYVSGGSIK
Vv_YODA1 WKKGRLGSGFGHVVYGFNDSGEMCAMKEVTLLSDDPKSRESAQQLQEIQLLSRLRHPNIVQYYGSEVDDKLYIYLEYVSGGSIK
Pt_YODA1 WKKGRLGSGFGHVVYGFNDSGEMCAMKEVTLLSDDPKSRESAQQLQEIQLLSRLRHPNIVQYYGSEVDDKLYIYLEYVSGGSIK
Vv_YODA2 WKKGRLGSGFGHVVYGFNDSGEMCAMKEVTLLSDDPKSRESAQQLQEIQLLSRLRHPNIVQYYGSEVDDKLYIYLEYVSGGSIK
Vv_YODA3 WKKGRLGSGFGHVVYGFNDSGEMCAMKEVTLLSDDPKSRESAQQLQEIQLLSRLRHPNIVQYYGSEVDDKLYIYLEYVSGGSIK
Pt_YODA2 WKKGRLGSGFGHVVYGFNDSGEMCAMKEVTLLSDDPKSRESAQQLQEIQLLSRLRHPNIVQYYGSEVDDKLYIYLEYVSGGSIK
Pt_YODA3 WKKGRLGSGFGHVVYGFNDSGEMCAMKEVTLLSDDPKSRESAQQLQEIQLLSRLRHPNIVQYYGSEVDDKLYIYLEYVSGGSIK
Cm_YODA1 WKKGRLGSGFGHVVYGFNDSGEMCAMKEVTLLSDDPKSRESAQQLQEIQLLSRLRHPNIVQYYGSEVDDKLYIYLEYVSGGSIK
Gm_YODA1 WKKGRLGSGFGHVVYGFNDSGEMCAMKEVTLLSDDPKSRESAQQLQEIQLLSRLRHPNIVQYYGSEVDDKLYIYLEYVSGGSIK
Gm_YODA2 WKKGRLGSGFGHVVYGFNDSGEMCAMKEVTLLSDDPKSRESAQQLQEIQLLSRLRHPNIVQYYGSEVDDKLYIYLEYVSGGSIK
Gm_YODA3 WKKGRLGSGFGHVVYGFNDSGEMCAMKEVTLLSDDPKSRESAQQLQEIQLLSRLRHPNIVQYYGSEVDDKLYIYLEYVSGGSIK
Gm_YODA4 WKKGRLGSGFGHVVYGFNDSGEMCAMKEVTLLSDDPKSRESAQQLQEIQLLSRLRHPNIVQYYGSEVDDKLYIYLEYVSGGSIK
Sl_YODA2 WKKGRLGSGFGHVVYGFNDSGEMCAMKEVTLLSDDPKSRESAQQLQEIQLLSRLRHPNIVQYYGSEVDDKLYIYLEYVSGGSIK
Sl_YODA3 WKKGRLGSGFGHVVYGFNDSGEMCAMKEVTLLSDDPKSRESAQQLQEIQLLSRLRHPNIVQYYGSEVDDKLYIYLEYVSGGSIK
Os_YODA1 WKKGRLGSGFGHVVYGFNDSGEMCAMKEVTLLSDDPKSRESAQQLQEIQLLSRLRHPNIVQYYGSEVDDKLYIYLEYVSGGSIK
Hv_YODA1 WKKGRLGSGFGHVVYGFNDSGEMCAMKEVTLLSDDPKSRESAQQLQEIQLLSRLRHPNIVQYYGSEVDDKLYIYLEYVSGGSIK
Sb_YODA1 WKKGRLGSGFGHVVYGFNDSGEMCAMKEVTLLSDDPKSRESAQQLQEIQLLSRLRHPNIVQYYGSEVDDKLYIYLEYVSGGSIK
Ta_YODA1 WKKGRLGSGFGHVVYGFNDSGEMCAMKEVTLLSDDPKSRESAQQLQEIQLLSRLRHPNIVQYYGSEVDDKLYIYLEYVSGGSIK
Os_YODA2 WKKGRLGSGFGHVVYGFNDSGEMCAMKEVTLLSDDPKSRESAQQLQEIQLLSRLRHPNIVQYYGSEVDDKLYIYLEYVSGGSIK
Sb_YODA2 WKKGRLGSGFGHVVYGFNDSGEMCAMKEVTLLSDDPKSRESAQQLQEIQLLSRLRHPNIVQYYGSEVDDKLYIYLEYVSGGSIK
Zm_YODA1 WKKGRLGSGFGHVVYGFNDSGEMCAMKEVTLLSDDPKSRESAQQLQEIQLLSRLRHPNIVQYYGSEVDDKLYIYLEYVSGGSIK
Gm_YODA5 WKKGRLGSGFGHVVYGFNDSGEMCAMKEVTLLSDDPKSRESAQQLQEIQLLSRLRHPNIVQYYGSEVDDKLYIYLEYVSGGSIK
Gm_YODA6 WKKGRLGSGFGHVVYGFNDSGEMCAMKEVTLLSDDPKSRESAQQLQEIQLLSRLRHPNIVQYYGSEVDDKLYIYLEYVSGGSIK
Sl_YODA1 WKKGRLGSGFGHVVYGFNDSGEMCAMKEVTLLSDDPKSRESAQQLQEIQLLSRLRHPNIVQYYGSEVDDKLYIYLEYVSGGSIK
Consensus WKKGRLGSGFGHVVYGFNDSGEMCAMKEVTLLSDDPKSRESAQQLQEIQLLSRLRHPNIVQYYGSEVDDKLYIYLEYVSGGSIK

Fig. 1

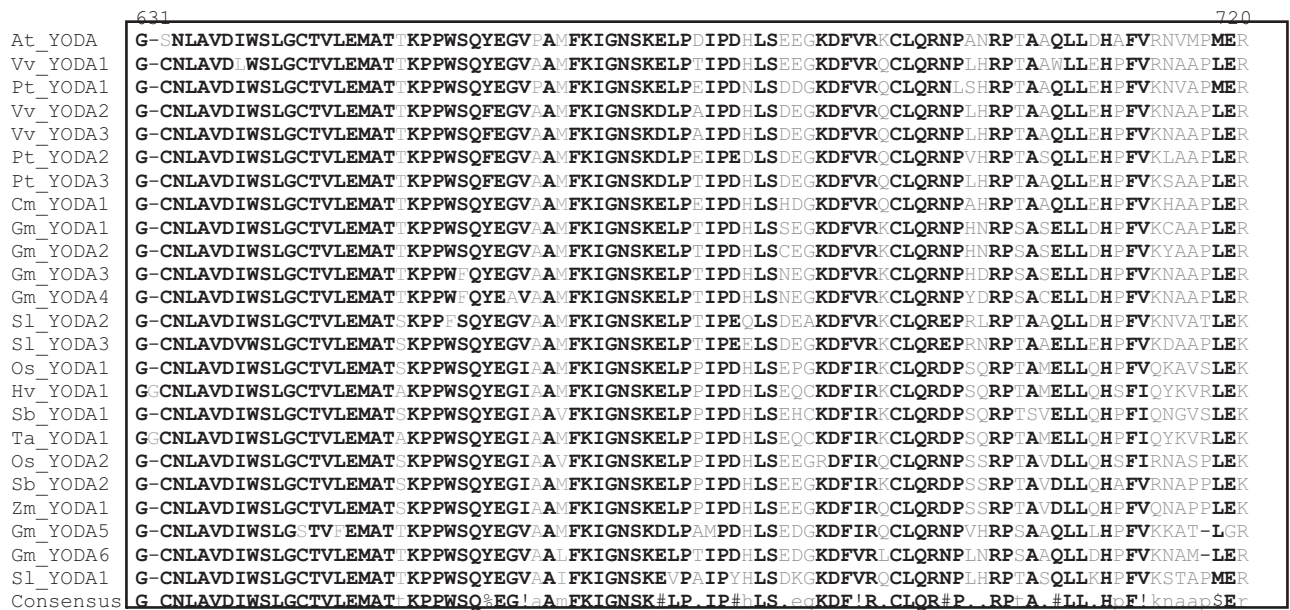
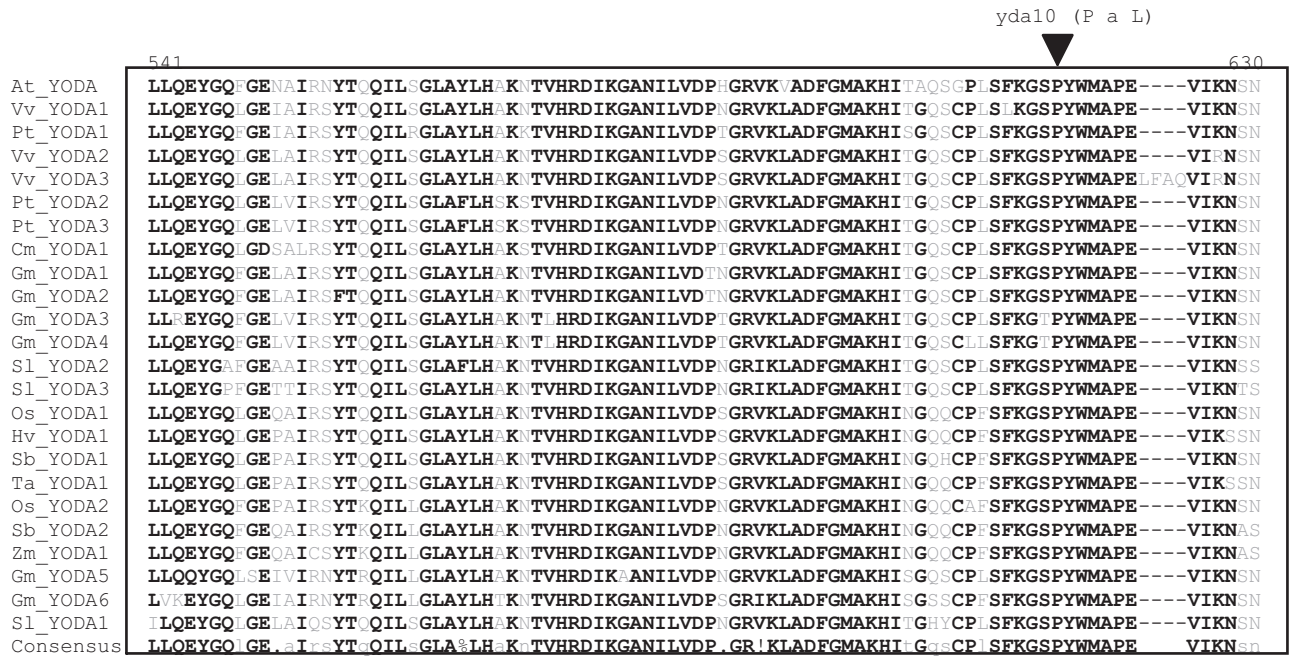


Fig. 1

721 810

At_YODA PIVSGEPAEAM----NVASSTMRLSDIGHARSLPCLDSEADATNY-QQKGLKHGSGFSISQSPRNMS**SPISPVG**--**SP**IFHSH**SP-HISGR**

Vv_YODA1 PSLSSEL-EPP----PAVTNAVRSMIAIGHTRNV--LESEGVAIH-QSRCSKTGSGSDTHTPRNLS**SPVSPIG**--**SP**LLHSR**SPQHMSGR**

Pt_YODA1 PFLSPELSEEL----PAIMNSGRSMGIGPARNVSGFDS**EGISMH-QSRATKIGSGI**SDAHM-KNSS**SPVSPIG**--**SP**HLYSR**SPNLNSGR**

Vv_YODA2 PILSPET-SDP---PPGVTNGVKSGLGIGHAKNLSLSD**ERLAVH-SFRVLKTGSHS**SDPHIARNIS**SPVSPIG**--**SP**LLHSR**SPQHLNGR**

Vv_YODA3 PILSPET-SDP---PPGVTNGVKSGLGIGHAKNLSLSD**ERLAVH-SFRVLKTGSHS**SDPHIARNIS**SPVSPIG**--**SP**LLHSR**SPQHLNGR**

Pt_YODA2 PILCLDP-TDP---PPGVSNGVKILGINHARNFPTLDS**ERLAVH-SFRVSKTGLHT**SDLHIPRNI**SPVSPIG**--**SP**LLHSR**SPQHLNGR**

Pt_YODA3 PIPSEPE-TDP---PPGVTNGVKAMGINQARNFPTLDS**ERLAVH-SFRVSKTGLL**SDLHIPRNI**SPVSPIG**--**SP**LFHSR**SPQHLNGR**

Cm_YODA1 PILGSEH-SDP---TPGITNGVRTLGIEQGRNPSFLD**DRSAAH-SSRLPTAAFHS**SEIHIPRNI**SPVSPIG**--**SP**LVHSR**SPQHPSGR**

Gm_YODA1 PILGPESPDPAVAVSGITQGATASGIGQGRNPSKLD**DRLSLH-SSRFLKTNPHA**SEIHIPRNI**SPVSPIG**--**SP**LLRPR**SPQHMGGR**

Gm_YODA2 PILGPESPDPA---VSGITQGATTSGIGQGRNPSKLD**DRLSLH-SSRFLKTNPHA**SEIHIPRNI**SPVSPIG**--**SP**LLRPR**SPQHMGGR**

Gm_YODA3 PIPAPEA-LDP---VSGITQGAKALAIQGGRNLSLSD**DRLSVH-SSRFLKTNPHE**SEIHIPRNI**SPVSPIG**--**SP**LLRPR**SPQHMGGR**

Gm_YODA4 PILAPEV-LDP---VSGITQGAKALAAQGKNSLSD**DRLSIH-SSRFLKTNPRE**SEIHIPRNI**SPVSPIG**--**SP**LLRPR**SPQHMGGR**

Sl_YODA2 PNISPPA-DPP----CAGANGVKSGLGIGQARNIPTSE**ERLATH-SSRVSKNFHC**SDISITRNI**SPVSPIG**--**SP**LLHSR**SPQHLNGR**

Sl_YODA3 QNMFPSTFDLP----CVAASGIKLLGTGSARNYTPDS**ERLATH-SSRASKKFFHC**SDIHIPKNI**SPVSPIG**--**SP**---PR**SPHNLGR**

Os_YODA1 SVLSEPLE--H---LAVISCRSSAKMAAHRNISLSD**EGQTIY-QRRAKAFSSKH**SDIRIRNI**SPVSPIG**--**SP**LLRPR**SPQHMGGR**

Hv_YODA1 SVMSDPLE--H---LPVISCRPNKSVAGHTTNISSLG**EGQTIY-QRRAKAFSSKH**SDIHIRSNI**SPVSPIG**--**SP**LLRPR**SPQHMGGR**

Sb_YODA1 SVIPNHLE--H---LAAISCRTPKPKVAVQTRN-ASLG**EGQTIY-QRRAKAFSSKH**SDIHIRSNI**SPVSPIG**--**SP**LLRPR**SPQHMGGR**

Ta_YODA1 SVMSDPLE--H---LPVISCRPNKSVAGHTTNISSLG**EGQTIY-QRRAKAFSSKH**SDIHIRSNI**SPVSPIG**--**SP**LLRPR**SPQHMGGR**

Os_YODA2 SILDPLL--Q---LSTTSCKPDLKVVGHARNMSSLG**EGQSIY-QRRAAKFSSVH**SDIHVRSNI**SPVSPIG**--**SP**LLRPR**SPQHMGGR**

Sb_YODA2 SSASHPLEVEQ---LTAISCRTNKVVHARNMSSLG**EGQSIY-QRRAAKFSSVH**SDIHIRSNI**SPVSPIG**--**SP**LLRPR**SPQHMGGR**

Zm_YODA1 SSASHPLE--Q---LTAISCRTNKVVHARNMSSLG**EGQSIY-QRRAAKFSSVH**SDIHIRSNI**SPVSPIG**--**SP**LLRPR**SPQHMGGR**

Gm_YODA5 PVLADPLEAK---PDFVNTMRS LAIGPAKHNLGLV**EAAGTY-LRSLRTGSGS**SEAHTRNI**SPVSPIG**--**NP**LLPRL**LHVSGR**

Gm_YODA6 SILTAVPSEDP---TAIINAVRSLAVGPKVHNLCLD**EVAGTY-PLRSLRTGSGS**SNAHTPRNI**SPVSPIG**--**LP**YK**LHVSGR**

Sl_YODA1 FI-----GIGHLKDPCCVGS**EEVAVHHEPR**SSIFFP**SDVPVPR--SPVSPIG**IESPVYHS**QSPKHMGR**

Consensus p..s..... i.....s..igh.rn.s.lds#....h ..R..k..s..S#ihiprni**SPVSPIG** sPll.srSpqH.nGr

811 900

At_YODA **RS**SP**PI**S**SPHALSGSSTPLTGGGAIP**FHHQRQTTVNF**LHEGIGSSRSPGSGGNFYTN**SF-----FQ**EPSRQQDRS-RSSPRT**

Vv_YODA1 **MS**SP**PI**S**SPRRTSGSSTPLSGGGAIP**FHHKPK-IN-YM**HEGIGIIPRSQSSLYANGSS**-----YQ**DPQPD**LFRGM**PQVSHV**

Pt_YODA1 **MS**SP**PI**S**SPHTASGSSTPLTGGGAIP**FHHAKQHIM-YL**QESKGMVPGSQSSFYPNNNL**-----YQ**EKPDL**FRGMS**QASC**V

Vv_YODA2 **MS**SP**PI**S**SPRRTSGSTPLTGGGAIP**F-PHLKPSV-YL**QEGFGNVSKPLNPNYSNGPS**-----YH**DPNADI**FRGM**QLGSHI**

Vv_YODA3 **MS**SP**PI**S**SPRRTSGSTPLTGGGAIP**F-PHLKPSV-YL**QEGFGNVSKPLNPNYSNGPS**-----YH**DPNADI**FRGM**QLGSHI**

Pt_YODA2 **MS**SP**PI**S**SPRRTSGSSTPLTGGGAIP**F-NHLKHSV-HF**QEGFGNMQNHSNGIYVNGLA**-----YH**DSSPD**LFRGM**QPGSPI**

Pt_YODA3 **MS**SP**PI**S**SPRRTSGSSTPLTGGGAIP**F-NHLKQSV-YL**QEGFGNMPIYHNGIYANGLA**-----YH**DSIPDL**FQGM**QPGSPI**

Cm_YODA1 **MS**SP**PI**S**SPRNMSGASTPLTGGGAIP**H-QHLKQSL-YL**QEGFGNLKPKSMAPYSNGPS**-----F**H**DIN**PDIFQGIQPGSHI**

Gm_YODA1 **MS**SP**PI**S**SPRTASGASTPLNGGGAIP**FSNHL---V-YI**QEGGLNPKSSNGVYVSGPA**-----H**HDLNVD**I**FRGMQQTSHI**

Gm_YODA2 **MS**SP**PI**S**SPRTASGASTPLNGGGAIP**FSNHL---V-YI**QEGGLNPKSSNGVYVSGPA**-----H**HDLNVD**I**FRGMQQTSHI**

Gm_YODA3 **MS**SP**PI**S**SPRTASGASTPLAGGGAIP**FGNHSKQ**PI-YFQEGFGSIPKSSNGVYINGHS**-----H**HDSVDI**FRGM**QIGSHI**

Gm_YODA4 **MSP-PI**S**SPRTASGASTPLAGGGAIP**FGNHSKQ**PI-YFQEGFGSIPKSSNGVYINGHS**-----H**HDSVDI**FRGM**QIGSHI**

Sl_YODA2 **LS**SP**PI**S**SPITMSGSTPLSGGGAIP**F-HHLNQSV-YL**QEA**----AP**LQSPYMN**GPS-----Y**WD**--PD**VLRGPPSGSHA**

Sl_YODA3 **MS**SP**PI**S**SPINTSGSSTPI**SGNGV**IPF-RHINQSV-YLQEA**----RT**VPN**SPYMN**GSS**-----Y**WD**--PD**VLRGPPSGSHA**

Os_YODA1 **MS**SP**PI**S**SPRRTSGTSTPLSGGGAIP**FNHLKQ**ST--YSNEGF**AI**PSRSPDDL**FAS**RPT**-----DP**DLGQF**IRVH**QVSGQ**

Hv_YODA1 **MS**SP**PI**S**SPRTLSGASTPLSGGGAIP**FNHSKQ**PT--YSNEGF**AI**ASRGPDDHFPNRPT**-----DR**NLGQF**GRVH**QVSGQ**

Sb_YODA1 **MS**SP**PI**S**SPRTMSGTSTPLSGGGAIP**FNHLRY**AT--YSEGF**GT**SRGLDDHFPNRH**K-----DP**ILGHFAQA**H**QVSGQ**

Ta_YODA1 **MS**SP**PI**S**SPRTLSGASTPLSGGGAIP**FNHSKQ**PT--YNE**DL**QSHQEAQMT**TS**PTGLQ**-----I**VTLGSL**VE**CIKSHRG**

Os_YODA2 **MS**SP**PI**S**SPRRTSGASTPLTGGGAIP**FNHAR**HLA--YNE**GF**TISRCLDELP**N**QPP**-----DP**VLRGFRVVKQPSLG**

Sb_YODA2 **MS**SP**PI**S**SPRRTSGASTPLTGGGAIP**LNHV**RQPA--YRNE**GF**TVTSR**GF**DDHIPS**RPV-----DP**VHGRF**IRV**QVSGQ**

Zm_YODA1 **MS**SP**PI**S**SPRRTSGASTPLTGGGAIP**LNHV**RQPA--YRNE**GF**TVTSR**GF**DDHIPS**RPV-----DP**VHGRF**IRV**QVSGQ**

Gm_YODA5 **LS**SP**---**SP**HTASGSSTPLTGGGAIP**FHQT**KQPM--FSHE**GIS**VIQR**P**QSYQEP**M**HDPL**-----W**GIL**-----K**STLAC**PD**I**

Gm_YODA6 **MS**SP**PI**S**SPNTASGS**S**PLTSGGAIP**FHQT**KQPL--FSHE**V**GM**I**QKSQNGAI**PT**GR**CA**VSGSSSPRTSGGGV**VP**FHQTK**KT**LLSYEV**

Sl_YODA1 **LS**SP**TI**S**SPRAVSGSSTPLSGGGAIP**LSNP**IMPTT--SS**ED**MGTS**PK**AQ**SC**FYP**-----D**AYT**SH**GLKSDM**

Consensus **\$**SP**SPi**S**SPrt.SG.STPLTGG.GAIP**f..... y..E**g.g**.....y**ng**.....d...d**f**.....s..

Fig. 1

901 990

At_YODA PPHVFDNNGSIQPGYN-WNK-----DNQPVLSDHVSQQLL--SEHLKLK-SLDRPGFSTPGSTNRGP
Vv_YODA1 FREMISSESGSFGNQFG-RPVHGDPDLCDASVLSDRVAQQLL--RDHTNLHLSLDLNPSPMLTRTNGI
Pt_YODA1 FREIISSENSNPGNQLG-WP-----ELYDGHVPLADRVSRQQLL--RDHMKLKPSLDLNPNSSIRGRTNGI
Vv_YODA2 FPE-----SDALGKQFG-RTAHV---ELYDQGSVLADRVSRQQLL--RDQVKMNPDLSPSSMLPSRNTGI
Vv_YODA3 FPE-----SDALGKQFG-RTAHV---ELYDQGSVLADRVSRQQLL--
RDQDQFIRQIVCNKDPKLLWNLDFWKKMWWKTYRRSWILVSM
Pt_YODA2 FSELVPCENDLIGKQLG-RPTQG---EPYDQGSVLADRVSRQQLL--RDHVMMKPSLDLSPNSPLPSRTGGI
Pt_YODA3 FSELVPCENDLMGKQFG-RPTQG---EPYDQGSVLAVRVSQRLL--RDHVMMKPSLDLSPNSPLPSRTGGI
Cm_YODA1 FSELVHHETDFLGKQFG-KPAW---ELYDQAVLADRVSRQQLL--SDHIT-TPSLDLSPSSLLTNRK
Gm_YODA1 TSELVPSESDVLGKQFA-RTPHN---EPYDVQSVLADRVCQRLL--CDNVKINQCLDLSPNS-LLSRANGL
Gm_YODA2 TSELVPSESDVLGKQFA-RSPHN---EPYDVQSVLADRVCQRLL--CDNVKINPSLDLSPNS-LLSRANGL
Gm_YODA3 SPELVSEENDVLVKQFA-RHPHA---EPYDFQSVLADRVRGRQQLL--GEHVKINPSIDLSPNSLLSRPNGL
Gm_YODA4 QPELVSEENDVLVNQFA-RHPHA---EPYDFQSVLADRVRGRQQLL--REHVKINPSIDLSPNSLLSRPNGL
Sl_YODA1 FRELASSQNDALGKQFG-RTTGG---ELYDQGSVLANRVSQQLL--RDHVKLVPSLDLNPCPLDGRTEGA
Sl_YODA3 FRELASVEYDALGKQFG-RLATG---ELCNGQSALANRVSQQLL--RDHVKSISPVLDLNPCCPLGGRPGGT
Os_YODA1 LQERVVSEADILSPQFG-K-RLGNVFDLRD-KLSPSERFTHHAF--VDHVKLNPDLTSGSPHLGLKHGN
Hv_YODA1 IQERIVSEANILSPQFG-K-RLGNVFDLRD-RLSPSEHFTRPAL--VDHVKPSPSLDLTTSSPHHGLKRDN
Sb_YODA1 PRERVVSEADILSPQFG-K-KLGNVFDLRE-RLSPSEHFTRHAL--VDHVDLNPDLTSGSLHPGLKRGK
Ta_YODA1 IRRG
Os_YODA2 FQERAVPEADILSPQFG-RMGHVSVWNLHD-KPLPSEHASQKGF--EDRVKLPPLDLRSGPPLGNCNHG
Sb_YODA2 RQERVVSEADILSSQFG-KMRHANVWDSHD-RPLPSERSSQCF--CDHVKLKPDLRSGPRHPGRNHG
Zm_YODA1 RQERVVSEVDLSSQYG-KMRHANVWDPHD-RPLPSERSSQCF--CNHAKLKPDLRSGPRHPGRNHG
Gm_YODA5 VS-----SNDALGNHNR-RVQGLPRDFYDGKSYLADRVSRQQLL--NDHVRKFHS
Gm_YODA6 VGMIQKSRNGAIPISSP-
HTASGSSSPLTSGGGAI PFHQTKQPLFSNEVVAMIQKSQSGAIPISSPRTSGSSSPLTSGGGAI PFHQTNQ
Sl_YODA1 SREAPPYGNFFGENFGGHAQSGVNGQPYQGQSVLANRVAQQLL--RDQVKLSPSFDLNPSPVFSWDNGV
Consensus ..e...se.d.lg.qfg...g... lyd.qsvla.rvs.qll. #hvk..psldl.p.s...r.g..

991 1080

At_YODA
Vv_YODA1
Pt_YODA1
Vv_YODA2
Vv_YODA3 VMVF
Pt_YODA2
Pt_YODA3
Cm_YODA1
Gm_YODA1
Gm_YODA2
Gm_YODA3
Gm_YODA4
Sl_YODA2
Sl_YODA3
Os_YODA1
Hv_YODA1
Sb_YODA1
Ta_YODA1
Os_YODA2
Sb_YODA2
Zm_YODA1
Gm_YODA5
Gm_YODA6
PLFSHEVVGMIQKPPNVFYNSGNTAYQGSKEQFGRNLQTTTHPCWDVVSSNDALPNHSRRAVQGDPIKFRDEKSLADCVSQQLLRDyv
Sl_YODA1
Consensus

Fig. 1

	1081	1101
At_YODA		
Vv_YODA1		
Pt_YODA1		
Vv_YODA2		
Vv_YODA3		
Pt_YODA2		
Pt_YODA3		
Cm_YODA1		
Gm_YODA1		
Gm_YODA2		
Gm_YODA3		
Gm_YODA4		
Sl_YODA2		
Sl_YODA3		
Os_YODA1		
Hv_YODA1		
Sb_YODA1		
Ta_YODA1		
Os_YODA2		
Sb_YODA2		
Zm_YODA1		
Gm_YODA5		
Gm_YODA6	RLNACLDNKLNTPNPDCINGL	
Sl_YODA1		
Consensus		

Fig. 1

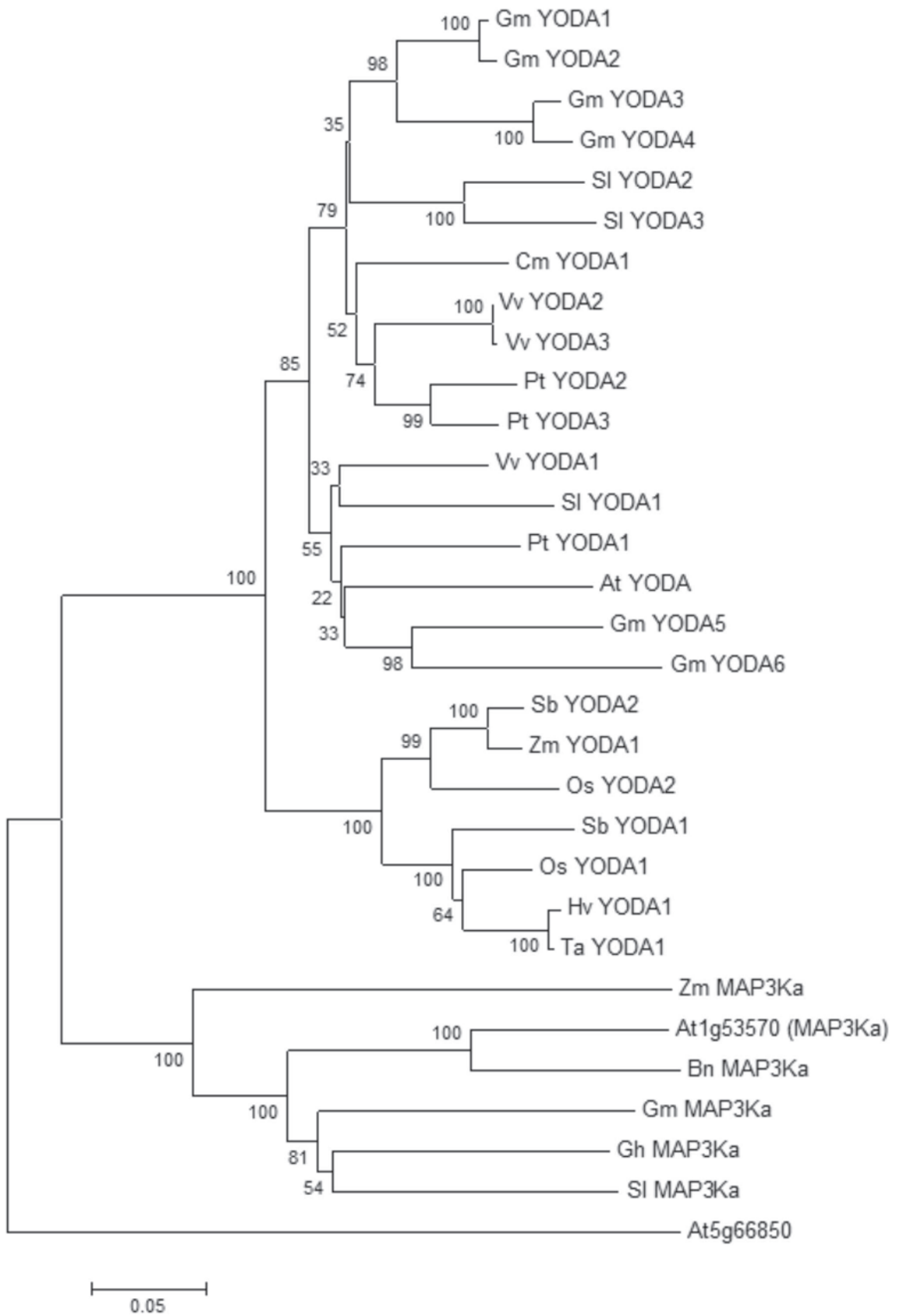


Fig. 2

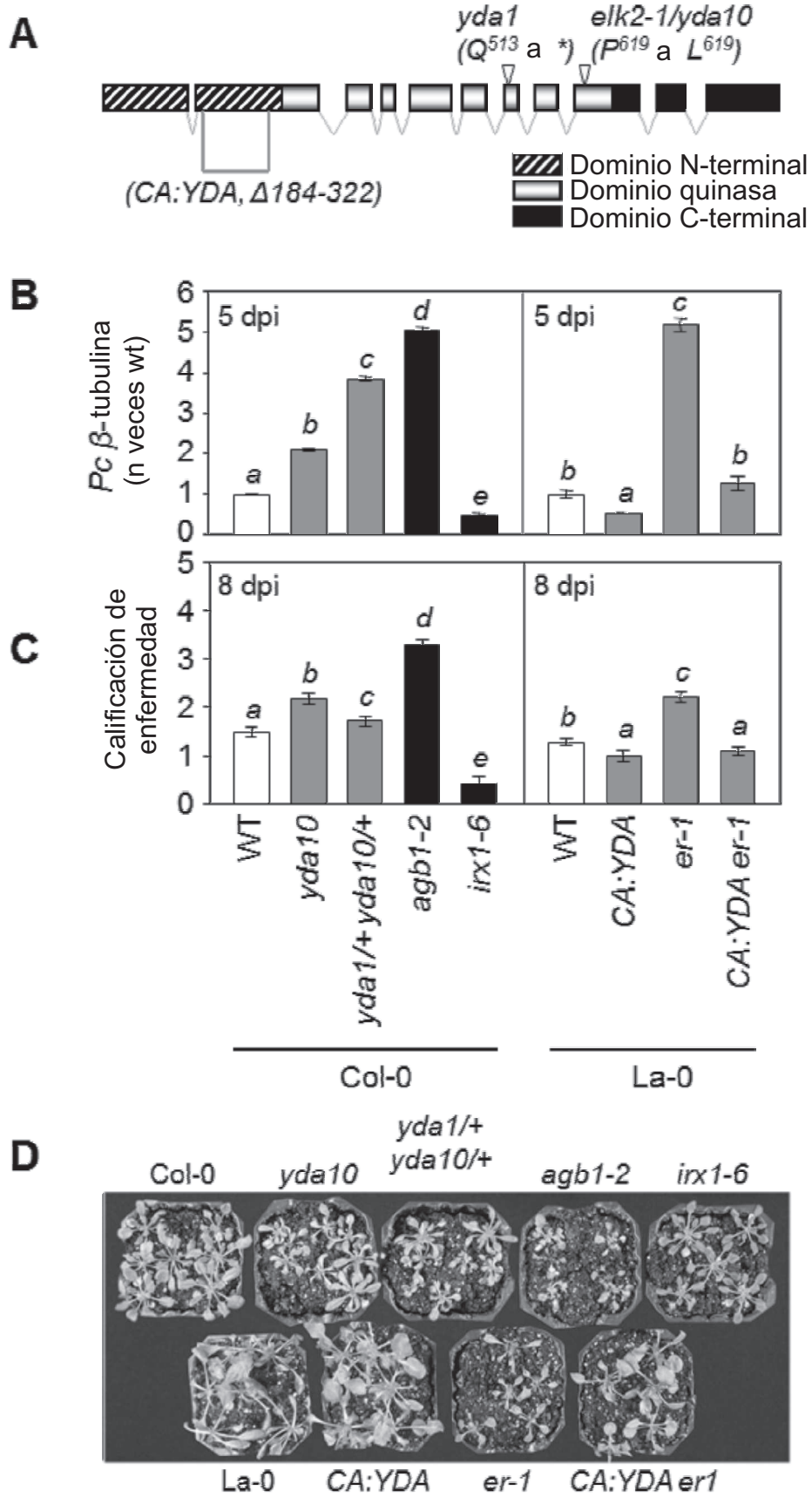


Fig. 3

A



B

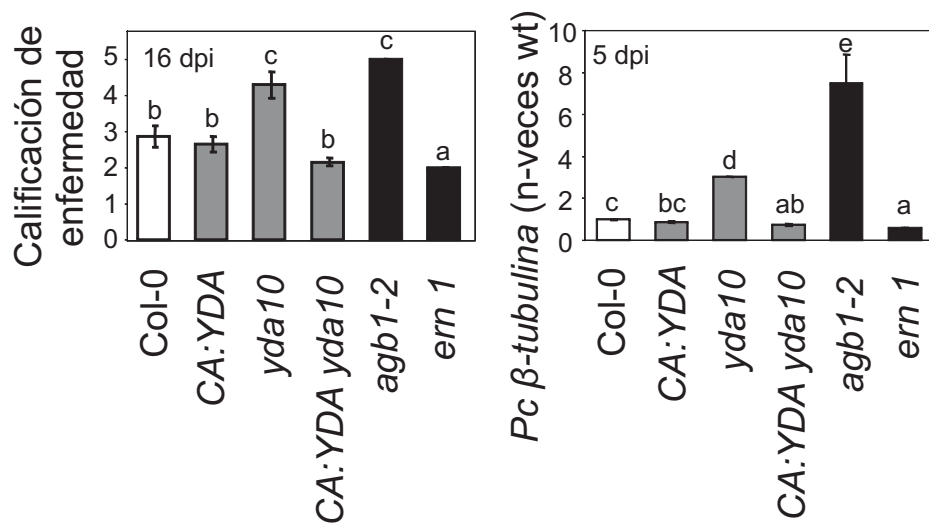


Fig. 5

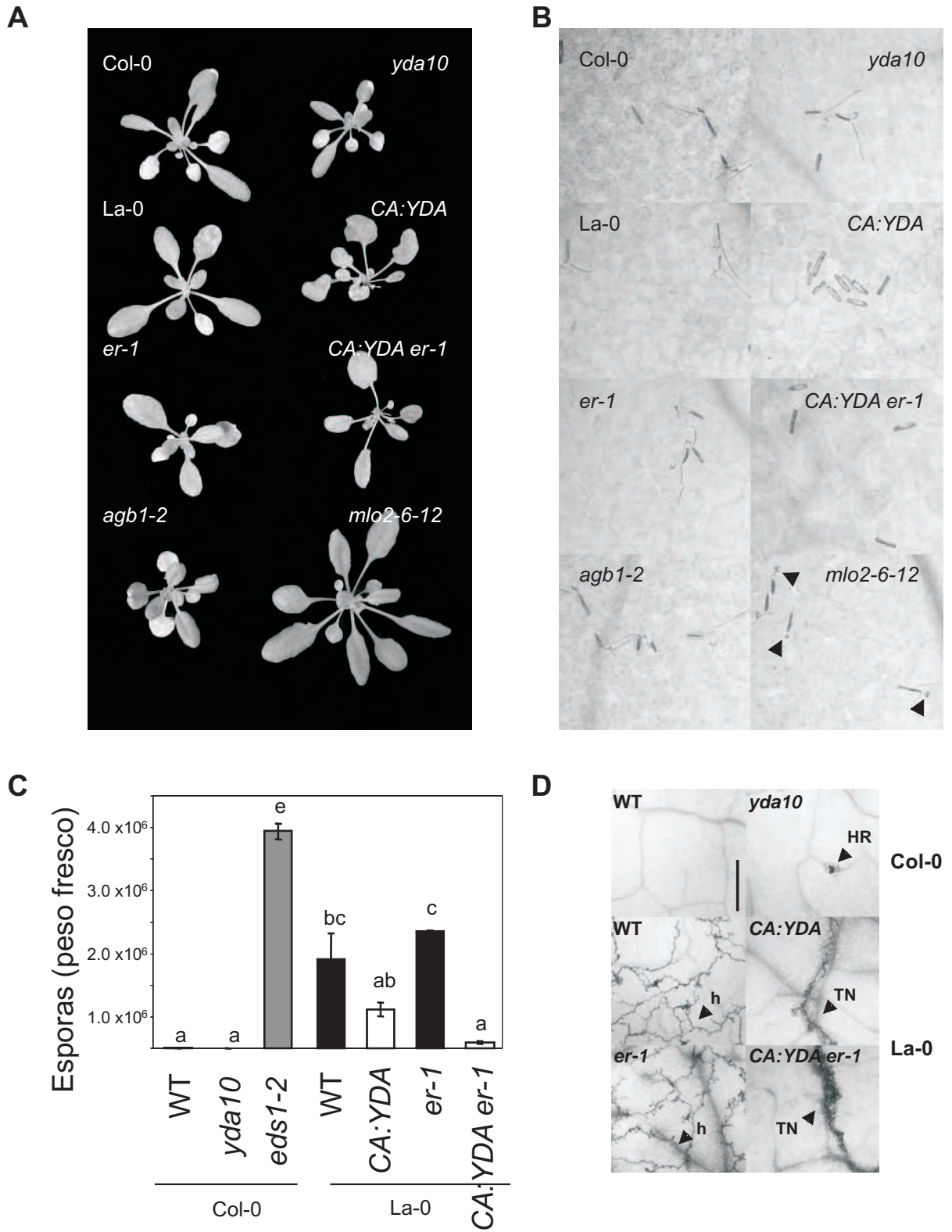


Fig. 6

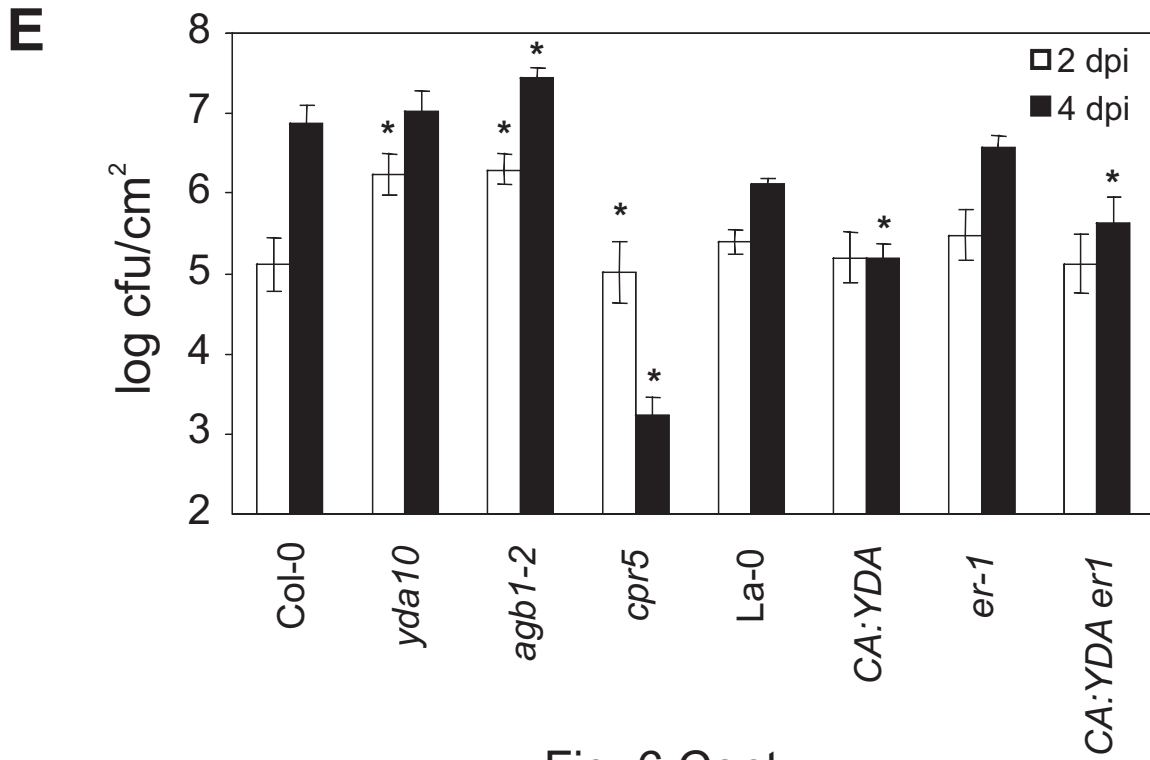


Fig. 6 Cont.

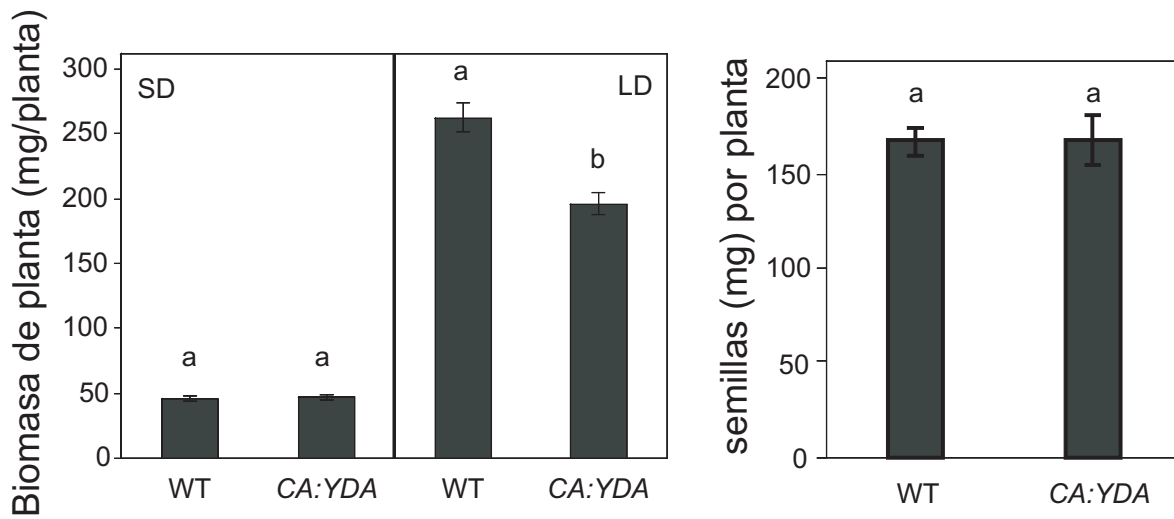
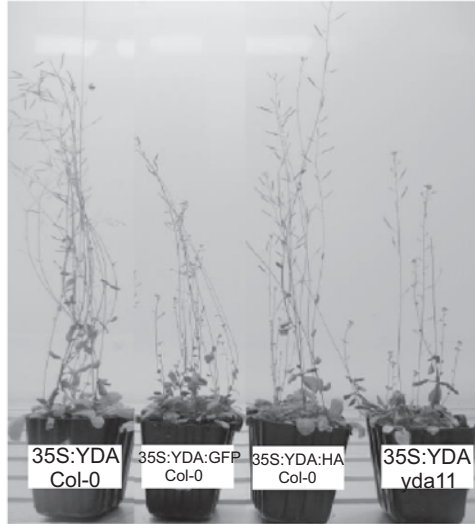
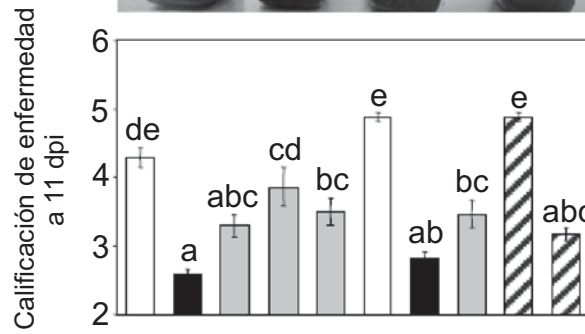


Fig. 7

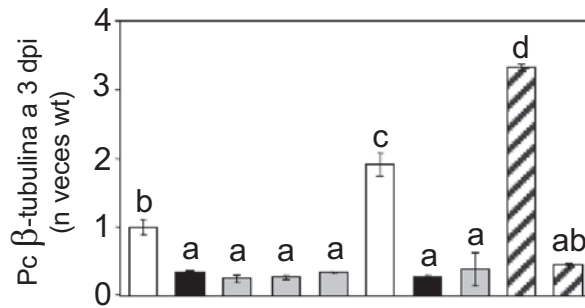
A



B



C



D

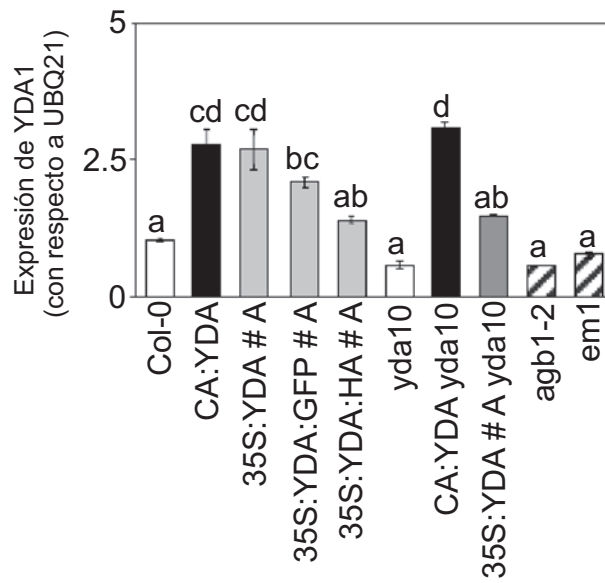


Fig. 8

ES 2 547 032 B1

Listado de secuencia

<110> Universidad Politécnica de Madrid
 <120> Method for increasing pathogen resistance in plants
 <130> YODA
 <160> 73
 <170> PatentIn version 3.5
 <210> 1
 <211> 3287
 <212> DNA
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 1
 ttactttgta atgttgaaca agagctttta aaagagtgat agtgtgagtg agtgtgcctc 60
 ttggtttggt ggaagaagat catgccttgg tggagtaaat caaaagatga aaaaaagaaa 120
 actaataagg agagtatcat tgatgcgttt aatcggaac tgggattcgc atctgaggat 180
 aggtctagtg gaagatcaag aaaatcaaga cgacgacgtg atgagattgt gtctgaaaga 240
 ggagctatat ctcgattacc atcaagatct ccctctcctt ctactcgggt ttcacgctgt 300
 cagagttttg cagaaagatc tcctgctgta cctcttcctc gtcctattgt ccgtcctcat 360
 gtaaccagta ctgattcagg aatgaatgga tcacagagac caggtttaga tgcaaatttg 420
 aagccgcatc ggttgccact tccaaagccc catggtgcta caagcatacc tgataatacc 480
 ggtgctgagc ctgattttgc cactgcttct gtgtctagtg gaagttctgt gggtgacatt 540
 ccatctgatt ctcttctcag tccattggcg tctgattgtg aaaatgggaa ccgaacacca 600
 gtaaacatat cttcgagggg tcagtcaatg catagtaaca aaaactcagc tgagatgttt 660
 aagccagtcc ctaataaaaa taggattctg tctgcatctc ctaggcggag acctctggga 720
 actcatgtga agaatctaca aatcccccaa cgagatttag tgctatgcag tgctccagat 780
 agtttgttgt ctagtccttc caggagtcca atgagatcct ttattccaga tcaagtctca 840
 aaccatgggt tgttgattag taaacatat tcagatgttt cttgcttgg atctggacag 900
 tgctcaagcc ccggttcagg ttacaactca ggtaacaatt ccattggtgg agatatggct 960
 actcagctgt tttggcctca aagcaggtgt agccctgaat gttcccctgt gcctagtcca 1020
 agaatgacaa gccctggtcc tagctctaga atacagagtg gtgctgttac acctcttcat 1080
 cctcagctg gagggtaac tactgggtct cctactagaa gacttgatga taacagacag 1140
 caaagccatc gtctgcctct cccgccgta ttaatctcta atacttgctc gttttcacc 1200
 acatattcag cagcgacatc tccgtctgtc ccccgaagtc cggcaagggc agaggctacg 1260
 gttagccctg gatcgcatg gaaaaaggg agattgctgg ggatgggaag ttttgacat 1320
 gtgtatcttg gctttaacag tgaaagtggg gagatgtgtg ccatgaaaga ggttactcta 1380
 tgctcagatg atcctaagtc aaggagagt gcacaacaat tggggcaaga aatttcagtt 1440
 ctaagccgtt tacgacacca aaatatagtg cagtattatg gctctgaaac cgctcagatgac 1500

ES 2 547 032 B1

aagctgtata tataatctgga gtatgtctcc ggtggttcga tctataaact tcttcaagag 1560
tatggacaat ttggtgagaa tgccattcgt aactatacac aacaaatfff atcagggctc 1620
gcatatttgc acgcaaaaa tactgttcat agggacatca aaggagcaaa tatattggtg 1680
gatcctcatg gacgagtaaa agttgctgat tttgggatgg caaaacatat tactgctcaa 1740
tctggtcctt tatcattcaa ggggagccca tattggatgg cacctgaggt gataaagaat 1800
tcaaatggca gtaaccttgc ggtcgacata tggagtcttg gatgtactgt tttagaaatg 1860
gctacaacga aacctccatg gagccagtat gaaggggttc ctgctatggt caagattgga 1920
aacagcaagg agcttccaga tatccctgat cttttatctg aagaggggaa ggattttgta 1980
agaaaatgcc tacaagaaa ccccgcaaat cgtcctacag ctgctcagct tttggatcat 2040
gcttttgtaa gaaatgtgat gccgatggaa aggcctattg tgagtggcga gcctgcagaa 2100
gccatgaatg tagcttcgag caccatgaga tcaactggaca ttggacatgc aaggagtctt 2160
ccgtgcttag actcgggaaga tgcaaccaat taccagcaga aaggattaaa acatggctcg 2220
ggattcagta tatcccaatc tcctaggaac atgtcatgcc cgatttcacc agtcggtagt 2280
ccaatctttc actcgcattc accacacatt agcgggaaga gatctccatc cccaatatct 2340
agtccccacg ctctctctgg ttcatcaaca cttttaactg ggtgtggtgg agccatcccg 2400
ttccatcacc aaagacaaac tacagttaac ttcttgcattg aaggcatagg atcaagcaga 2460
agcccgggaa gtggcggaaa tttctacacc aacagtttct ttcaggagcc tagtaggcag 2520
caagatcggg cgcgtagtag tccaaggact cctcctcatg tttttggga caacaacgga 2580
tcgatccagc caggctataa ttggaacaag gacaaccagc cagtcctatc tgatcatgtg 2640
tcccaacagc tcttaagtga gcatctgaaa ctgaagtccc tcgacctgag acccggtttt 2700
tcaactcccg gatcaacaaa cagaggacc taaccggttc gagtcaaatg attcgacacc 2760
aatgacagaa ccataaaacc cagtggaaaa aaacatcaaa acaagtagct gcagaaactc 2820
ctccaggatc tcggaattgc aacacagcct gaagggctcag gatcttgagg tttaggatcg 2880
gggttagggg tactgagccg cgtctcaaaa ccctgaacca ttggctaata tcatgaatga 2940
ggattcgttt ttttctctt tggaaatct gaagagctct ttgtcttctc tctctctctt 3000
tctctgagga tatatgggag tgtgagatag agagatcaac aaaaattgat tttgtgtata 3060
ggaacttctg gtggtagaac agatcatcac ctaatttctc ttttccctc ttcttccgctc 3120
tctgtctggt ctggttcggt gctgatgaag aagaagaaaa aaaagagggc aaaagcttaa 3180
atctctaaa acctaaactc tttgatgtaa tctatcttta ttgtaagaga atctcaaatt 3240
agattattaa tccactctct tctttgatta aaaaaaaaaa aaaaaaa 3287

<210> 2
<211> 882
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana
<400> 2

ES 2 547 032 B1

Met Pro Trp Trp Lys Ser Lys Asp Glu Lys Lys Lys Thr Asn Lys Glu
1 5 10 15

Ser Ile Ile Asp Ala Phe Asn Arg Lys Leu Gly Phe Ala Ser Glu Asp
20 25 30

Arg Ser Ser Gly Arg Ser Arg Lys Ser Arg Arg Arg Arg Asp Glu Ile
35 40 45

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

Pro Ser Thr Arg Val Ser Arg Cys Gln Ser Phe Ala Glu Arg Ser Pro
65 70 75 80

Ala Val Pro Leu Pro Arg Pro Ile Val Arg Pro His Val Thr Ser Thr
85 90 95

Asp Ser Gly Met Asn Gly Ser Gln Arg Pro Gly Leu Asp Ala Asn Leu
100 105 110

Lys Pro Ser Trp Leu Pro Leu Pro Lys Pro His Gly Ala Thr Ser Ile
115 120 125

Pro Asp Asn Thr Gly Ala Glu Pro Asp Phe Ala Thr Ala Ser Val Ser
130 135 140

Ser Gly Ser Ser Val Gly Asp Ile Pro Ser Asp Ser Leu Leu Ser Pro
145 150 155 160

Leu Ala Ser Asp Cys Glu Asn Gly Asn Arg Thr Pro Val Asn Ile Ser
165 170 175

Ser Arg Asp Gln Ser Met His Ser Asn Lys Asn Ser Ala Glu Met Phe
180 185 190

Lys Pro Val Pro Asn Lys Asn Arg Ile Leu Ser Ala Ser Pro Arg Arg
195 200 205

Arg Pro Leu Gly Thr His Val Lys Asn Leu Gln Ile Pro Gln Arg Asp
210 215 220

Leu Val Leu Cys Ser Ala Pro Asp Ser Leu Leu Ser Ser Pro Ser Arg
225 230 235 240

Ser Pro Met Arg Ser Phe Ile Pro Asp Gln Val Ser Asn His Gly Leu
245 250 255

Leu Ile Ser Lys Pro Tyr Ser Asp Val Ser Leu Leu Gly Ser Gly Gln
260 265 270

ES 2 547 032 B1

Cys Ser Ser₂₇₅ Pro Gly Ser Gly Tyr₂₈₀ Asn Ser Gly Asn Asn₂₈₅ Ser Ile Gly
 Gly Asp₂₉₀ Met Ala Thr Gln Leu₂₉₅ Phe Trp Pro Gln Ser₃₀₀ Arg Cys Ser Pro
 Glu₃₀₅ Cys Ser Pro Val Pro₃₁₀ Ser Pro Arg Met Thr₃₁₅ Ser Pro Gly Pro Ser₃₂₀
 Ser Arg Ile Gln Ser₃₂₅ Gly Ala Val Thr Pro₃₃₀ Leu His Pro Arg Ala₃₃₅ Gly
 Gly Ser Thr Thr₃₄₀ Gly Ser Pro Thr Arg₃₄₅ Arg Leu Asp Asp Asn₃₅₀ Arg Gln
 Gln Ser His₃₅₅ Arg Leu Pro Leu Pro₃₆₀ Pro Leu Leu Ile Ser₃₆₅ Asn Thr Cys
 Pro Phe₃₇₀ Ser Pro Thr Tyr Ser₃₇₅ Ala Ala Thr Ser Pro₃₈₀ Ser Val Pro Arg
 Ser₃₈₅ Pro Ala Arg Ala Glu₃₉₀ Ala Thr Val Ser Pro₃₉₅ Gly Ser Arg Trp Lys₄₀₀
 Lys Gly Arg Leu Leu₄₀₅ Gly Met Gly Ser Phe₄₁₀ Gly His Val Tyr Leu₄₁₅ Gly
 Phe Asn Ser Glu₄₂₀ Ser Gly Glu Met Cys₄₂₅ Ala Met Lys Glu Val₄₃₀ Thr Leu
 Cys Ser Asp₄₃₅ Asp Pro Lys Ser Arg₄₄₀ Glu Ser Ala Gln Gln₄₄₅ Leu Gly Gln
 Glu Ile Ser Val Leu Ser Arg₄₅₅ Leu Arg His Gln Asn₄₆₀ Ile Val Gln Tyr
 Tyr Gly Ser Glu Thr Val₄₇₀ Asp Asp Lys Leu Tyr₄₇₅ Ile Tyr Leu Glu Tyr₄₈₀
 Val Ser Gly Gly Ser₄₈₅ Ile Tyr Lys Leu Leu₄₉₀ Gln Glu Tyr Gly Gln Phe₄₉₅
 Gly Glu Asn Ala Ile Arg Asn Tyr Thr₅₀₅ Gln Gln Ile Leu Ser₅₁₀ Gly Leu
 Ala Tyr Leu₅₁₅ His Ala Lys Asn Thr₅₂₀ Val His Arg Asp Ile₅₂₅ Lys Gly Ala
 Asn Ile₅₃₀ Leu Val Asp Pro His₅₃₅ Gly Arg Val Lys Val₅₄₀ Ala Asp Phe Gly

ES 2 547 032 B1

Met Ala Lys His Ile Thr Ala Gln Ser Gly Pro Leu Ser Phe Lys Gly
545 550 555 560

Ser Pro Tyr Trp Met Ala Pro Glu Val Ile Lys Asn Ser Asn Gly Ser
565 570 575

Asn Leu Ala Val Asp Ile Trp Ser Leu Gly Cys Thr Val Leu Glu Met
580 585 590

Ala Thr Thr Lys Pro Pro Trp Ser Gln Tyr Glu Gly Val Pro Ala Met
595 600 605

Phe Lys Ile Gly Asn Ser Lys Glu Leu Pro Asp Ile Pro Asp His Leu
610 615 620

Ser Glu Glu Gly Lys Asp Phe Val Arg Lys Cys Leu Gln Arg Asn Pro
625 630 635 640

Ala Asn Arg Pro Thr Ala Ala Gln Leu Leu Asp His Ala Phe Val Arg
645 650 655

Asn Val Met Pro Met Glu Arg Pro Ile Val Ser Gly Glu Pro Ala Glu
660 665 670

Ala Met Asn Val Ala Ser Ser Thr Met Arg Ser Leu Asp Ile Gly His
675 680 685

Ala Arg Ser Leu Pro Cys Leu Asp Ser Glu Asp Ala Thr Asn Tyr Gln
690 695 700

Gln Lys Gly Leu Lys His Gly Ser Gly Phe Ser Ile Ser Gln Ser Pro
705 710 715 720

Arg Asn Met Ser Cys Pro Ile Ser Pro Val Gly Ser Pro Ile Phe His
725 730 735

Ser His Ser Pro His Ile Ser Gly Arg Arg Ser Pro Ser Pro Ile Ser
740 745 750

Ser Pro His Ala Leu Ser Gly Ser Ser Thr Pro Leu Thr Gly Cys Gly
755 760 765

Gly Ala Ile Pro Phe His His Gln Arg Gln Thr Thr Val Asn Phe Leu
770 775 780

His Glu Gly Ile Gly Ser Ser Arg Ser Pro Gly Ser Gly Gly Asn Phe
785 790 795 800

Tyr Thr Asn Ser Phe Phe Gln Glu Pro Ser Arg Gln Gln Asp Arg Ser
805 810 815

ES 2 547 032 B1

Arg Ser Ser Pro Arg Thr Pro Pro His Val Phe Trp Asp Asn Asn Gly
 820 825 830

Ser Ile Gln Pro Gly Tyr Asn Trp Asn Lys Asp Asn Gln Pro Val Leu
 835 840 845

Ser Asp His Val Ser Gln Gln Leu Leu Ser Glu His Leu Lys Leu Lys
 850 855 860

Ser Leu Asp Leu Arg Pro Gly Phe Ser Thr Pro Gly Ser Thr Asn Arg
 865 870 875 880

Gly Pro

<210> 3
 <211> 3293
 <212> DNA
 <213> Vitis vinifera

<400> 3
 atgccttcat ggtgggggaa atcttcatcc aaagaagtaa agaagaagga aaaccgggaa 60
 agtttcattg attcaataca ccggaattc aggactgtat ctgaagagaa gtgcaacaat 120
 agatcaggag cttcccaaag aactgtggt gacactgtct cagagaagga atctcgatcc 180
 agagcacaat caagatcacc atctccctcc acaaaagtat cacgctgtca aagttttgca 240
 gaaaggcctc atgcccaacc acttcactc cctggaccgc accttacgag tgtagtgcgt 300
 actgactctg gaatcaatgc atcaaagaaa caaggattgg ttgaaggctc caagacacag 360
 atggttttgc ccctgccaaag acctggatat gttgcaaaca ggctagatcc tacagatgct 420
 gagggggatc tagccactgc ttctgtgttt agttatagtt ccattgatag tgaagatcca 480
 tctgagtcac gccttctcag cccccaggca tctgattatg agaatggaaa cagaaccact 540
 atgaacagcc cttccagcgt aatgcacaag gatcagtctc ctgttctcac cccaaggaag 600
 ccaagagaag cattgaggcc agctaattctt ttgttaaaca atcagattca ctctacatca 660
 cctaaatggg tacctttaag cactcatgtg ccaaattttc cagttcctca gaatggcgct 720
 ttctgtagtg ctccagacag ctcgatgtca agtccttcta gaagtccaat gagattatct 780
 agccctgagc aagtcatgaa ttctagtttc tggacgggaa agccttatgc tgatatagct 840
 ttgcttgat ctggacactg ttctagtcca ggttcaggtc acaattctgg acataattca 900
 ataggaggag atatgtcagg acagctgttt tggccgcaca gcaggtgtag ccctgagtgt 960
 tctccaatac caagtcccag aatgacaagc cctgggccca gctccagaat acagagtggg 1020
 gctgtcacc ctctgcatcc acgagctgga gcagctgctg cagagtctcc taccaaccga 1080
 cctgatgatg gaaagcaaca aagccaccga ttgcccttc caccgataac aatttctaat 1140
 tcttgtcctt tttctctac atattctaca tcaacaactc cctcagtacc acgaagtcct 1200
 ggtagggcgg aaaaccaat cagccctgga tcacgctgga agaagggtcg gctcttaggg 1260

ES 2 547 032 B1

agaggcacat ttgggcatgt atatcctggg tttaatagtg aaagtgggga gatgtgtgca 1320
 atgaaggagg ttacattatt ttcagatgat gcgaagtcaa aggaaagtgc acagcagctg 1380
 ggccaagaaa tttcgctcct cagtcgctta cgtcatccaa atatagtgca atactatgga 1440
 tctgagacag tggatgacaa actctacata tatttggaa atgtatctgg tggttccata 1500
 tataaacttc ttcaagagta tggccagctt ggtgaaatag ctattcgtag ctatactcaa 1560
 caaattctgt cagggcttgc atatttgc atgtaaaaca ctgtccatag ggacatcaaa 1620
 ggagcaaata tactggtgga tcccaatggc cgtgtgaaat tggcagattt tggaaatggca 1680
 aagcatatta ctggacaatc ttgtccgtta tccttaaagg ggagccctta ctggatggca 1740
 cctgaggcca taaagaactc aatggctgt aatcctgcag tcgatttatg gagtcttggg 1800
 tgcacagttt tggagatggc tacaacaaa ccaccttggg gccagtatga aggggttgc 1860
 gctatgttta agattggtaa cagtaaagaa cttcccacaa tacctgatca tctctcagag 1920
 gagggaagg actttgtaag gcagtgcttg caacgcaacc cattgcatcg tcccacagct 1980
 gcttggctat tggagcacc ttttgttaga aatgctgctc ctctggaaag acctagtctt 2040
 agttctgagc ttgaaccacc acctgcagtt acaaatgctg tcagatccat ggccattgga 2100
 cacacaagaa atgttttaga gtctgaagga gtggctatcc atcagtctag atgttcaaaa 2160
 actggttcag gatccagtga taccataacc ccaaggaact tatcaagccc tgtttctcct 2220
 attgggagcc ctcttctgca ttcaagatca ccacaacata tgagtgggag gatgtctccc 2280
 tctcccatat ccagtcctcg caccacatct ggttcatcca cgcctctcag tgggggtagt 2340
 ggtgccatac cttttcatca tccaaagcca ataaactaca tgcatgaagg catcggaatc 2400
 atcccaagat cccagagcag tctctatgct aatggcagca gctcctacca agatccccag 2460
 cctgatcttt ttcgagggat gccacaagta tctcatgttt tccgggagat gatttcatct 2520
 gaaagtggca gttttgaaa tcagtttggg cgacctgtcc atggagacc cagggacctg 2580
 tgtgatgcac aatcagtctt gtctgatcgc gtagctcagc agcttttgag ggaccataca 2640
 aactgaccc tttctctgga cctaaatcct ggttctccta tgctcacgcg cactaatgga 2700
 atttaattca cattggttcc ctgagcagag caagtttttg ggcaaagatc agatacctct 2760
 caaaaagtgt cgaagtttgt tttgtcatca tatttatggc aaaggaacac caattgtacg 2820
 ataggaatcc aaagctgaga atctgtcgaa taaatttggg tcttttggag ctgaagtggc 2880
 agaaaagaga ttcggatgca gttcccttga taagatagat ggctttggat atccagcatt 2940
 gagcagagtt gcagtaaac gttttcacca gtgtaaagaa ctgtaaattc tatcacactt 3000
 gcaaaacaga gaaattggaa agcacatatg gctattggac tcgggttatt ttatctatct 3060
 ttacttttgg aggggttga aaactactgt acagaagaag ggtcgggaac taaattagat 3120
 tccagatttt gttgaggcgg caactgtaac ttgtaagttt gctaagcttg gtatgtttat 3180
 tttgcatcag ttcttagcag tttgatttta accctcctca tcaactgccc acctgatatt 3240
 gttgtaccta cattaatcga agaaatcgat aatttcaagt aatatttctg gat 3293

ES 2 547 032 B1

<210> 4
 <211> 901
 <212> PRT
 <213> Vitis vinifera

<400> 4

Met Pro Ser Trp Trp Gly Lys Ser Ser Ser Lys Glu Val Lys Lys Lys
 1 5 10 15

Glu Asn Arg Glu Ser Phe Ile Asp Ser Ile His Arg Lys Phe Arg Thr
 20 25 30

Val Ser Glu Glu Lys Cys Asn Asn Arg Ser Gly Ala Ser Gln Arg His
 35 40 45

Cys Gly Asp Thr Val Ser Glu Lys Glu Ser Arg Ser Arg Ala Gln Ser
 50 55 60

Arg Ser Pro Ser Pro Ser Thr Lys Val Ser Arg Cys Gln Ser Phe Ala
 65 70 75 80

Glu Arg Pro His Ala Gln Pro Leu Pro Leu Pro Gly Pro His Leu Thr
 85 90 95

Ser Val Val Arg Thr Asp Ser Gly Ile Asn Ala Ser Lys Lys Gln Gly
 100 105 110

Leu Val Glu Gly Ser Lys Thr Gln Met Val Leu Pro Leu Pro Arg Pro
 115 120 125

Gly Tyr Val Ala Asn Arg Leu Asp Pro Thr Asp Ala Glu Gly Asp Leu
 130 135 140

Ala Thr Ala Ser Val Phe Ser Tyr Ser Ser Ile Asp Ser Glu Asp Pro
 145 150 155 160

Ser Glu Ser Arg Leu Leu Ser Pro Gln Ala Ser Asp Tyr Glu Asn Gly
 165 170 175

Asn Arg Thr Thr Met Asn Ser Pro Ser Ser Val Met His Lys Asp Gln
 180 185 190

Ser Pro Val Leu Thr Pro Arg Lys Pro Arg Glu Ala Leu Arg Pro Ala
 195 200 205

Asn Leu Leu Leu Asn Asn Gln Ile His Ser Thr Ser Pro Lys Trp Val
 210 215 220

Pro Leu Ser Thr His Val Pro Asn Phe Pro Val Pro Gln Asn Gly Ala
 225 230 235 240

ES 2 547 032 B1

Phe Cys Ser Ala Pro Asp Ser Ser Met Ser Ser Pro Ser Arg Ser Pro
 245 250 255
 Met Arg Leu Phe Ser Pro Glu Gln Val Met Asn Ser Ser Phe Trp Thr
 260 265 270
 Gly Lys Pro Tyr Ala Asp Ile Ala Leu Leu Gly Ser Gly His Cys Ser
 275 280 285
 Ser Pro Gly Ser Gly His Asn Ser Gly His Asn Ser Ile Gly Gly Asp
 290 295 300
 Met Ser Gly Gln Leu Phe Trp Pro His Ser Arg Cys Ser Pro Glu Cys
 305 310 315 320
 Ser Pro Ile Pro Ser Pro Arg Met Thr Ser Pro Gly Pro Ser Ser Arg
 325 330 335
 Ile Gln Ser Gly Ala Val Thr Pro Leu His Pro Arg Ala Gly Ala Ala
 340 345 350
 Ala Ala Glu Ser Pro Thr Asn Arg Pro Asp Asp Gly Lys Gln Gln Ser
 355 360 365
 His Arg Leu Pro Leu Pro Pro Ile Thr Ile Ser Asn Ser Cys Pro Phe
 370 375 380
 Ser Pro Thr Tyr Ser Thr Ser Thr Thr Pro Ser Val Pro Arg Ser Pro
 385 390 395 400
 Gly Arg Ala Glu Asn Pro Ile Ser Pro Gly Ser Arg Trp Lys Lys Gly
 405 410 415
 Arg Leu Leu Gly Arg Gly Thr Phe Gly His Val Tyr Leu Gly Phe Asn
 420 425 430
 Ser Glu Ser Gly Glu Met Cys Ala Met Lys Glu Val Thr Leu Phe Ser
 435 440 445
 Asp Asp Ala Lys Ser Lys Glu Ser Ala Gln Gln Leu Gly Gln Glu Ile
 450 455 460
 Ser Leu Leu Ser Arg Leu Arg His Pro Asn Ile Val Gln Tyr Tyr Gly
 465 470 475 480
 Ser Glu Thr Val Asp Asp Lys Leu Tyr Ile Tyr Leu Glu Tyr Val Ser
 485 490 495
 Gly Gly Ser Ile Tyr Lys Leu Leu Gln Glu Tyr Gly Gln Leu Gly Glu
 500 505 510

ES 2 547 032 B1

Ile Ala Ile Arg Ser Tyr Thr Gln Gln Ile Leu Ser Gly Leu Ala Tyr
515 520 525

Leu His Ala Lys Asn Thr Val His Arg Asp Ile Lys Gly Ala Asn Ile
530 535 540

Leu Val Asp Pro Asn Gly Arg Val Lys Leu Ala Asp Phe Gly Met Ala
545 550 555 560

Lys His Ile Thr Gly Gln Ser Cys Pro Leu Ser Leu Lys Gly Ser Pro
565 570 575

Tyr Trp Met Ala Pro Glu Val Ile Lys Asn Ser Asn Gly Cys Asn Leu
580 585 590

Ala Val Asp Leu Trp Ser Leu Gly Cys Thr Val Leu Glu Met Ala Thr
595 600 605

Thr Lys Pro Pro Trp Ser Gln Tyr Glu Gly Val Ala Ala Met Phe Lys
610 615 620

Ile Gly Asn Ser Lys Glu Leu Pro Thr Ile Pro Asp His Leu Ser Glu
625 630 635 640

Glu Gly Lys Asp Phe Val Arg Gln Cys Leu Gln Arg Asn Pro Leu His
645 650 655

Arg Pro Thr Ala Ala Trp Leu Leu Glu His Pro Phe Val Arg Asn Ala
660 665 670

Ala Pro Leu Glu Arg Pro Ser Leu Ser Ser Glu Leu Glu Pro Pro Pro
675 680 685

Ala Val Thr Asn Ala Val Arg Ser Met Ala Ile Gly His Thr Arg Asn
690 695 700

Val Leu Glu Ser Glu Gly Val Ala Ile His Gln Ser Arg Cys Ser Lys
705 710 715 720

Thr Gly Ser Gly Ser Ser Asp Thr His Thr Pro Arg Asn Leu Ser Ser
725 730 735

Pro Val Ser Pro Ile Gly Ser Pro Leu Leu His Ser Arg Ser Pro Gln
740 745 750

His Met Ser Gly Arg Met Ser Pro Ser Pro Ile Ser Ser Pro Arg Thr
755 760 765

Thr Ser Gly Ser Ser Thr Pro Leu Ser Gly Gly Ser Gly Ala Ile Pro
770 775 780

ES 2 547 032 B1

Phe His His Pro Lys Pro Ile Asn Tyr Met His Glu Gly Ile Gly Ile
785 790 795 800

Ile Pro Arg Ser Gln Ser Ser Leu Tyr Ala Asn Gly Ser Ser Ser Tyr
805 810 815

Gln Asp Pro Gln Pro Asp Leu Phe Arg Gly Met Pro Gln Val Ser His
820 825 830

Val Phe Arg Glu Met Ile Ser Ser Glu Ser Gly Ser Phe Gly Asn Gln
835 840 845

Phe Gly Arg Pro Val His Gly Asp Pro Arg Asp Leu Cys Asp Ala Gln
850 855 860

Ser Val Leu Ser Asp Arg Val Ala Gln Gln Leu Leu Arg Asp His Thr
865 870 875 880

Asn Leu His Leu Ser Leu Asp Leu Asn Pro Gly Ser Pro Met Leu Thr
885 890 895

Arg Thr Asn Gly Ile
900

<210> 5
<211> 2679
<212> DNA
<213> Vitis vinifera

<400> 5
atgccttcat ggtggggaaa atcatcatcc aaagaagcaa agaagaaaac aaacaaggaa 60
agtttcatcg acacattaca tcgaaaattt aagattccat ctgaaggtaa ggtgagcaat 120
agatcaggag ggtctcatag acggtgcagt gatacaatat cagagaaggg atctcaatcc 180
cgagcagaat caagatcacc atcaccttcc aaactagtgt caagatgtca aagttttggt 240
gaaaggccta atgcccaacc acttcactt cctggtcggc accctgcaag tgtgggtcgt 300
actgattctg gaatcagtat atcaacaaaa caaagactgg aaaaaggctc caagtcatcc 360
tttcttctc tccaagacc cagatgcatt gggggcagac ccgacacctac agatttagat 420
ggtgattttg ttgcttcagt ttatagcgaa ggttccactg atagtgaaga tgcagctgac 480
tcacatcatc gtagtcccca ggcaactgac tatgataatg ggactagaac tgctgcaagc 540
atattttcta gtgtaatgct caaggatcag tcacctgttg ctcatgtaaa cgcaagggag 600
gcacaaaaac cagctaactt tttgtttagt aatcatattt cccctacatc acctaaacgg 660
aggcctttaa gcagccatgt accaaattta caggtcctt atcatggtgc tttcggcagt 720
gctccagaca gctcaatgct aagtccttca agaagtccat tgagagcatt tggcactgac 780
caaggtttga actctgcttt ctgggctggg aaaccttatt cagatgttac tttacttggg 840
tctggccaat gctccagtcc aggttcaggt cagaattctg ggcacaattc aatgggagga 900

ES 2 547 032 B1

gatatgtcag gacagttggt ttggcaaccc agcaggggca gcccggagta ttctcctata 960
cctagtccca gaatgacaag ccctgggtccc agctccagaa ttcatagtgg tgcagtcaca 1020
cctcttcatt ccagagctgg aggagcagcc tctgaatccc agacaagctg gccagatgag 1080
gggaaacaac aaagccaccg gttgcccctt cctcctgtag cagtttcttc ttcttcacct 1140
ttctctcatt caaattcacc agcagcatct ccctctgtcc cacgcagtcc aggaagagca 1200
gaggctccaa caagcccagg ctctcgctgg aaaaagggaa agttgctggg aagaggcaca 1260
tttgacatg tttatgttgg ctttaacagt gaaagtgggtg aaatgtgtgc aatgaaggag 1320
gtgacactat tttcagatga tgcaaagtca aaggaaagtg caaacagtt ggggcaagaa 1380
attgttctgc ttagccgctt atgccatcca aacattgtgc agtattatgg atctgaaacg 1440
gttggtgaca aactttatat atacttggag tatgtatctg gtggctccat ctataaactt 1500
cttcaagaat atggccaact tggatgaacta gcaattcgta gctataccca acaaactttg 1560
tcagggtctg cctatttga tgctaaaaat actgtccata gggatattaa aggggcaaat 1620
atactttagt acccaagtgg tcgagtcaag ttagcagatt ttggaatggc aaagcatatc 1680
actgggcagt catgtccttt atcattcaag ggaagcccat actggatggc acctgaggtt 1740
ataaggaatt caaatggttg caaccttgct gtggatattt ggagtctagg gtgcacagtt 1800
ttggaaatgg ccacaacaaa accaccctgg agtcagtttg aaggggttgc tgcaatgttc 1860
aagattggga atagtaagga cctcccagca attcctgatc acctttcaga tgaaggtaag 1920
gattttgtaa ggcagtgctt gcaacgaaat cactacatc gtccaacagc tgctcagctc 1980
ttggagcatc ctttcgtgaa aatgctgca cctctggaaa gacctatttt gtcccctgaa 2040
acttcagatc cacctcctgg agttaccaat ggagtgaaat ctctgggaat cggacatgct 2100
aaaaatcttt catccttggg ttcagaaaga cttgcagttc attcgtttag agttttaaaa 2160
actggttccc attcaagtga tcctcatatt gcgaggaata tatcatgtcc tgtctctcct 2220
attgggagcc ctcttttga ttcaagggtca cctcaacacc tgaatggaag aatgtctcct 2280
tctcctatat ccagtcctcg taccacttct ggcccatcca cgcttttgac aggtggcagt 2340
ggtgccattc catttctca tctaaaacca tcagtttacc tgcaagaggg atttggaaac 2400
gtttctaagc ccctaaacaa tccctattcc aacggcccct cctatcatga tccaaatgcc 2460
gacatctttc gagggatgca gctaggggtct cacatattcc cagaaagtga tgctcttggg 2520
aagcagtttg ggaggactgc tcatgtagaa ttgtatgatg ggcagtcagt cttagctgat 2580
cgcgtctctc ggcagctctt aagggatcaa gtgaagatga atccatctct ggatcttagt 2640
ccctcctcta tgttgcccag ccggaacact ggaatctaa 2679

<210> 6
<211> 892
<212> PRT
<213> Vitis vinifera
<400> 6

ES 2 547 032 B1

Met Pro Ser Trp Trp Gly Lys Ser Ser Ser Lys Glu Ala Lys Lys Lys
1 5 10 15

Thr Asn Lys Glu Ser Phe Ile Asp Thr Leu His Arg Lys Phe Lys Ile
20 25 30

Pro Ser Glu Gly Lys Val Ser Asn Arg Ser Gly Gly Ser His Arg Arg
35 40 45

Cys Ser Asp Thr Ile Ser Glu Lys Gly Ser Gln Ser Arg Ala Glu Ser
50 55 60

Arg Ser Pro Ser Pro Ser Lys Leu Val Ser Arg Cys Gln Ser Phe Val
65 70 75 80

Glu Arg Pro Asn Ala Gln Pro Leu Pro Leu Pro Gly Arg His Pro Ala
85 90 95

Ser Val Gly Arg Thr Asp Ser Gly Ile Ser Ile Ser Thr Lys Gln Arg
100 105 110

Leu Glu Lys Gly Ser Lys Ser Ser Phe Leu Pro Leu Pro Arg Pro Arg
115 120 125

Cys Ile Gly Gly Arg Pro Asp Pro Thr Asp Leu Asp Gly Asp Phe Val
130 135 140

Ala Ser Val Tyr Ser Glu Gly Ser Thr Asp Ser Glu Asp Ala Ala Asp
145 150 155 160

Ser His His Arg Ser Pro Gln Ala Thr Asp Tyr Asp Asn Gly Thr Arg
165 170 175

Thr Ala Ala Ser Ile Phe Ser Ser Val Met Leu Lys Asp Gln Ser Pro
180 185 190

Val Ala His Val Asn Ala Arg Glu Ala Gln Lys Pro Ala Asn Leu Leu
195 200 205

Phe Ser Asn His Ile Ser Pro Thr Ser Pro Lys Arg Arg Pro Leu Ser
210 215 220

Ser His Val Pro Asn Leu Gln Val Pro Tyr His Gly Ala Phe Gly Ser
225 230 235 240

Ala Pro Asp Ser Ser Met Ser Ser Pro Ser Arg Ser Pro Leu Arg Ala
245 250 255

Phe Gly Thr Asp Gln Gly Leu Asn Ser Ala Phe Trp Ala Gly Lys Pro
260 265 270

ES 2 547 032 B1

Tyr Ser Asp Val Thr Leu Leu Gly Ser Gly Gln Cys Ser Ser Pro Gly
 275 280 285
 Ser Gly Gln Asn Ser Gly His Asn Ser Met Gly Gly Asp Met Ser Gly
 290 295 300
 Gln Leu Phe Trp Gln Pro Ser Arg Gly Ser Pro Glu Tyr Ser Pro Ile
 305 310 315 320
 Pro Ser Pro Arg Met Thr Ser Pro Gly Pro Ser Ser Arg Ile His Ser
 325 330 335
 Gly Ala Val Thr Pro Leu His Pro Arg Ala Gly Gly Ala Ala Ser Glu
 340 345 350
 Ser Gln Thr Ser Trp Pro Asp Glu Gly Lys Gln Gln Ser His Arg Leu
 355 360 365
 Pro Leu Pro Pro Val Ala Val Ser Ser Ser Ser Pro Phe Ser His Ser
 370 375 380
 Asn Ser Pro Ala Ala Ser Pro Ser Val Pro Arg Ser Pro Gly Arg Ala
 385 390 395 400
 Glu Ala Pro Thr Ser Pro Gly Ser Arg Trp Lys Lys Gly Lys Leu Leu
 405 410 415
 Gly Arg Gly Thr Phe Gly His Val Tyr Val Gly Phe Asn Ser Glu Ser
 420 425 430 435
 Gly Glu Met Cys Ala Met Lys Glu Val Thr Leu Phe Ser Asp Asp Ala
 435 440 445
 Lys Ser Lys Glu Ser Ala Lys Gln Leu Gly Gln Glu Ile Val Leu Leu
 450 455 460
 Ser Arg Leu Cys His Pro Asn Ile Val Gln Tyr Tyr Gly Ser Glu Thr
 465 470 475 480
 Val Gly Asp Lys Leu Tyr Ile Tyr Leu Glu Tyr Val Ser Gly Gly Ser
 485 490 495
 Ile Tyr Lys Leu Leu Gln Glu Tyr Gly Gln Leu Gly Glu Leu Ala Ile
 500 505 510
 Arg Ser Tyr Thr Gln Gln Ile Leu Ser Gly Leu Ala Tyr Leu His Ala
 515 520 525
 Lys Asn Thr Val His Arg Asp Ile Lys Gly Ala Asn Ile Leu Val Asp
 530 535 540

ES 2 547 032 B1

Pro Ser Gly Arg Val Lys Leu Ala Asp Phe Gly Met Ala Lys His Ile
 545 550 555 560

Thr Gly Gln Ser Cys Pro Leu Ser Phe Lys Gly Ser Pro Tyr Trp Met
 565 570 575

Ala Pro Glu Val Ile Arg Asn Ser Asn Gly Cys Asn Leu Ala Val Asp
 580 585 590

Ile Trp Ser Leu Gly Cys Thr Val Leu Glu Met Ala Thr Thr Lys Pro
 595 600 605

Pro Trp Ser Gln Phe Glu Gly Val Ala Ala Met Phe Lys Ile Gly Asn
 610 615 620

Ser Lys Asp Leu Pro Ala Ile Pro Asp His Leu Ser Asp Glu Gly Lys
 625 630 635 640

Asp Phe Val Arg Gln Cys Leu Gln Arg Asn Pro Leu His Arg Pro Thr
 645 650 655

Ala Ala Gln Leu Leu Glu His Pro Phe Val Lys Asn Ala Ala Pro Leu
 660 665 670

Glu Arg Pro Ile Leu Ser Pro Glu Thr Ser Asp Pro Pro Pro Gly Val
 675 680 685

Thr Asn Gly Val Lys Ser Leu Gly Ile Gly His Ala Lys Asn Leu Ser
 690 695 700

Ser Leu Asp Ser Glu Arg Leu Ala Val His Ser Phe Arg Val Leu Lys
 705 710 715 720

Thr Gly Ser His Ser Ser Asp Pro His Ile Ala Arg Asn Ile Ser Cys
 725 730 735

Pro Val Ser Pro Ile Gly Ser Pro Leu Leu His Ser Arg Ser Pro Gln
 740 745 750

His Leu Asn Gly Arg Met Ser Pro Ser Pro Ile Ser Ser Pro Arg Thr
 755 760 765

Thr Ser Gly Pro Ser Thr Pro Leu Thr Gly Gly Ser Gly Ala Ile Pro
 770 775 780

Phe Pro His Leu Lys Pro Ser Val Tyr Leu Gln Glu Gly Phe Gly Asn
 785 790 795 800

Val Ser Lys Pro Leu Asn Asn Pro Tyr Ser Asn Gly Pro Ser Tyr His
 805 810 815

ES 2 547 032 B1

Asp Pro Asn Ala Asp Ile Phe Arg Gly Met Gln Leu Gly Ser His Ile
 820 825 830

Phe Pro Glu Ser Asp Ala Leu Gly Lys Gln Phe Gly Arg Thr Ala His
 835 840 845

Val Glu Leu Tyr Asp Gly Gln Ser Val Leu Ala Asp Arg Val Ser Arg
 850 855 860

Gln Leu Leu Arg Asp Gln Val Lys Met Asn Pro Ser Leu Asp Leu Ser
 865 870 875 880

Pro Ser Ser Met Leu Pro Ser Arg Asn Thr Gly Ile
 885 890

<210> 7
 <211> 1000
 <212> DNA
 <213> Vitis vinifera

<400> 7
 atgccttcat ggtggggaaa atcatcatcc aaagaagcaa agaagaaaac aaacaaggaa 60
 agtttcatcg acacattaca tcgaaaattt aagattccat ctgaaggtaa ggtgagcaat 120
 agatcaggag ggtctcatag acggtgcagt gatacaatat cagagaaggg atctcaatcc 180
 cgagcagaat caagatcacc atcaccttcc aaactagtgt caagatgtca aagttttggt 240
 gaaaggccta atgcccaacc acttcactt cctggtcggc accctgcaag tgtgggtcgt 300
 actgattctg gaatcagtat atcaacaaaa caaagactgg aaaaaggctc caagtcatcc 360
 tttcttctc tccaagacc cagatgcatt gggggcagac ccgacacctac agatttagat 420
 ggtgattttg ttgcttcagt ttatagcgaa ggttccactg atagtgaaga tgcagctgac 480
 tcacatcatc gtagtcccca ggcaactgac tatgataatg ggactagaac tgctgcaagc 540
 atattttcta gtgtaatgct caaggatcag tcacctgttg ctcatgtaaa cgcaagggag 600
 gcacaaaaac cagctaactt tttgtttagt aatcatatct cccctacatc acctaaacgg 660
 aggcctttaa gcagccatgt accaaattta caggtcctt atcatggtgc tttcggcagt 720
 gctccagaca gctcaatgtc aagtccttca agaagtccat tgagagcatt tggcactgac 780
 caaggtttga actctgcttt ctgggctggg aaaccttatt cagatgttac tttacttgga 840
 tctggccaat gctccagtcc aggttcaggt cagaattctg ggcacaattc aatgggagga 900
 gatatgtcag gacagttggt ttggcaacct agcaggggca gcccgagta ttctcctata 960
 cctagtccca gaatgacaag ccctggtccc agctccagaa 1000

<210> 8
 <211> 919
 <212> PRT
 <213> Vitis vinifera

<400> 8

ES 2 547 032 B1

Met Pro Ser Trp Trp Gly Lys Ser Ser Ser Lys Glu Ala Lys Lys Lys
1 5 10 15

Thr Asn Lys Glu Ser Phe Ile Asp Thr Leu His Arg Lys Phe Lys Ile
20 25 30

Pro Ser Glu Gly Lys Val Ser Asn Arg Ser Gly Gly Ser His Arg Arg
35 40 45

Cys Ser Asp Thr Ile Ser Glu Lys Gly Ser Gln Ser Arg Ala Glu Ser
50 55 60

Arg Ser Pro Ser Pro Ser Lys Leu Val Ser Arg Cys Gln Ser Phe Val
65 70 75 80

Glu Arg Pro Asn Ala Gln Pro Leu Pro Leu Pro Gly Arg His Pro Ala
85 90 95

Ser Val Gly Arg Thr Asp Ser Gly Ile Ser Ile Ser Thr Lys Gln Arg
100 105 110

Leu Glu Lys Gly Ser Lys Ser Ser Phe Leu Pro Leu Pro Arg Pro Arg
115 120 125

Cys Ile Gly Gly Arg Pro Asp Pro Thr Asp Leu Asp Gly Asp Phe Val
130 135 140

Ala Ser Val Tyr Ser Glu Gly Ser Thr Asp Ser Glu Asp Ala Ala Asp
145 150 155 160

Ser His His Arg Ser Pro Gln Ala Thr Asp Tyr Asp Asn Gly Thr Arg
165 170 175

Thr Ala Ala Ser Ile Phe Ser Ser Val Met Leu Lys Asp Gln Ser Pro
180 185 190

Val Ala His Val Asn Ala Arg Glu Ala Gln Lys Pro Ala Asn Leu Leu
195 200 205

Phe Ser Asn His Ile Ser Pro Thr Ser Pro Lys Arg Arg Pro Leu Ser
210 215 220

Ser His Val Pro Asn Leu Gln Val Pro Tyr His Gly Ala Phe Gly Ser
225 230 235 240

Ala Pro Asp Ser Ser Met Ser Ser Pro Ser Arg Ser Pro Leu Arg Ala
245 250 255

Phe Gly Thr Asp Gln Gly Leu Asn Ser Ala Phe Trp Ala Gly Lys Pro
260 265 270

ES 2 547 032 B1

Tyr Ser Asp Val Thr Leu Leu Gly Ser Gly Gln Cys Ser Ser Pro Gly
 275 280 285
 Ser Gly Gln Asn Ser Gly His Asn Ser Met Gly Gly Asp Met Ser Gly
 290 295 300
 Gln Leu Phe Trp Gln Pro Ser Arg Gly Ser Pro Glu Tyr Ser Pro Ile
 305 310 315 320
 Pro Ser Pro Arg Met Thr Ser Pro Gly Pro Ser Ser Arg Ile His Ser
 325 330 335
 Gly Ala Val Thr Pro Leu His Pro Arg Ala Gly Gly Ala Ala Ser Glu
 340 345 350
 Ser Gln Thr Ser Trp Pro Asp Glu Gly Lys Gln Gln Ser His Arg Leu
 355 360 365
 Pro Leu Pro Pro Val Ala Val Ser Ser Ser Ser Pro Phe Ser His Ser
 370 375 380
 Asn Ser Pro Ala Ala Ser Pro Ser Val Pro Arg Ser Pro Gly Arg Ala
 385 390 395 400
 Glu Ala Pro Thr Ser Pro Gly Ser Arg Trp Lys Lys Gly Lys Leu Leu
 405 410 415
 Gly Arg Gly Thr Phe Gly His Val Tyr Val Gly Phe Asn Ser Glu Ser
 420 425 430 435
 Gly Glu Met Cys Ala Met Lys Glu Val Thr Leu Phe Ser Asp Asp Ala
 435 440 445
 Lys Ser Lys Glu Ser Ala Lys Gln Leu Gly Gln Glu Ile Val Leu Leu
 450 455 460
 Ser Arg Leu Cys His Pro Asn Ile Val Gln Tyr Tyr Gly Ser Glu Thr
 465 470 475 480
 Val Gly Asp Lys Leu Tyr Ile Tyr Leu Glu Tyr Val Ser Gly Gly Ser
 485 490 495
 Ile Tyr Lys Leu Leu Gln Glu Tyr Gly Gln Leu Gly Glu Leu Ala Ile
 500 505 510
 Arg Ser Tyr Thr Gln Gln Ile Leu Ser Gly Leu Ala Tyr Leu His Ala
 515 520 525
 Lys Asn Thr Val His Arg Asp Ile Lys Gly Ala Asn Ile Leu Val Asp
 530 535 540

ES 2 547 032 B1

Pro Ser Gly Arg Val Lys Leu Ala Asp Phe Gly Met Ala Lys His Ile
 545 550 555 560

Thr Gly Gln Ser Cys Pro Leu Ser Phe Lys Gly Ser Pro Tyr Trp Met
 565 570 575

Ala Pro Glu Leu Phe Ala Gln Val Ile Arg Asn Ser Asn Gly Cys Asn
 580 585 590

Leu Ala Val Asp Ile Trp Ser Leu Gly Cys Thr Val Leu Glu Met Ala
 595 600 605

Thr Thr Lys Pro Pro Trp Ser Gln Phe Glu Gly Val Ala Ala Met Phe
 610 615 620

Lys Ile Gly Asn Ser Lys Asp Leu Pro Ala Ile Pro Asp His Leu Ser
 625 630 635 640

Asp Glu Gly Lys Asp Phe Val Arg Gln Cys Leu Gln Arg Asn Pro Leu
 645 650 655

His Arg Pro Thr Ala Ala Gln Leu Leu Glu His Pro Phe Val Lys Asn
 660 665 670

Ala Ala Pro Leu Glu Arg Pro Ile Leu Ser Pro Glu Thr Ser Asp Pro
 675 680 685

Pro Pro Gly Val Thr Asn Gly Val Lys Ser Leu Gly Ile Gly His Ala
 690 695 700

Lys Asn Leu Ser Ser Leu Asp Ser Glu Arg Leu Ala Val His Ser Phe
 705 710 715 720

Arg Val Leu Lys Thr Gly Ser His Ser Ser Asp Pro His Ile Ala Arg
 725 730 735

Asn Ile Ser Cys Pro Val Ser Pro Ile Gly Ser Pro Leu Leu His Ser
 740 745 750

Arg Ser Pro Gln His Leu Asn Gly Arg Met Ser Pro Ser Pro Ile Ser
 755 760 765

Ser Pro Arg Thr Thr Ser Gly Pro Ser Thr Pro Leu Thr Gly Gly Ser
 770 775 780

Gly Ala Ile Pro Phe Pro His Leu Lys Pro Ser Val Tyr Leu Gln Glu
 785 790 800

Gly Phe Gly Asn Val Ser Lys Pro Leu Asn Asn Pro Tyr Ser Asn Gly
 805 810 815

ES 2 547 032 B1

Pro Ser Tyr His Asp Pro Asn Ala Asp Ile Phe Arg Gly Met Gln Leu
 820 825 830

Gly Ser His Ile Phe Pro Glu Ser Asp Ala Leu Gly Lys Gln Phe Gly
 835 840 845

Arg Thr Ala His Val Glu Leu Tyr Asp Gly Gln Ser Val Leu Ala Asp
 850 855 860

Arg Val Ser Arg Gln Leu Leu Arg Asp Gln Asp Gln Phe Ile Arg Gln
 865 870 875 880

Ile Val Cys Asn Lys Asp Pro Lys Leu Lys Leu Trp Asn Lys Leu Asp
 885 890 895

Phe Trp Lys Lys Met Trp Trp Lys Thr Tyr Arg Arg Ser Trp Ile Leu
 900 905 910

Val Ser Met Val Met Val Phe
 915

<210> 9
 <211> 2703
 <212> DNA
 <213> Populus trichocarpa

<400> 9
 atgcggtcat ggtgggggaa gtcttcatcc aaagaggaaa agaagaaagc aaacaaggaa 60
 agtttcattg atacaataaa taggaaattt aagattacat caaaggaaaa gagcaacaat 120
 agatcaggag gatctcggag atgttgtaaa gatactcttt cagaaagggt ttctttgtcc 180
 cgcgttccat caagatcacc atctccctcc acacacgtat cacgttgtca aagttttgct 240
 gaaaggcctc aggctcaacc acttccactt ccacttccag ggggtgcctca tactaaaatt 300
 gggcgctgtg attctggaat tagtgcttca gtgaaaccag gattggatgg agggggcaaa 360
 ccattgcatc ttttgcccct accgagacca ggacatgtcc ttaatagact ggaccaagca 420
 gatacagcag gggatttagc cactgcctct gtgtccagtg atagctccat agatagtgat 480
 gatctgcctg actcgcgtgt ccttagccct ctacgctcg actatgaaaa tgggaacaga 540
 actgctgtga acagccctcc aagcgtgatg cgacaggatc aatcccctat cataaataga 600
 aagaactcaa gagaaactct gaaacatgct aatttacctg caaataatca gaccttgtct 660
 acaccaccaa aacgggcaat ttttagctct caagtcaaaa atttacagat tcctcatcga 720
 gtagcattct ttagtgctcc agacagctca atgtcaagtc cttctagaag cccaatgaga 780
 gcatttggca ctgagcaagt tatcaacaat ggtttctggg caggaaaaac ttactcagat 840
 attggtttac taggatctgg acagtgtca agtccaggtt caggctataa ttctgggcag 900
 aactcaatag gtggagatat gtcaggacag cttctttggc caaacagtag atgcagccct 960
 gagtgttctc cttacctag cccagagtg attagcccag gtcccagctc cagaatacac 1020

ES 2 547 032 B1

agtggtgctg tcactcctct gcaccacga gctgctgggg ttaccataga gtcgcctaca 1080
 agccggccag atgatggaaa gcaacaaagt caccgcttgc cccttcacc gataacaatc 1140
 tccaacacc atcccttttc tcctacctat tctgcctcaa catctccttc agtgcctcga 1200
 agtcctagta ggatggagaa cccaacaagt tctggtacac gctggcagaa gggtcgtatg 1260
 ctggggagag gcagttttgg agatgtatat ctcgggttta acagagaaag aggtgagatg 1320
 tgtgcaatga aggaggtaac tctattttca gatgatgcaa aatcaaagga aagcgcacag 1380
 cagctgggac aggaaattgg gcttctgagt cgcttacgtc atcctaatat agtgcagtac 1440
 tatggatctg aaacggtgga tgacaaatta tatatatact tggagtatgt gtctggtggc 1500
 tccatctata aactgcttca agaatatggc caatttggtg aaatagctat tcgtagctat 1560
 actcaacaaa tcctgcgtgg gcttgcttat ttgcatgcta aaaaaactgt ccacagagac 1620
 attaaagggg ctaatattct ggtggatccc acgggtcgtg ttaaactggc agattttggg 1680
 atggcaaagc atatatctgg gcagtcctgt ccattatcat tcaaaggaag cccttactgg 1740
 atggcacctg aggtgataaa aaattcaaat ggttgtaatc ttgctgttga tatatggagc 1800
 ctggggtgca ctgttttggg gatggcaaca acaaaaccac cttggagcca atatgaaggg 1860
 gttcctgcta tgtttaagat tggaaatagc aaggaacttc cagagattcc tgataatctg 1920
 tcagatgatg gaaaggactt tgtgaggcag tgtttgcaac ggaacctatc acatcgcctt 1980
 acagctgctc aacttttggg gcaccctttt gtgaaaaatg ttgctccgat ggagaggccg 2040
 tttttgtccc cagagctttc agaagaactg cctgcaatta tgaattcagg aagatcaatg 2100
 ggaattggac ctgcaagaaa tgtttcaggc tttgactcag aagggatttc tatgcatcaa 2160
 tctagagcca caaaaattgg ttcagggatc agtgatgccc atatgaagaa ctcatcatgc 2220
 ccagtgtctc ctatcgggag ccctcatcta tattcaagat ccccgctgaa tttgagtgga 2280
 aggatgtctc catctcctat atctagccct catactgcat ctggttcatc cagcctctc 2340
 actggtgggtt gtggtgccat cccatttcat catgcaaagc agcacataat gtacttgcaa 2400
 gaaagcaagg gaatggtccc tgggtcccaa agtagtttct atccaataa caacaacctt 2460
 tatcaggaac caaagcctga cctatttcga ggtatgtcac aagcctcttg tgttttccgg 2520
 gaaataattt catcagaaaa cagcaatcct ggaaatcagt tgggatggcc tgaactctat 2580
 gatgggcacc ctgttttagc tgatcgtgtg tcccagcagc tcttaagga tcatatgaaa 2640
 ttgaagccat ccctggacct gaatccaac tcgtcaattc gtggccgtac caatggaatc 2700
 taa 2703

<210> 10
 <211> 900
 <212> PRT
 <213> Populus trichocarpa

<400> 10

Met Arg Ser Trp Trp Gly Lys Ser Ser Ser Lys Glu Glu Lys Lys Lys
 1 5 10 15

ES 2 547 032 B1

Ala Asn Lys Glu Ser Phe Ile Asp Thr Ile Asn Arg Lys Phe Lys Ile
20 25 30

Thr Ser Lys Glu Lys Ser Asn Asn Arg Ser Gly Gly Ser Arg Arg Cys
35 40 45

Cys Lys Asp Thr Leu Ser Glu Arg Val Ser Leu Ser Arg Val Pro Ser
50 55 60

Arg Ser Pro Ser Pro Ser Thr His Val Ser Arg Cys Gln Ser Phe Ala
65 70 75 80

Glu Arg Pro Gln Ala Gln Pro Leu Pro Leu Pro Leu Pro Gly Val Pro
85 90 95

His Thr Lys Ile Gly Arg Cys Asp Ser Gly Ile Ser Ala Ser Val Lys
100 105 110

Pro Gly Leu Asp Gly Gly Gly Lys Pro Leu His Leu Leu Pro Leu Pro
115 120 125

Arg Pro Gly His Val Leu Asn Arg Leu Asp Gln Ala Asp Thr Ala Gly
130 135 140

Asp Leu Ala Thr Ala Ser Val Ser Ser Asp Ser Ser Ile Asp Ser Asp
145 150 155 160

Asp Leu Pro Asp Ser Arg Val Leu Ser Pro Leu Thr Ser Asp Tyr Glu
165 170 175

Asn Gly Asn Arg Thr Ala Val Asn Ser Pro Pro Ser Val Met Arg Gln
180 185 190

Asp Gln Ser Pro Ile Ile Asn Arg Lys Asn Ser Arg Glu Thr Leu Lys
195 200 205

His Ala Asn Leu Pro Ala Asn Asn Gln Thr Leu Ser Thr Pro Pro Lys
210 215 220

Arg Ala Ile Phe Ser Ser Gln Val Gln Asn Leu Gln Ile Pro His Arg
225 230 235 240

Val Ala Phe Phe Ser Ala Pro Asp Ser Ser Met Ser Ser Pro Ser Arg
245 250 255

Ser Pro Met Arg Ala Phe Gly Thr Glu Gln Val Ile Asn Asn Gly Phe
260 265 270

Trp Ala Gly Lys Thr Tyr Ser Asp Ile Gly Leu Leu Gly Ser Gly Gln
275 280 285

ES 2 547 032 B1

Cys Ser Ser Pro Gly Ser Gly Tyr Asn Ser Gly Gln Asn Ser Ile Gly
 290 295 300

Gly Asp Met Ser Gly Gln Leu Leu Trp Pro Asn Ser Arg Cys Ser Pro
 305 310 315 320

Glu Cys Ser Pro Leu Pro Ser Pro Arg Val Ile Ser Pro Gly Pro Ser
 325 330 335

Ser Arg Ile His Ser Gly Ala Val Thr Pro Leu His Pro Arg Ala Ala
 340 345 350

Gly Val Thr Ile Glu Ser Pro Thr Ser Arg Pro Asp Asp Gly Lys Gln
 355 360 365

Gln Ser His Arg Leu Pro Leu Pro Pro Ile Thr Ile Ser Asn Thr His
 370 375 380

Pro Phe Ser Pro Thr Tyr Ser Ala Ser Thr Ser Pro Ser Val Pro Arg
 385 390 395 400

Ser Pro Ser Arg Met Glu Asn Pro Thr Ser Ser Gly Thr Arg Trp Gln
 405 410 415

Lys Gly Arg Met Leu Gly Arg Gly Ser Phe Gly Asp Val Tyr Leu Gly
 420 425 430

Phe Asn Arg Glu Arg Gly Glu Met Cys Ala Met Lys Glu Val Thr Leu
 435 440 445

Phe Ser Asp Asp Ala Lys Ser Lys Glu Ser Ala Gln Gln Leu Gly Gln
 450 455 460

Glu Ile Gly Leu Leu Ser Arg Leu Arg His Pro Asn Ile Val Gln Tyr
 465 470 475 480

Tyr Gly Ser Glu Thr Val Asp Asp Lys Leu Tyr Ile Tyr Leu Glu Tyr
 485 490 495

Val Ser Gly Gly Ser Ile Tyr Lys Leu Leu Gln Glu Tyr Gly Gln Phe
 500 505 510

Gly Glu Ile Ala Ile Arg Ser Tyr Thr Gln Gln Ile Leu Arg Gly Leu
 515 520 525

Ala Tyr Leu His Ala Lys Lys Thr Val His Arg Asp Ile Lys Gly Ala
 530 535 540

Asn Ile Leu Val Asp Pro Thr Gly Arg Val Lys Leu Ala Asp Phe Gly
 545 550 555 560

ES 2 547 032 B1

Met Ala Lys His Ile Ser Gly Gln Ser Cys Pro Leu Ser Phe Lys Gly
565 570 575

Ser Pro Tyr Trp Met Ala Pro Glu Val Ile Lys Asn Ser Asn Gly Cys
580 585 590

Asn Leu Ala Val Asp Ile Trp Ser Leu Gly Cys Thr Val Leu Glu Met
595 600 605

Ala Thr Thr Lys Pro Pro Trp Ser Gln Tyr Glu Gly Val Pro Ala Met
610 615 620

Phe Lys Ile Gly Asn Ser Lys Glu Leu Pro Glu Ile Pro Asp Asn Leu
625 630 635 640

Ser Asp Asp Gly Lys Asp Phe Val Arg Gln Cys Leu Gln Arg Asn Leu
645 650 655

Ser His Arg Pro Thr Ala Ala Gln Leu Leu Glu His Pro Phe Val Lys
660 665 670

Asn Val Ala Pro Met Glu Arg Pro Phe Leu Ser Pro Glu Leu Ser Glu
675 680 685

Glu Leu Pro Ala Ile Met Asn Ser Gly Arg Ser Met Gly Ile Gly Pro
690 695 700

Ala Arg Asn Val Ser Gly Phe Asp Ser Glu Gly Ile Ser Met His Gln
705 710 715 720

Ser Arg Ala Thr Lys Ile Gly Ser Gly Ile Ser Asp Ala His Met Lys
725 730 735

Asn Ser Ser Cys Pro Val Ser Pro Ile Gly Ser Pro His Leu Tyr Ser
740 745 750

Arg Ser Pro Leu Asn Leu Ser Gly Arg Met Ser Pro Ser Pro Ile Ser
755 760 765

Ser Pro His Thr Ala Ser Gly Ser Ser Thr Pro Leu Thr Gly Gly Cys
770 775 780

Gly Ala Ile Pro Phe His His Ala Lys Gln His Ile Met Tyr Leu Gln
785 790 795 800

Glu Ser Lys Gly Met Val Pro Gly Ser Gln Ser Ser Phe Tyr Pro Asn
805 810 815

Asn Asn Asn Leu Tyr Gln Glu Pro Lys Pro Asp Leu Phe Arg Gly Met
820 825 830

ES 2 547 032 B1

Ser Gln Ala Ser Cys Val Phe Arg Glu Ile Ile Ser Ser Glu Asn Ser
 835 840 845

Asn Pro Gly Asn Gln Leu Gly Trp Pro Glu Leu Tyr Asp Gly His Pro
 850 855 860

Val Leu Ala Asp Arg Val Ser Gln Gln Leu Leu Arg Asp His Met Lys
 865 870 875 880

Leu Lys Pro Ser Leu Asp Leu Asn Pro Asn Ser Ser Ile Arg Gly Arg
 885 890 895

Thr Asn Gly Ile
 900

<210> 11
 <211> 2709
 <212> DNA
 <213> Populus trichocarpa

<400> 11
 atgccttcat ggtggggaaa gtcacatct aaagaagtga agaagaaagc aaacaaggaa 60
 agttttattg atacattaca cagaagattt aagagtccat ctgatggtaa gctaaatggt 120
 agacctggag gttctcgaag acgctgcagt gacactatct cagagagggg atctcaatct 180
 cgagcagaat caagatcacc atcaccatca cttcatcaa aacatgtttc taggtgtcaa 240
 agttttgctg agaggcccca tgcccaacca cttccccttc ctgggtgtgca ccctgcaagt 300
 gtggggcgta cagactctgg aattgggata tcaacaaaac caagattgca aaagggtgca 360
 aagtcacatc tgtttttgcc tctcccaaga cctggatgca tgcgcaataa gtcgaatcca 420
 acagatttag atggggattt ggccactact tcagttttca gtgagagctc cactgatagt 480
 gaagatcctg ctgactcaag tcacgtagt cctctggcaa ctgactatga cttggggacc 540
 agaactattg ctagcagccc ttccagtgca atgggtcaagg atcactgtgc taccgtcagc 600
 caagtgaact caagagaggc aaagaaacca gctaaccttt cttttggtaa tcatacctcc 660
 ccaacatcac ctaaacggag acctataagc agtcatgtgc cgaatctaca ggttccaaaa 720
 catggttctt tctgcagtgc tccagacagc tacatgtcaa gtccttccag aagtcctatg 780
 agagcatttg gcgctgagca agtcataaac tccgctttct gggctgggaa gccataccca 840
 gacgtcaatt tactaggatc tggccactgc tccagccctg gttcaggtta caattctgga 900
 cataattcaa tgggagggga tatgtcagga caattattct ggcaacaaag caggggtagc 960
 cctgaatggt ctccaatacc tagtcctaga atgaccagtc ctggccccag ctccagagtc 1020
 cagagcggtg ctgttactcc aattcatcct agagcaggag ggacaatcga gtcccagaca 1080
 agctggccag atgatgggaa acaacaaagt caccggctac ccctccctcc tgtaacagtt 1140
 tccagcccct ctcccctttc tcattcaaac tcggcagcag catctccttc tgtgccacga 1200

ES 2 547 032 B1

agtccaggaa gggcagagaa cccaacaagc cctggatctc gctggaaaaa aggaaagctg 1260
 ctaggtagag gcacatttgg acatgtctat cttggattta acagtgaaag tggtgaaatg 1320
 tgtgcaatga aggaggtgac attgttttca gatgatgcca agtcaaaaga aagtgctaag 1380
 cagttgatgc aggaaatttc tcttttaagc cgctttcagc acccaaacat tgtgcagtac 1440
 tatggatctg agacggttgg tgaccgactt tatatatact tggagtatgt atctggcggg 1500
 tccatatata aacttctcca ggagtatggc cagttgggcg agctagttat tcgcagttat 1560
 acccagcaaa tcttgtcagg acttgcattt ttgcattcta aaagcactgt ccatagagat 1620
 atcaaaggag caaacatact tgtagatccg aatggtcgtg ttaaattagc tgattttggc 1680
 atggcaaac atatcaccgg acagtcatgt ccactatcat tcaaggggaag cccttattgg 1740
 atggcccctg aggttataaa gaactcaaat ggctgtaatc ttgctgtgga tatatggagt 1800
 cttggatgca ctgttttggg gatggctact acaaaaccac cttggagcca gtttgaaggg 1860
 gttgctgcca tgtttaaaat tggaaatagc aaggatctcc cagaaattcc agaggacctc 1920
 tcggatgaag ggaaggactt tgtaggcaa tgtttgcaac gcaatccagt acatcgtcct 1980
 acagcttccc agctttttaga gcaccccttt gtaaaattag ctgctccttt ggaaagacct 2040
 attctgtgcc ttgatcctac agatccacc cctgggggtt caaatggagt taaaattctg 2100
 ggcattaatc atgcaagaaa ttttcccacc ttggattcag agaggcttgc agttcattca 2160
 tctagagttt caaaaactgg tctacatacc agtgatttac acattccaag gaacatatca 2220
 tgccctgttt ctcccattgg aagccctctt ttgcattcaa ggtcgccaca acatctgaat 2280
 ggaagaatgt ctcttcacc catagctagc ccacggacca cttctggctc atccacacct 2340
 ctgacagggt gcactggtgc tatacctttt aatcacttga agcattcagt tcacttccaa 2400
 gagggttttg gaaacatgca aatcactca aatggtatat atgtcaatgg cttggcttat 2460
 catgattcca gtctgatct ttttcgagga atgcagccag gttctcccat cttctcagag 2520
 ctggttccat gtgaaaatga tctcatagga aagcagcttg gaaggcctac tcaaggggaa 2580
 ccttatgatg gacaatcagt gttggctgat cgagtgtctc ggcagctttt gagggatcat 2640
 gtgaaaatga aaccatccct ggatctaagt cccaactctc ctttaccag tcgaactgga 2700
 ggtatataa 2709

<210> 12
 <211> 902
 <212> PRT
 <213> Populus trichocarpa

<400> 12

Met Pro Ser Trp Trp Gly Lys Ser Ser Ser Lys Glu Val Lys Lys Lys
 1 5 10 15

Ala Asn Lys Glu Ser Phe Ile Asp Thr Leu His Arg Arg Phe Lys Ser
 20 25 30

ES 2 547 032 B1

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

ES 2 547 032 B1

Gly Gly Asp Met Ser Gly Gln Leu Phe Trp Gln Gln Ser Arg Gly Ser
 305 310 315 320
 Pro Glu Cys Ser Pro Ile Pro Ser Pro Arg Met Thr Ser Pro Gly Pro
 325 330 335
 Ser Ser Arg Val Gln Ser Gly Ala Val Thr Pro Ile His Pro Arg Ala
 340 345 350
 Gly Gly Thr Ile Glu Ser Gln Thr Ser Trp Pro Asp Asp Gly Lys Gln
 355 360 365
 Gln Ser His Arg Leu Pro Leu Pro Pro Val Thr Val Ser Ser Pro Ser
 370 375 380
 Pro Phe Ser His Ser Asn Ser Ala Ala Ala Ser Pro Ser Val Pro Arg
 385 390 395 400
 Ser Pro Gly Arg Ala Glu Asn Pro Thr Ser Pro Gly Ser Arg Trp Lys
 405 410 415
 Lys Gly Lys Leu Leu Gly Arg Gly Thr Phe Gly His Val Tyr Leu Gly
 420 425 430
 Phe Asn Ser Glu Ser Gly Glu Met Cys Ala Met Lys Glu Val Thr Leu
 435 440 445
 Phe Ser Asp Asp Ala Lys Ser Lys Glu Ser Ala Lys Gln Leu Met Gln
 450 455 460
 Glu Ile Ser Leu Leu Ser Arg Phe Gln His Pro Asn Ile Val Gln Tyr
 465 470 475 480
 Tyr Gly Ser Glu Thr Val Gly Asp Arg Leu Tyr Ile Tyr Leu Glu Tyr
 485 490 495
 Val Ser Gly Gly Ser Ile Tyr Lys Leu Leu Gln Glu Tyr Gly Gln Leu
 500 505 510
 Gly Glu Leu Val Ile Arg Ser Tyr Thr Gln Gln Ile Leu Ser Gly Leu
 515 520 525
 Ala Phe Leu His Ser Lys Ser Thr Val His Arg Asp Ile Lys Gly Ala
 530 535 540
 Asn Ile Leu Val Asp Pro Asn Gly Arg Val Lys Leu Ala Asp Phe Gly
 545 550 555 560
 Met Ala Lys His Ile Thr Gly Gln Ser Cys Pro Leu Ser Phe Lys Gly
 565 570 575

ES 2 547 032 B1

Ser Pro Tyr Trp Met Ala Pro Glu Val Ile Lys Asn Ser Asn Gly Cys
580 585 590

Asn Leu Ala Val Asp Ile Trp Ser Leu Gly Cys Thr Val Leu Glu Met
595 600 605

Ala Thr Thr Lys Pro Pro Trp Ser Gln Phe Glu Gly Val Ala Ala Met
610 615 620

Phe Lys Ile Gly Asn Ser Lys Asp Leu Pro Glu Ile Pro Glu Asp Leu
625 630 635 640

Ser Asp Glu Gly Lys Asp Phe Val Arg Gln Cys Leu Gln Arg Asn Pro
645 650 655

Val His Arg Pro Thr Ala Ser Gln Leu Leu Glu His Pro Phe Val Lys
660 665 670

Leu Ala Ala Pro Leu Glu Arg Pro Ile Leu Cys Leu Asp Pro Thr Asp
675 680 685

Pro Pro Pro Gly Val Ser Asn Gly Val Lys Ile Leu Gly Ile Asn His
690 695 700

Ala Arg Asn Phe Pro Thr Leu Asp Ser Glu Arg Leu Ala Val His Ser
705 710 715 720

Ser Arg Val Ser Lys Thr Gly Leu His Thr Ser Asp Leu His Ile Pro
725 730 735

Arg Asn Ile Ser Cys Pro Val Ser Pro Ile Gly Ser Pro Leu Leu His
740 745 750

Ser Arg Ser Pro Gln His Leu Asn Gly Arg Met Ser Pro Ser Pro Ile
755 760 765

Ala Ser Pro Arg Thr Thr Ser Gly Ser Ser Thr Pro Leu Thr Gly Cys
770 775 780

Thr Gly Ala Ile Pro Phe Asn His Leu Lys His Ser Val His Phe Gln
785 790 795 800

Glu Gly Phe Gly Asn Met Gln Asn His Ser Asn Gly Ile Tyr Val Asn
805 810 815

Gly Leu Ala Tyr His Asp Ser Ser Pro Asp Leu Phe Arg Gly Met Gln
820 825 830

Pro Gly Ser Pro Ile Phe Ser Glu Leu Val Pro Cys Glu Asn Asp Leu
835 840 845

ES 2 547 032 B1

Ile Gly Lys Gln Leu Gly Arg Pro Thr Gln Gly Glu Pro Tyr Asp Gly
 850 855 860

Gln Ser Val Leu Ala Asp Arg Val Ser Arg Gln Leu Leu Arg Asp His
 865 870 875 880

Val Lys Met Lys Pro Ser Leu Asp Leu Ser Pro Asn Ser Pro Leu Pro
 885 890 895

Ser Arg Thr Gly Gly Ile
 900

<210> 13
 <211> 2706
 <212> DNA
 <213> Populus trichocarpa

<400> 13
 atgccttcgt ggtgggaaa gtcacatct aaagaattga agaagaaagc aaacaaggaa 60
 agtttcattg atacattaca cagaagattt aagagtccat ctgatggcaa ccttaatggt 120
 agatctggag gttctcgaag acattgcagt gacacaattt cagagagggg atctcaatct 180
 cgagcagtat caagatcacc ttcaccttca tcaaaacatg tttctagggtg tcagagtttt 240
 gccgagagac cccatgccc accacttccc cttcctgggtg tgcaccttgc aaatgggggg 300
 cgcacagact ctggaattgg tatattgact aaacctagat cggaaaaggg tgcaaattcg 360
 tcattgtttt tgcccctacc aagaccagga tgcattcgta ataggccaaa tccaccagat 420
 ttagatgggg atttgccac tgcttcagtt tccagtgaga gcgccactga tagtgacgat 480
 cccgctgact caagtcatcg tagtcctgca gcaactgact atgaccttgg gaccagaacc 540
 accactagca gcccttcag tgcaatgctc aaggatcagt gcgctattgt gagccattca 600
 aactcgaaag aggcaaagaa accagctagt ctttcttttg gtaatcacac ctctctaca 660
 tcacctaaac ggagacctgt aagcagtcac gtgctgaatc tacaggttcc acaacatggt 720
 gttccggca gtgctccaga cagctccatg tcaagtcctt ccagaagtcc catgagagca 780
 tctagaccg agcaagtcac aaactctgct ttctgggcag gcaagccata cccagatgcc 840
 aatthtttag gatctggcca ctgctccagt cctggttcag gctacaactc tggacataac 900
 tcaatgggag gggatatgtc aggacagtta ttctggcaac aaagcagggg tagccctgaa 960
 tgttctccga tcctagtcc tagaatgacc agccctggcc ccagctccag agtccagagt 1020
 ggtgctgta caccaattca tcccagagca ggagggacga tcattgagtc ccagacaagc 1080
 tggacagatg atgggaaaca acaaagccac cggttgcccc tccctcctgt aataatttcc 1140
 agcccctctc ctttttctca ttcaaactca gcagcagcat ctcttctgt gccacgaagt 1200
 ccaggaaggg cagagaatcc aacaagcca ggatctcgct ggaaaaaagg aaagcttctg 1260
 ggtagaggca catttggaca tgtctatggt ggatttaaca gtgaacgtgg tgaattgtgt 1320
 gcaatgaagg aggtgacatt attttcagat gatgccaagt ccaaagaaag tgctaagcag 1380

ES 2 547 032 B1

ttgatgcagg agatttctct ttttaagccgt ttacaacacc caaacattgt gcagtaccat 1440
 ggatctgaga cggttggtga ccggctttat atatacttgg agtatgtatc tgggtgggtcc 1500
 atatataaac ttctccagga atatggccaa ttgggcgagc tagttattcg tagttataacc 1560
 cagcaaatct tgtcaggact tgcatttttg cattctaaaa gcactgttca tagagatadc 1620
 aaaggagcaa acattcttgt agatccaaat ggctcgtgtta aattagctga ttttggcatg 1680
 gcaaaacaca tcaactggga gtcattgtcca ctatcattca agggaagtcc ttattggatg 1740
 gcacctgagg ttataaagaa ctcaaatggt tgcaatcttg ctgtggatat atggagtctt 1800
 ggatgcactg ttttggagat ggctaccaca aaaccacctt ggagccagtt tgaaggagtt 1860
 gctgccatgt ttaaaattgg aatagtaag gatctcccaa caattccaga tcacctctca 1920
 gatgaaggaa aagattttgt aaggcaatgt ttgcaacgta atccactaca tcgacctaca 1980
 gctgcccagc ttttagagca tccttttgta aaatcagcag cgcctttaga aagacctatt 2040
 ccgagccctg aacctactga tccaccccct ggagttacaa atggagttaa agctatgggc 2100
 attaatacaag ctagaaactt tcccaccttg gattcagaga gacttgcagt tcattcatct 2160
 agagtttcga aaactggtct acttgccagt gatttacata ttccaaggaa catatcatgc 2220
 cctgtttctc ccattggaag ccctctcttt cattcgaggt cgccacaaca cctaaatgga 2280
 agaatgtctc cttcacctat agctagcccg cgcaccactt caggctcatc cacacctctg 2340
 actggtggaa ctggtgctat accttttaac cacttgaaac agtcagttta cttgcaagag 2400
 ggttttggaa acatgccata tcacacaaat ggtatatatg ccaatggctt ggcttaccat 2460
 gattccattc ctgatctttt tcaaggaatg cagcctggct ctcccatctt ctcagagctg 2520
 gttccttggtg aaaatgatct catgggaaag cagtttggaa ggcctactca aggggaacct 2580
 tatgatgggc agtcagtctt ggctgttcga gtgtctcggc agcttttgag ggatcatgtg 2640
 aaaatgaaac catccctgga tctaagtccc aactctcctt taccagtag aaccggaggt 2700
 atataa 2706

<210> 14
 <211> 901
 <212> PRT
 <213> Populus trichocarpa

<400> 14

Met Pro Ser Trp Trp Gly Lys Ser Ser Ser Lys Glu Leu Lys Lys Lys
 1 5 10 15

Ala Asn Lys Glu Ser Phe Ile Asp Thr Leu His Arg Arg Phe Lys Ser
 20 25 30

Pro Ser Asp Gly Asn Leu Asn Gly Arg Ser Gly Gly Ser Arg Arg His
 35 40 45

Cys Ser Asp Thr Ile Ser Glu Arg Gly Ser Gln Ser Arg Ala Val Ser
 50 55 60

ES 2 547 032 B1

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

ES 2 547 032 B1

Arg Val Gln Ser Gly Ala Val Thr Pro Ile His Pro Arg Ala Gly Gly
 340 345 350

Thr Ile Ile Glu Ser Gln Thr Ser Trp Thr Asp Asp Gly Lys Gln Gln
 355 360 365

Ser His Arg Leu Pro Leu Pro Pro Val Ile Ile Ser Ser Pro Ser Pro
 370 375 380

Phe Ser His Ser Asn Ser Ala Ala Ala Ser Pro Ser Val Pro Arg Ser
 385 390 400

Pro Gly Arg Ala Glu Asn Pro Thr Ser Pro Gly Ser Arg Trp Lys Lys
 405 410 415

Gly Lys Leu Leu Gly Arg Gly Thr Phe Gly His Val Tyr Val Gly Phe
 420 425 430

Asn Ser Glu Arg Gly Glu Leu Cys Ala Met Lys Glu Val Thr Leu Phe
 435 440 445

Ser Asp Asp Ala Lys Ser Lys Glu Ser Ala Lys Gln Leu Met Gln Glu
 450 455 460

Ile Ser Leu Leu Ser Arg Leu Gln His Pro Asn Ile Val Gln Tyr His
 465 470 475 480

Gly Ser Glu Thr Val Gly Asp Arg Leu Tyr Ile Tyr Leu Glu Tyr Val
 485 490 495

Ser Gly Gly Ser Ile Tyr Lys Leu Leu Gln Glu Tyr Gly Gln Leu Gly
 500 505 510

Glu Leu Val Ile Arg Ser Tyr Thr Gln Gln Ile Leu Ser Gly Leu Ala
 515 520 525

Phe Leu His Ser Lys Ser Thr Val His Arg Asp Ile Lys Gly Ala Asn
 530 535 540

Ile Leu Val Asp Pro Asn Gly Arg Val Lys Leu Ala Asp Phe Gly Met
 545 550 555 560

Ala Lys His Ile Thr Gly Gln Ser Cys Pro Leu Ser Phe Lys Gly Ser
 565 570 575

Pro Tyr Trp Met Ala Pro Glu Val Ile Lys Asn Ser Asn Gly Cys Asn
 580 585 590

Leu Ala Val Asp Ile Trp Ser Leu Gly Cys Thr Val Leu Glu Met Ala
 595 600 605

ES 2 547 032 B1

Thr Thr Lys Pro Pro Trp Ser Gln Phe Glu Gly Val Ala Ala Met Phe
 610 615 620
 Lys Ile Gly Asn Ser Lys Asp Leu Pro Thr Ile Pro Asp His Leu Ser
 625 630 635 640
 Asp Glu Gly Lys Asp Phe Val Arg Gln Cys Leu Gln Arg Asn Pro Leu
 645 650 655
 His Arg Pro Thr Ala Ala Gln Leu Leu Glu His Pro Phe Val Lys Ser
 660 665 670
 Ala Ala Pro Leu Glu Arg Pro Ile Pro Ser Pro Glu Pro Thr Asp Pro
 675 680 685
 Pro Pro Gly Val Thr Asn Gly Val Lys Ala Met Gly Ile Asn Gln Ala
 690 695 700
 Arg Asn Phe Pro Thr Leu Asp Ser Glu Arg Leu Ala Val His Ser Ser
 705 710 715 720
 Arg Val Ser Lys Thr Gly Leu Leu Ala Ser Asp Leu His Ile Pro Arg
 725 730 735
 Asn Ile Ser Cys Pro Val Ser Pro Ile Gly Ser Pro Leu Phe His Ser
 740 745 750
 Arg Ser Pro Gln His Leu Asn Gly Arg Met Ser Pro Ser Pro Ile Ala
 755 760 765
 Ser Pro Arg Thr Thr Ser Gly Ser Ser Thr Pro Leu Thr Gly Gly Thr
 770 775 780
 Gly Ala Ile Pro Phe Asn His Leu Lys Gln Ser Val Tyr Leu Gln Glu
 785 790 795 800
 Gly Phe Gly Asn Met Pro Tyr His Thr Asn Gly Ile Tyr Ala Asn Gly
 805 810 815
 Leu Ala Tyr His Asp Ser Ile Pro Asp Leu Phe Gln Gly Met Gln Pro
 820 825 830
 Gly Ser Pro Ile Phe Ser Glu Leu Val Pro Cys Glu Asn Asp Leu Met
 835 840 845
 Gly Lys Gln Phe Gly Arg Pro Thr Gln Gly Glu Pro Tyr Asp Gly Gln
 850 855 860
 Ser Val Leu Ala Val Arg Val Ser Arg Gln Leu Leu Arg Asp His Val
 865 870 875 880

ES 2 547 032 B1

Lys Met Lys Pro Ser Leu Asp Leu Ser Pro Asn Ser Pro Leu Pro Ser
 885 890 895

Arg Thr Gly Gly Ile
 900

<210> 15
 <211> 3798
 <212> DNA
 <213> *Oryza sativa*

<400> 15
 gccctgggcc tttttccggt gctaccctcc tctccccct cccctttccg attccccac 60
 tttccgcgag ctctcctct ccttttgccc gcaccatcac caccaccacc gcctccagat 120
 tcccctccgg ctttcctcc gcctgtcggg tctcccccc gccggcgagc tcgcctcgcc 180
 gtggtggcgc gccggaagc cttttggggg taaagaaggt gcctgacacc accttgtggt 240
 catcaatttg tctgcttcta gctccattgc cagtgcattg cggaagctgg gggttctata 300
 tgggttggtta agaaaatcgt gcgctacaca tgttaatctg attggcagaa tatggtaatt 360
 atcagcttga ataacaccgt gattagtacc tagccaatta gacataccac aaattatttc 420
 atattcaata tgccaccatg gtgggggaag tctttctcaa aagatgctaa gaaaaccaca 480
 aaagaaaacc tcatcgatac atttcatcgg ttgataagtc caaatgatca aaaggggaagc 540
 acgaagtcga aacggagttg tagacgtggc aatgattcat ctggtgaaa aagctgccga 600
 tctaccacag tgtcacgtcc tacttcaccg tcaaaagaag tttctcgctg ccaaagcttt 660
 tcagctgata gaccacatgc ccatcccctc cctattcctg gagtacgtcc tccagtgact 720
 cggactgttt ctgatcac tgaatcaaag cccatattgg aaaaacgtgg caagccacca 780
 ctgcttctac cactccctaa acccaaccgg cctccgagga ggcatggaaa tagtgaggtt 840
 gtttcagaaa tagtggttgc ttctccctct agtaactggt ctgatagtga tgatcatggg 900
 gattctcagc ttcagagtcc tgttggaat gatgccgaaa atgcaacact tgttacttta 960
 aagaacaagt caagtaatgc gcgcaaagaa tgtcctggac ctattacggc aaagaatatg 1020
 aaggagatac acagaccagc taatcaagta catggtagcc atatattatc cacatcacca 1080
 aggggtgtcg cagctgacag ttaccaatcc aatttataaa atccccgccc attagttctg 1140
 gatagtgtc ccaatagttt gatgtcaagt cttctagaa gtccaagaag aatatgtcct 1200
 gatcatattc caacttcggc cttttgggca gtgaaacctc acacagatgt aacttttggt 1260
 ggatctggtc aatgttccag tccaggttca gggcaaacat ctgggcataa ttctgtgggt 1320
 ggtgatatgc tagcccagct cttttggcag cccagcagaa gtagcccaga gtgttcacca 1380
 attccaagtc caagaatgac aagtcctggc cctagttcga ggggtgcatag tggaagtgtt 1440
 tcaccattgc atccaaggtc tggagggatg gccctgaat ctccaacaaa ccgtcatgat 1500
 gatgggaaga agaagcaaac tcacaaactt cccctaccac cactgagcat ctctcacagt 1560

ES 2 547 032 B1

tcatttcac	caaataactc	cactccaact	agtcctat	cagtacctcg	cagccctggt	1620
agaactgaga	atccaccaag	tcctgggtca	cgatggaaga	aggggaagct	aattggccgt	1680
ggaacatttg	gtcatgtata	tgttggcttt	aacagtgata	gtggtgaaat	gtgtgcatg	1740
aaagaagtta	ccctattcct	ggatgatcct	aatcaaagg	aaagtgcaaa	gcagttgggg	1800
caggaaatat	cactattgag	ccgcctacag	catccaaata	tcgtacaata	ctatggatca	1860
gaaacggttg	atgataagct	ttatatatac	ttggagtatg	tatctggtgg	atctatccat	1920
aaacttctac	aagagtatgg	acagcttggg	gaacaagcaa	tacgcagcta	cacacagcag	1980
atactttcag	ggttggctta	tttgcattgc	aagaatacag	tccatagggg	tattaaaggt	2040
gcaaatac	tagtagatcc	tagtggctcg	gttaagcttg	cagattttgg	aatggcaaaa	2100
catatcaatg	ggcagcagtg	tcctttctcc	tttaagggtg	gtccatattg	gatggctcca	2160
gaggttataa	aaaactcaaa	tgggtgcaac	ctagctggtg	acatatggag	tttgggatgc	2220
actgtcctgg	agatggctac	atcgaaaccc	ccatggagcc	agtatgaagg	gattgctgca	2280
atgttcaaga	tcggaaatag	caaggaactt	ccaccaatac	cagatcacct	ttcagagcca	2340
ggcaaggact	tcatacagaa	gtgcctgcaa	cgatgatcct	ctcaacgtcc	cactgcaatg	2400
gagcttttgc	agcaccatt	tgttcaaaaa	gcagtatcac	tagagaaatc	tgttctttct	2460
gaaccattgg	aacatttggc	tgttatatct	tgtagatcga	gcgccaagat	ggctgcat	2520
acaagaaata	tttctcatt	gggattggag	ggctagacaa	tttaccagag	aagaggtgca	2580
aaattttctt	caaaacacag	tgatatccgt	atacgaagca	atatactttg	tccagtttct	2640
ccatgtggaa	gtcctttgct	aaaatcaagg	tccccacaac	attccaatgg	cagaatgtca	2700
ccttctccta	tttcaagccc	cagaactact	tcaggcacct	ccacgcctct	gtctggtggt	2760
aatggtgcta	ttccttttaa	ccatctgaag	caatcaacct	acagcaacga	gggatttgca	2820
atcccatcaa	gaagcccgga	tgatctcttt	gccagccggc	ctacagatcc	tgatcttggg	2880
caatttattc	gagtgcata	agtctctcag	gggcttcagg	agaggggtgg	atctgaagct	2940
gacattctaa	gccctcagtt	tggaaagaga	cttggaaatg	tttttgattt	gcgtgataag	3000
ctgtcacat	ctgaacgttt	cacacatcat	gcctttgtgg	atcatgtgaa	actaaatcct	3060
tcattagact	tgacgtctgg	atctccacac	cttggactca	agcatggtaa	ctaatacaaa	3120
gaatcagtat	tcagatggca	ttttttggag	cttcgaaagg	taactggtgg	tttggctgct	3180
ttttagccat	ccgatggctt	gaagtgtatc	atagtatgag	gaaaagaaaa	tcactaatgt	3240
ctgtagaagc	taaagttggc	aatggatgga	atctttgttg	tcatacaac	aattcaagtt	3300
ggcaaagata	tcgtccattc	ctgttaggca	gaactcccgg	aagcatacta	caattggcgt	3360
actaacatct	gtcaaatgac	aagactgtat	attggtacct	tacagattga	aggacctccg	3420
aagtagtagt	tcgcccatg	tatactctc	ttgcctttat	atgtaactta	atcttctatt	3480
ttcttcttgg	cgctctgatg	ccattgtaca	gaggaacctc	aactaagagc	caagattttg	3540
cacaggagaa	acagtccagc	cattcagtat	cctctctcac	acaatatctc	acctgaggtt	3600

ES 2 547 032 B1

gaaactactg ctgcaagtca aactgcatac tgaaagtatt ttgtagcaga actcagccaa 3660
 tgagccaact tattcactgt accagttact ctggaaatTT atacaaagaa tcagatcctt 3720
 ggTtaaacta gcttctcccg catgtacatg ttcttcagat ctgcaccgtg agctatctat 3780
 aagactataa ccattacc 3798

<210> 16
 <211> 894
 <212> PRT
 <213> Oryza sativa

<400> 16

Met Pro Pro Trp Trp Gly Lys Ser Phe Ser Lys Asp Ala Lys Lys Thr
 1 5 10 15

Thr Lys Glu Asn Leu Ile Asp Thr Phe His Arg Leu Ile Ser Pro Asn
 20 25 30

Asp Gln Lys Gly Ser Thr Lys Ser Lys Arg Ser Cys Arg Arg Gly Asn
 35 40 45

Asp Ser Ser Val Glu Lys Ser Cys Arg Ser Thr Thr Val Ser Arg Pro
 50 55 60

Thr Ser Pro Ser Lys Glu Val Ser Arg Cys Gln Ser Phe Ser Ala Asp
 65 70 75 80

Arg Pro His Ala His Pro Leu Pro Ile Pro Gly Val Arg Pro Pro Val
 85 90 95

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

Arg Gly Lys Pro Pro Leu Leu Leu Pro Leu Pro Lys Pro Asn Arg Pro
 115 120 125

Pro Arg Arg His Gly Asn Ser Glu Val Val Ser Glu Ile Val Val Ala
 130 135 140

Ser Pro Ser Ser Asn Cys Ser Asp Ser Asp Asp His Gly Asp Ser Gln
 145 150 155 160

Leu Gln Ser Pro Val Gly Asn Asp Ala Glu Asn Ala Thr Leu Val Thr
 165 170 175

Leu Lys Asn Lys Ser Ser Asn Ala Arg Lys Glu Cys Pro Gly Pro Ile
 180 185 190

Thr Ala Lys Asn Met Lys Glu Ile His Arg Pro Ala Asn Gln Val His
 195 200 205

ES 2 547 032 B1

Gly Ser His Ile Leu Ser Thr Ser Pro Arg Gly Val Ala Ala Asp Ser
 210 215 220

Tyr Gln Ser Asn Leu Gln Asn Pro Arg Pro Leu Val Leu Asp Ser Ala
 225 230 235 240

Pro Asn Ser Leu Met Ser Ser Pro Ser Arg Ser Pro Arg Arg Ile Cys
 245 250 255

Pro Asp His Ile Pro Thr Ser Ala Phe Trp Ala Val Lys Pro His Thr
 260 265 270

Asp Val Thr Phe Val Gly Ser Gly Gln Cys Ser Ser Pro Gly Ser Gly
 275 280 285

Gln Thr Ser Gly His Asn Ser Val Gly Gly Asp Met Leu Ala Gln Leu
 290 295 300

Phe Trp Gln Pro Ser Arg Ser Ser Pro Glu Cys Ser Pro Ile Pro Ser
 305 310 315 320

Pro Arg Met Thr Ser Pro Gly Pro Ser Ser Arg Val His Ser Gly Ser
 325 330 335

Val Ser Pro Leu His Pro Arg Ser Gly Gly Met Ala Pro Glu Ser Pro
 340 345 350

Thr Asn Arg His Asp Asp Gly Lys Lys Lys Gln Thr His Lys Leu Pro
 355 360 365

Leu Pro Pro Leu Ser Ile Ser His Ser Ser Phe His Pro Asn Asn Ser
 370 375 380

Thr Pro Thr Ser Pro Ile Ser Val Pro Arg Ser Pro Gly Arg Thr Glu
 385 390 395 400

Asn Pro Pro Ser Pro Gly Ser Arg Trp Lys Lys Gly Lys Leu Ile Gly
 405 410 415

Arg Gly Thr Phe Gly His Val Tyr Val Gly Phe Asn Ser Asp Ser Gly
 420 425 430

Glu Met Cys Ala Met Lys Glu Val Thr Leu Phe Leu Asp Asp Pro Lys
 435 440 445

Ser Lys Glu Ser Ala Lys Gln Leu Gly Gln Glu Ile Ser Leu Leu Ser
 450 455 460

Arg Leu Gln His Pro Asn Ile Val Gln Tyr Tyr Gly Ser Glu Thr Val
 465 470 475 480

ES 2 547 032 B1

Asp Asp Lys Leu Tyr₄₈₅ Ile Tyr Leu Glu Tyr₄₉₀ Val Ser Gly Gly Ser₄₉₅ Ile
 His Lys Leu Leu₅₀₀ Gln Glu Tyr Gly Gln₅₀₅ Leu Gly Glu Gln Ala₅₁₀ Ile Arg
 Ser Tyr Thr₅₁₅ Gln Gln Ile Leu Ser₅₂₀ Gly Leu Ala Tyr Leu₅₂₅ His Ala Lys
 Asn Thr₅₃₀ Val His Arg Asp Ile₅₃₅ Lys Gly Ala Asn Ile₅₄₀ Leu Val Asp Pro
 Ser₅₄₅ Gly Arg Val Lys Leu₅₅₀ Ala Asp Phe Gly Met₅₅₅ Ala Lys His Ile Asn₅₆₀
 Gly Gln Gln Cys Pro₅₆₅ Phe Ser Phe Lys Gly₅₇₀ Ser Pro Tyr Trp Met₅₇₅ Ala
 Pro Glu Val Ile₅₈₀ Lys Asn Ser Asn Gly₅₈₅ Cys Asn Leu Ala Val₅₉₀ Asp Ile
 Trp Ser Leu₅₉₅ Gly Cys Thr Val Leu₆₀₀ Glu Met Ala Thr Ser₆₀₅ Lys Pro Pro
 Trp Ser₆₁₀ Gln Tyr Glu Gly Ile₆₁₅ Ala Ala Met Phe Lys₆₂₀ Ile Gly Asn Ser
 Lys₆₂₅ Glu Leu Pro Pro Ile₆₃₀ Pro Asp His Leu Ser₆₃₅ Glu Pro Gly Lys Asp₆₄₀
 Phe Ile Arg Lys Cys₆₄₅ Leu Gln Arg Asp Pro₆₅₀ Ser Gln Arg Pro Thr₆₅₅ Ala
 Met Glu Leu Leu₆₆₀ Gln His Pro Phe Val₆₆₅ Gln Lys Ala Val Ser₆₇₀ Leu Glu
 Lys Ser Val₆₇₅ Leu Ser Glu Pro Leu₆₈₀ Glu His Leu Ala Val₆₈₅ Ile Ser Cys
 Arg Ser₆₉₀ Ser Ala Lys Met Ala₆₉₅ Ala His Thr Arg Asn₇₀₀ Ile Ser Ser Leu
 Gly Leu Glu Gly Gln Thr₇₁₀ Ile Tyr Gln Arg Arg₇₁₅ Gly Ala Lys Phe Ser₇₂₀
 Ser Lys His Ser Asp₇₂₅ Ile Arg Ile Arg Ser₇₃₀ Asn Ile Ser Cys Pro₇₃₅ Val
 Ser Pro Cys Gly₇₄₀ Ser Pro Leu Leu Lys₇₄₅ Ser Arg Ser Pro Gln₇₅₀ His Ser

ES 2 547 032 B1

Asn Gly Arg Met Ser Pro Ser Pro Ile Ser Ser Pro Arg Thr Thr Ser
 755 760 765

Gly Thr Ser Thr Pro Leu Ser Gly Gly Asn Gly Ala Ile Pro Phe Asn
 770 775 780

His Leu Lys Gln Ser Thr Tyr Ser Asn Glu Gly Phe Ala Ile Pro Ser
 785 790 795 800

Arg Ser Pro Asp Asp Leu Phe Ala Ser Arg Pro Thr Asp Pro Asp Leu
 805 810 815

Gly Gln Phe Ile Arg Val His Gln Val Ser Gln Gly Leu Gln Glu Arg
 820 825 830

Val Val Ser Glu Ala Asp Ile Leu Ser Pro Gln Phe Gly Lys Arg Leu
 835 840 845

Gly Asn Val Phe Asp Leu Arg Asp Lys Leu Ser Pro Ser Glu Arg Phe
 850 855 860

Thr His His Ala Phe Val Asp His Val Lys Leu Asn Pro Ser Leu Asp
 865 870 875 880

Leu Thr Ser Gly Ser Pro His Leu Gly Leu Lys His Gly Asn
 885 890

- <210> 17
- <211> 3725
- <212> DNA
- <213> Oryza sativa

<400> 17
 accgtctctc tccgttcctc tcctctgctc atcttatctg ttcgtctgaa aaaaaaaaaac 60
 cgtttccggc ggacgcacgg gcgaggctc ggccagcgtt ctctctctcc gcgacaccga 120
 ctcgcctccg tcgcgcgcgc gcccgcgag cagggccgga ggcgcagtgc ggacgggctg 180
 ctgctcccct tccccgacc cctaccgcac tagtattctc ccctgtgctg ccggccggcg 240
 agcatctcgg ttcgaatcga agtatcgaat tgaagccttt gtggtgaagg cattaacag 300
 aatcaaagt agcatgagca agcactaact gggaatctcc ataatacagc attccagtga 360
 gttgaggact ttttttgtc actacagaaa ctaaggatac ctgctgatt tcaaaatttc 420
 aatgtgtgat tagctcagtg aaatcctgtc caacttgttt catattcaat atgccaccat 480
 ggtgggggaa gtcttcatca aaagaagtaa agaagactgc caaagaaaac ctcattgaca 540
 catttcatcg gttattaagt ccaaatgagc aaaaggggag acaaaaatca cgggggaatc 600
 gtagacatag taaagatcca actgctgaga aaggttgctg gtctactgcc caatcacgct 660
 ctgcatcccc ttcaaagag gtttctcggt gtcaaagctt tgctgcagcc agagcacatg 720
 cacaaccact tccccttctc agatcccgtg ctatggtggc acgtactgct tctgatatta 780

ES 2 547 032 B1

ccgaatcaaa ggtcgttttg gaaaagcgtg gcaaaggaca acaactaccg ctccctacca 840
 caaattgggt taaagaaaga cctgaaacta ccgaacctgt tgcagaatta tcaactgctt 900
 ctatctccag ccatggttct atagatagcg atgacctctg agatttgcgga cttcagggac 960
 ctgtggcaaa tgacaccgac aatgtggcta aagttgctac aaccggtaat tcaagtgttg 1020
 tgcataagga gtgttctagt gccatcacca gaaagggcac taaggaagtg acgatgccaa 1080
 ccaatgcttt cttgagtaat caaattctat ctacaagtcc cagaggtact gttgttgctg 1140
 acagttacca gtcaaattta caaaattcac gaaaggttgt tctggacagt gctcccaata 1200
 gtgtgatgtc aagcccttct cgaagcccaa gaatattatg ccctgatcag attccaagtt 1260
 cagcattttg ggagtttaag cctcatacag atgtaacttt tgttgggtct gctcagtgct 1320
 ccagtcctgg ttcagggcaa acatctgggc ataattcagt gggaggtgat atgctagccc 1380
 agctcttttg gcaacctagc cgaggtagtc cagagtgttc accaattccc agcccaagaa 1440
 tgacaagccc tggccaagt tcaagggtac atagtggaag tgtctctcca ttgcatccaa 1500
 gggctgggtg gatggcacct gaatctcaa caaggcgact tgatgaaggg aagaggaagc 1560
 aaaccacag attgccctt ccaccactaa gcatatgtaa caattccacc tttttgcaa 1620
 acaattccac cccaactagt cctatctcac atagtcctgg tagagtagaa aatccaacta 1680
 gtcctggatc acggtggaag aagggaagc ttgtcggccg tgggacattt ggccatgtat 1740
 acattggctt taacagtgat aaagggtgaa tgtgtgcaat gaaggaggtc acccttttct 1800
 cagacgatcc taaatcaaaa gaaagtgcaa agcagttgtg tcaggaaata ttacttctga 1860
 atcgtctgca acatccaaat attgtacgat actatggatc tgaaatgggt gatgataaac 1920
 tttatatata cctggagtat gtttctggtg gatccatcca taaactactc caggagtatg 1980
 ggcaatttg tgaacctgct atccgcagtt ataccaagca aatactttta ggcttggtt 2040
 atctgcatgc aaaaaatagc gttcacaggg acattaaagg tgcaaacata ctggtagatc 2100
 ctaatggctg tgtaaagctt gctgacttcg gaatggcaaa acatatcaat gggcagcagt 2160
 gtgccttttc atttaaggtt agcccgtact ggatggctcc tgaggttata aaaaattcta 2220
 atggatgtaa tcttgctggt gacatatgga gcttaggatg cacggtttta gagatggcta 2280
 cctcaaaacc accatggagc caatatgaag ggattgctgc agtgtttaag ataggaaaca 2340
 gtaaggagct tccaccaata ccagatcacc tctcagaaga gggcagagac tttataagac 2400
 agtgcctgca gcgcaatcca tccagccgtc caacagcagt ggatcttttg cagcattcat 2460
 ttatacgaat tgcatctcca cttgaaaaat cactgtcggga tccattgcta cagttgtcta 2520
 ctacatcctg caaaccagat ctgaaggtgg tcgggcatgc cagaaatatg tcttcttttg 2580
 gtttgaagg gcaatccatt taccagagaa gagctgctaa attttcttct gtgcacagtg 2640
 atattcatgt acgaagctat atatcttgcc ctgtttctcc atgtgggagc cctcatctga 2700
 ggtcaagatc tccacaacat caaatggta taatgtcacc ctctccgatt tcgagcccaa 2760
 gaactacttc aggtgcttcc actcctctga ctgggtggtaa tggagctatt ccttttaacc 2820

ES 2 547 032 B1

atgcaagaca cctagcttac aataatgagg gtttcacaat tacatcgaga tgtcttgatg 2880
agcccttgcc aaaccagcct ccagatccgg tccttggctg ttttgttaga gtgaaacaac 2940
cctcgctagg ttttcaggag agggcagtcc ctgaagctga cattctgagc cctcaatttg 3000
gaaggatggg acatgtgagc gtgtggaatt tgcatgataa gccactgcct tctgagcatg 3060
cttcacagaa gggctttgag gatcgggtaa aacttaagcc tccactggat ttgagatctg 3120
gtccaccaca ccttgggtgc aaccatggtc attgatttca cccaaagggtg tgctggatag 3180
gcattgagtt ggagcttgat gagagctgct gagccagttt gcccatctat ttactgcaag 3240
cctggcactg tatcatagta cacgaataat ttcattaatt atttcagaag ctgaccgtct 3300
caacaaggt gagctatgcc cccaccagga acaggcgttg acttccatat taccatgcct 3360
gttatgtgtt aaccagttac acgtcgttga tgcaattgta tattacagag ggtctagata 3420
gccaaggacc caaacagta gttcttcacc tgtatactct ggtatctaca ttcgttttcc 3480
tttgacaat ctatgggttt cgaggccatt gtacaggagg aaactcaact agaagtccac 3540
atthtgaaa ggtagaggca attgaacat tcaataccca ttctttttct cagtacttcc 3600
ccttgctgcg agcttttgca actagtcagc tgcagcctgc atagtgaaag cgttgttgct 3660
gtactcaggt aatccattca ctgtatctat tactctggaa attatacaga gattctgatc 3720
gttaa 3725

<210> 18
<211> 894
<212> PRT
<213> Oryza sativa

<400> 18

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

ES 2 547 032 B1

Arg Gly Lys Gly Gln Gln Leu Pro Leu Pro Thr Thr Asn Trp Val Lys
 115 120 125

Glu Arg Pro Glu Thr Thr Glu Pro Val Ala Glu Leu Ser Thr Ala Ser
 130 135 140

Ile Ser Ser His Gly Ser Ile Asp Ser Asp Asp Pro Gly Asp Leu Arg
 145 150 155 160

Leu Gln Gly Pro Val Ala Asn Asp Thr Asp Asn Val Ala Lys Val Ala
 165 170 175

Thr Thr Gly Asn Ser Ser Val Val His Lys Glu Cys Ser Ser Ala Ile
 180 185 190

Thr Arg Lys Gly Thr Lys Glu Val Thr Met Pro Thr Asn Ala Phe Leu
 195 200 205

Ser Asn Gln Ile Leu Ser Thr Ser Pro Arg Gly Thr Val Val Ala Asp
 210 215 220

Ser Tyr Gln Ser Asn Leu Gln Asn Ser Arg Lys Val Val Leu Asp Ser
 225 230 235 240

Ala Pro Asn Ser Val Met Ser Ser Pro Ser Arg Ser Pro Arg Ile Leu
 245 250 255

Cys Pro Asp Gln Ile Pro Ser Ser Ala Phe Trp Ala Val Lys Pro His
 260 265 270

Thr Asp Val Thr Phe Val Gly Ser Ala Gln Cys Ser Ser Pro Gly Ser
 275 280 285

Gly Gln Thr Ser Gly His Asn Ser Val Gly Gly Asp Met Leu Ala Gln
 290 295 300

Leu Phe Trp Gln Pro Ser Arg Gly Ser Pro Glu Cys Ser Pro Ile Pro
 305 310 315 320

Ser Pro Arg Met Thr Ser Pro Gly Pro Ser Ser Arg Val His Ser Gly
 325 330 335

Ser Val Ser Pro Leu His Pro Arg Ala Gly Gly Met Ala Pro Glu Ser
 340 345 350

Pro Thr Arg Arg Leu Asp Glu Gly Lys Arg Lys Gln Thr His Arg Leu
 355 360 365

Pro Leu Pro Pro Leu Ser Ile Cys Asn Asn Ser Thr Phe Leu Pro Asn
 370 375 380

ES 2 547 032 B1

Asn Ser Thr Pro Thr Ser Pro Ile Ser His Ser Pro Gly Arg Val Glu
 385 390 395 400
 Asn Pro Thr Ser Pro Gly Ser Arg Trp Lys Lys Gly Lys Leu Val Gly
 405 410 415
 Arg Gly Thr Phe Gly His Val Tyr Ile Gly Phe Asn Ser Asp Lys Gly
 420 425 430
 Glu Met Cys Ala Met Lys Glu Val Thr Leu Phe Ser Asp Asp Pro Lys
 435 440 445
 Ser Lys Glu Ser Ala Lys Gln Leu Cys Gln Glu Ile Leu Leu Leu Asn
 450 455 460
 Arg Leu Gln His Pro Asn Ile Val Arg Tyr Tyr Gly Ser Glu Met Val
 465 470 475 480
 Asp Asp Lys Leu Tyr Ile Tyr Leu Glu Tyr Val Ser Gly Gly Ser Ile
 485 490 495
 His Lys Leu Leu Gln Glu Tyr Gly Gln Phe Gly Glu Pro Ala Ile Arg
 500 505 510
 Ser Tyr Thr Lys Gln Ile Leu Leu Gly Leu Ala Tyr Leu His Ala Lys
 515 520 525
 Asn Thr Val His Arg Asp Ile Lys Gly Ala Asn Ile Leu Val Asp Pro
 530 535 540
 Asn Gly Arg Val Lys Leu Ala Asp Phe Gly Met Ala Lys His Ile Asn
 545 550 555 560 565
 Gly Gln Gln Cys Ala Phe Ser Phe Lys Gly Ser Pro Tyr Trp Met Ala
 565 570 575
 Pro Glu Val Ile Lys Asn Ser Asn Gly Cys Asn Leu Ala Val Asp Ile
 580 585 590
 Trp Ser Leu Gly Cys Thr Val Leu Glu Met Ala Thr Ser Lys Pro Pro
 595 600 605
 Trp Ser Gln Tyr Glu Gly Ile Ala Ala Val Phe Lys Ile Gly Asn Ser
 610 615 620
 Lys Glu Leu Pro Pro Ile Pro Asp His Leu Ser Glu Glu Gly Arg Asp
 625 630 635 640
 Phe Ile Arg Gln Cys Leu Gln Arg Asn Pro Ser Ser Arg Pro Thr Ala
 645 650 655

ES 2 547 032 B1

Val Asp Leu Leu Gln His Ser Phe Ile Arg Asn Ala Ser Pro Leu Glu
660 665 670

Lys Ser Leu Ser Asp Pro Leu Leu Gln Leu Ser Thr Thr Ser Cys Lys
675 680 685

Pro Asp Leu Lys Val Val Gly His Ala Arg Asn Met Ser Ser Leu Gly
690 695 700

Leu Glu Gly Gln Ser Ile Tyr Gln Arg Arg Ala Ala Lys Phe Ser Ser
705 710 715 720

Val His Ser Asp Ile His Val Arg Ser Tyr Ile Ser Cys Pro Val Ser
725 730 735

Pro Cys Gly Ser Pro His Leu Arg Ser Arg Ser Pro Gln His Gln Asn
740 745 750

Gly Ile Met Ser Pro Ser Pro Ile Ser Ser Pro Arg Thr Thr Ser Gly
755 760 765

Ala Ser Thr Pro Leu Thr Gly Gly Asn Gly Ala Ile Pro Phe Asn His
770 775 780

Ala Arg His Leu Ala Tyr Asn Asn Glu Gly Phe Thr Ile Thr Ser Arg
785 790 800

Cys Leu Asp Glu Pro Leu Pro Asn Gln Pro Pro Asp Pro Val Leu Gly
805 810 815

Arg Phe Val Arg Val Lys Gln Pro Ser Leu Gly Phe Gln Glu Arg Ala
820 825 830

Val Pro Glu Ala Asp Ile Leu Ser Pro Gln Phe Gly Arg Met Gly His
835 840 845

Val Ser Val Trp Asn Leu His Asp Lys Pro Leu Pro Ser Glu His Ala
850 855 860

Ser Gln Lys Gly Phe Glu Asp Arg Val Lys Leu Lys Pro Pro Leu Asp
865 870 875 880

Leu Arg Ser Gly Pro Pro His Leu Gly Cys Asn His Gly His
885 890

<210> 19
<211> 3479
<212> DNA
<213> Glycine max

<400> 19
atgccttcac ggtggggaaa atcatcatca accaagaaga aagcaaataa ggaaagtttt

60

ES 2 547 032 B1

attgatgcat ttcaccgaaa atttaaaatc ccatccgaag gtaaaccaag cggtagatct 120
 ggaggatctc gtagacattg cgatgattca atttcagaga aaggggctca gtctcctcct 180
 gaatcaagat ctctttctcc ttccaagggtg ggaagggtgc aaagctttgt tgaaaggcct 240
 catgctcagc cactaccact tcctggcttg cacccatcaa atataagccg agcagattcc 300
 gaaattagta taccatcatc tagaagaaga catggaaagg gtcctcaaatc atcgttgttt 360
 cttccactac caaaaccagc gtgcatgcgt ggtaggttga accctgctga gttggatgga 420
 gatttgggtca cggcttcagt ctctagttag agctctgctg atagtgatga accagtggac 480
 tctcacaatc gtagtcctct ggcaactgac tgtgaaactg ggactagaac tgctgcaggc 540
 agtccctcca gcttgatgca gaaggatcaa tcatctactg tttcccaaat aaactcaagg 600
 gaagccaaaa aaccggcaaa tattctgggt aatcatatgt cttctacttc accaaaacgt 660
 aggcccttaa gcaacatgt tacaatctg cagattcctc tcatgggtgc cttcttcagt 720
 gcgcctgaca gttcaagatc aagtccatca agaagtccat tgagagcatt tggtagcgaa 780
 caggtgttga actctgcttt ttgggccggg aagccatcag cagaggtcaa ttttgggtgga 840
 tctggccact gctcaagtcc tggttctggt cacaattctg ggcataattc aatgggaggg 900
 gacatgtcag gacagttatt ttggcaacct agcaggggta gccagaata tcccccgta 960
 cctagtccca gaatgactag ccctggtcca agctctagaa ttcagagtgg agctgttaca 1020
 cctattcatc caagagctgg gggaacacc aatgaatcac agacaggaag gattgatgat 1080
 gtaaaaccac agagtcacg tttgcccctt cctcccttag cagttacaaa tactttgcct 1140
 ttctctcatt caaattctgc agcaacttct ccatctatgc caagaagtcc aggaagagca 1200
 gataatccaa ttagccctgg atcacgttgg aaaaaaggaa agctgcttgg cagaggcaca 1260
 tttggacatg tctatgttgg cttaataaag gaaagtgggtg aaatgtgtgc tatgaaagag 1320
 gtaactcttt tttcagatga tgccaaatct aaagagagtg ctaagcaatt aatgcaggaa 1380
 attaccttgt tgagccggtt acgacatcca aatattgtgc agtattatgg ttctgaaaca 1440
 gtaggcgaca agctttacat atatctggag tatgttgctg gaggctccat atataaactt 1500
 cttcaagaat atggacaatt tggatgaacta gctattcgta gttatactca acaaattttg 1560
 tcaggacttg cttatttaca tgctaaaaat actgtccaca gggacatcaa aggagcaaat 1620
 atactggtag atactaatgg ccgggttaag ttggcagact ttggcatggc aaagcatata 1680
 acagggcaat catgtccatt atcattcaag ggaagccctt attggatggc tcctgaggtt 1740
 ataaaaaact ctaatggttg caacctagct gttgatatat ggagccttgg atgcacagtt 1800
 ttggaaatgg ctacaactaa acctccttgg agtcagtatg aaggggttgc tgccatgttt 1860
 aagattggta atagcaagga actcccaaca atcccagatc atctctccag tgaaggaaag 1920
 gattttgtta ggaaatgcct acaacgtaat ccacacaatc gcccttcagc cagtgaatta 1980
 ttggaccacc cttttgtaa atgtgctgca ctttagaaa gacctattct gggtcctgag 2040
 tctccttcag acccagcacc agcagtatcg gggatcacac aaggagcgac agcttcgggc 2100

ES 2 547 032 B1

attgggcaag gaaggaatcc gtccaagttg gattcagatc gacttttctct tcatttcttct 2160
 aggtttttga aaactaatcc ccatgcaagt gaaatccata ttccaaggaa tatatcttgc 2220
 cctgtttcac ccattggaag cccacttttg aggccaagat caccacaaca catgaatggg 2280
 cgaatgtctc cctctcctat atctagccct cggactgctt ctggtgcatc cacgcctctt 2340
 aatggtggta gcggtgccat tccatttagt aatcacttag tttacattca agaggggtctt 2400
 ggaaacttgc caaaatcttc aaatggtgtc tacgttagtg gccctgctca tcatgacttg 2460
 aatgttgaca tttttcgagg aatgcaacag acatctcaca ttacatcaga actggttcca 2520
 agtgaaagtg atgttctggg gaagcagttt gcacggactc ctcataatga gccgtatgat 2580
 gttcaatcag tcttggtgta ccgtgtttgc cggcagctgc tgggggataa tgtgaaaatt 2640
 aaccaatgcc ttgatctaag tcccaactct ttgctcagcc gggctaattg tttatgacat 2700
 ggagcatttc ccttgccca ctttttgagc aagtctttga tgtttgtcag aatgatccat 2760
 ttattgttct atttctgagg aagtaattgt aaaataagga gccaaagcat aggagaatcg 2820
 atgaaataaa ttttgatcta agaatagagg agctggggca ctttaattccg ttctgcatgg 2880
 cttcaggctc aggcatgtg gagttcagaa cttttaagtt gaagtaccaa actaagccat 2940
 acgatgaaac ttctgacat ttgatttgtc tatatcaact gaagcaaatg ctcactggtt 3000
 gctaaaagag gagcttatgt ttgtatgtag aattttcaag atgcagcatc agtgcattgct 3060
 aagtagggag cttggatttc tctctgggtac ctaagatatg agaatgatag gattaatggt 3120
 aatattaact caaggaatga cttcttctaa tcatatgtat gcagttcctt cagttaaaga 3180
 atttatgcaa tgacaactgt ttcttttaga acatcatata gatgccaaaa aaaaagtgaa 3240
 attggtacaa aatttagctt ctagactatt ttttgggagg tgatgttgct gtacagaata 3300
 tgggagactg tattgtgatt ctgcatttat tgatgagaag ccaaggattt gtggaacca 3360
 tatatctctt gattgcatgg tcagatgtat tactgtcatt atataccctt ctgctggatt 3420
 tattttgtac attattattht gaagtaaaaa attgaagata tatgatttgt gatcctctc 3479

<210> 20
 <211> 898
 <212> PRT
 <213> Glycine max

<400> 20

Met Pro Ser Trp Trp Gly Lys Ser Ser Ser Thr Lys Lys Lys Ala Asn
 1 5 10 15

Lys Glu Ser Phe Ile Asp Ala Phe His Arg Lys Phe Lys Ile Pro Ser
 20 25 30

Glu Gly Lys Pro Ser Gly Arg Ser Gly Gly Ser Arg Arg His Cys Asp
 35 40 45

Asp Ser Ile Ser Glu Lys Gly Ala Gln Ser Pro Pro Glu Ser Arg Ser
 50 55 60

ES 2 547 032 B1

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

ES 2 547 032 B1

Gly Ala Val Thr 340 Pro Ile His Pro Arg 345 Ala Gly Gly Thr Pro 350 Asn Glu

Ser Gln Thr 355 Gly Arg Ile Asp 360 Val Lys Pro Gln Ser 365 His Arg Leu

Pro Leu 370 Pro Pro Leu Ala Val 375 Thr Asn Thr Leu Pro 380 Phe Ser His Ser

Asn 385 Ser Ala Ala Thr Ser 390 Pro Ser Met Pro Arg 395 Ser Pro Gly Arg Ala 400

Asp Asn Pro Ile Ser 405 Pro Gly Ser Arg Trp 410 Lys Lys Gly Lys Leu 415 Leu

Gly Arg Gly Thr 420 Phe Gly His Val Tyr 425 Val Gly Phe Asn Lys 430 Glu Ser

Gly Glu Met 435 Cys Ala Met Lys Glu 440 Val Thr Leu Phe Ser Asp 445 Asp Ala

Lys Ser 450 Lys Glu Ser Ala Lys 455 Gln Leu Met Gln Glu 460 Ile Thr Leu Leu

Ser 465 Arg Leu Arg His Pro 470 Asn Ile Val Gln Tyr 475 Tyr Gly Ser Glu Thr 480

Val Gly Asp Lys Leu 485 Tyr Ile Tyr Leu Glu 490 Tyr Val Ala Gly Gly Ser 495

Ile Tyr Lys Leu 500 Leu Gln Glu Tyr Gly 505 Gln Phe Gly Glu Leu 510 Ala Ile

Arg Ser Tyr 515 Thr Gln Gln Ile Leu 520 Ser Gly Leu Ala Tyr 525 Leu His Ala

Lys Asn Thr Val His Arg Asp 535 Ile Lys Gly Ala Asn 540 Ile Leu Val Asp

Thr 545 Asn Gly Arg Val Lys 550 Leu Ala Asp Phe Gly 555 Met Ala Lys His Ile 560

Thr Gly Gln Ser Cys 565 Pro Leu Ser Phe Lys 570 Gly Ser Pro Tyr Trp Met 575

Ala Pro Glu Val 580 Ile Lys Asn Ser Asn 585 Gly Cys Asn Leu Ala Val Asp 590

Ile Trp Ser 595 Leu Gly Cys Thr Val 600 Leu Glu Met Ala Thr 605 Thr Lys Pro

ES 2 547 032 B1

Pro Trp Ser Gln Tyr Glu Gly Val Ala Ala Met Phe Lys Ile Gly Asn
 610 615 620
 Ser Lys Glu Leu Pro Thr Ile Pro Asp His Leu Ser Ser Glu Gly Lys
 625 630 635 640
 Asp Phe Val Arg Lys Cys Leu Gln Arg Asn Pro His Asn Arg Pro Ser
 645 650 655
 Ala Ser Glu Leu Leu Asp His Pro Phe Val Lys Cys Ala Ala Pro Leu
 660 665 670
 Glu Arg Pro Ile Leu Gly Pro Glu Ser Pro Ser Asp Pro Ala Pro Ala
 675 680 685
 Val Ser Gly Ile Thr Gln Gly Ala Thr Ala Ser Gly Ile Gly Gln Gly
 690 695 700
 Arg Asn Pro Ser Lys Leu Asp Ser Asp Arg Leu Ser Leu His Ser Ser
 705 710 715 720
 Arg Phe Leu Lys Thr Asn Pro His Ala Ser Glu Ile His Ile Pro Arg
 725 730 735
 Asn Ile Ser Cys Pro Val Ser Pro Ile Gly Ser Pro Leu Leu Arg Pro
 740 745 750
 Arg Ser Pro Gln His Met Asn Gly Arg Met Ser Pro Ser Pro Ile Ser
 755 760 765
 Ser Pro Arg Thr Ala Ser Gly Ala Ser Thr Pro Leu Asn Gly Gly Ser
 770 775 780
 Gly Ala Ile Pro Phe Ser Asn His Leu Val Tyr Ile Gln Glu Gly Leu
 785 790 795 800
 Gly Asn Leu Pro Lys Ser Ser Asn Gly Val Tyr Val Ser Gly Pro Ala
 805 810 815
 His His Asp Leu Asn Val Asp Ile Phe Arg Gly Met Gln Gln Thr Ser
 820 825 830
 His Ile Thr Ser Glu Leu Val Pro Ser Glu Ser Asp Val Leu Gly Lys
 835 840 845
 Gln Phe Ala Arg Thr Pro His Asn Glu Pro Tyr Asp Val Gln Ser Val
 850 855 860
 Leu Ala Asp Arg Val Cys Arg Gln Leu Leu Gly Asp Asn Val Lys Ile
 865 870 875 880

ES 2 547 032 B1

Asn Gln Cys Leu Asp Leu Ser Pro Asn Ser Leu Leu Ser Arg Ala Asn
 885 890 895

Gly Leu

<210> 21
 <211> 3250
 <212> DNA
 <213> Glycine max

<400> 21
 tttttgcgta ctcagatttg agctgaatat cacagtgtgg ggttgaactc agattcacgg 60
 tgtggaacaa ttcgaagggt ttagcagcca ttttcagtct ctaatttctg tctctgactc 120
 tgaagtactg cttttggaat tattggattc ttcatttggg gaggattttg gaaggatcat 180
 agtgcttata aactccacct actaatgtga aatgatagac atttcgaact attaacggga 240
 tttgtttaag caacttgttt gccacattgc aatatataaa atacaaatat gccttcatgg 300
 tgggggaaat catcgtcaac caagaagaaa gcaaataagg aaagttttat caatgcattt 360
 caccgaaaat ttaaaatccc atccgaagggt aaaccaaaaca gtagatccgg aggatctcgt 420
 agacatagca atgactcaat ttcggagaaa ggggctcagt ctctcctga atcaagatct 480
 ccttcgcctt ccaaagtggg aagggtgtcaa agctttgttg ataggcctca tgcccagcca 540
 ctaccacttc ctggcctgca cccatcaaata ataagccgag cagattctga aattagtata 600
 ccatcatcta gagcaagaca tgaaaagggc tccaaacat cattgtttct tccactacca 660
 aaaccggtgt gcatccgtgg taggttgaac cctgctgatt tggatggaga tttggtcact 720
 gcttcagtct ctagtgagag ctctgctgat agtgatgaac cagtggactc tcgcaatcgt 780
 agtcctttgg caactgactg tgaaactggg actagaactg ctgcaggcag tccctccagc 840
 ttgatgggtca aggatcaatc aactactgtt tcccaataa actcaagga agctaaaaaa 900
 ccggcaaaca ttcttggtaa tcatacgtct tctacttcac caaacgtag gcccttaagc 960
 aaccatgta cgaatctgca gattcctcct catggtgcct tctgcagtgc acctgacagt 1020
 tcaagatcaa gtccatcaag aagtccattg agatcatttg gcacagaaca ggtgttgaac 1080
 tctgcttttt gggccgaaa gccatatcca gaggtcaatt ttggtggatc tggccactgc 1140
 tcaagtcctg gttctgggtca caattctggg cataattcaa tgggagggga catgtcaggg 1200
 cagttatfff ggcaacctag caggggtagc ccagagtatt cccccgtacc tagtcccaga 1260
 atgactagcc caggtccaag ctctagaatt cagagtggag ctgttacacc tattcatcca 1320
 agagctgggg gaacaccaa tgaatcacia acaggaaggg ttgatgatgt aaaaccacag 1380
 agtcatcgtt tacccttcc tcccttagca gttaccaata ctttgccttt ctctcattca 1440
 aattctgcag caacttctcc atctatgcca agaagtcctg gaagagcaga taatccaatt 1500
 agccctggat cacgttggaa aaaaggaaag ctgcttggca gaggcacatt tggacatgct 1560

ES 2 547 032 B1

tatgttggct ttaataagga aagtggtgaa atgtgtgcta tgaaagaggt aactctgttt 1620
tcagatgatg ccaaactaa agaaagtgct aagcaattaa tgcaggaaat taccttgttg 1680
agccggttac gacatccaaa tatagtgcag tattatgggtt ccgaaacagt aggcgacaag 1740
ctttacatat atctggagta tgttgctgga ggctccatat ataaacttct tcaagaatat 1800
ggacaatttg gtgaactagc tattcgtagt tttactcaac aaattttgtc aggacttgct 1860
tatttacatg ctaaaaatac tgtccacagg gacatcaaag gagcaaatat actggtagat 1920
actaatggcc gggttaagtt ggcagacttt ggcatggcaa agcatataac agggcaatca 1980
tgtccattat cattcaaggg aagcccctat tggatggctc ctgaggttat aaaaaactct 2040
aatggttgca acctagctgt tgatatatgg agccttggat gcacagtttt ggaaatggct 2100
acaactaaac ctcttggag tcagtatgaa ggggttgctg ccatgttcaa gatttgtaat 2160
agcaaggaac tccaacaat cccagatcat ctctcttgctg aaggaaagga ttttgttagg 2220
aatgcctac aacgtaatcc acacaatcgc cttcagcca gtgaattatt ggaccacct 2280
tttgtaaaat atgctgcacc tttagaaaga cctattctgg gtcctgagtc tccttcagac 2340
ccagcagtat cagggatcac acaaggagct acaacttcgg gcattggaca aggaaggaat 2400
ccatctaagt tggattcaga tcgactttct cttcattctt ctaggttttt gaaaactaat 2460
cctcatgcaa gtgaaatcca tattccaagg aatatatctt gccctgtctc acccattgga 2520
agcccacttt tgaggccaag atcgccacaa cacatgaatg ggcgaatgtc tcctcccct 2580
atatctagcc ctcgactgc ttctggtgca tccacacctc tcaatggtgg tagtggtgcc 2640
attccattta gtaatcactt agtttacatt caagagggct ttggaagctt gccaaagtct 2700
tcaaagtgtg tctacgttag tgtccctgct gtcctcatg acttgaatat tgacattttt 2760
cgaggaatgc aacagacatc tcacattaca tcagaactgg ttccaagtga aagtgatggt 2820
ttggggaagc agtttgcacg gtctcctcat aatgagccgt atgatgttca atcagtcttg 2880
gctgaccgtg tttgccggca gctgctgggg gataatgtga aaattaacc atcccttgat 2940
ctaagtcca actctttgct cagccgggct aatggtttat gacatggagc attttccttg 3000
gccactttt tgagcaagtc ttcgatgttc gtcagaatga tccatttatt gttctatttg 3060
ctgaggaagt aattgtaaaa taaggagcca aagcatagga gaatcaatgt aataaatttt 3120
gatctaagaa tataggagct ggggcatata attccatttt gcatggcttc aggctcaggc 3180
tagtggagtt cagaaccttt cattggaagt gccaaactaa gccttaggat gaaacttct 3240
gacatttgat 3250

<210> 22
<211> 888
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 22

Met Leu Thr Trp Trp Gly Lys Ser Ser Ser Lys Glu Thr Lys Lys Lys
1 5 10 15

ES 2 547 032 B1

Ala Asn Lys Glu Ser Phe Phe Asp Thr Leu His Arg Lys Leu Arg Ile
 20 25 30

Ser Ser Lys Gly Lys Val Ser Ile Arg Ser Gly Gly Ser Arg Arg His
 35 40 45

Cys Asn Asp Thr Ile Ser Glu Lys Gly Asp His Ser Pro Cys Gly Ser
 50 55 60

Arg Ser Pro Ser Pro Ser Lys Val Ala Arg Cys Gln Ser Phe Ile Asp
 65 70 75 80

Arg Pro His Ala Gln Pro Leu Pro Leu Pro Gly Leu His Pro Ser Ser
 85 90 95

Val Gly Arg Val Asp Ser Glu Ile Ser Ile Ser Ser Lys Ser Arg Leu
 100 105 110

Glu Lys Val Ser Lys Pro Leu Ser Phe Leu Thr Leu Pro Thr Pro Gly
 115 120 125

Cys Ile Arg Cys Arg Pro Asn Pro Ala Asp Leu Asp Gly Asp Met Val
 130 135 140

Thr Ala Ser Val Phe Ser Asp Cys Ser Ala Asp Ser Asp Glu Pro Ala
 145 150 155 160

Asp Ser His Asn Arg Ser Pro Leu Ala Ile Asp Cys Glu Thr Gly Thr
 165 170 175

Arg Thr Ala Ala Gly Ser Pro Ser Ser Leu Met Leu Lys Asp Gln Pro
 180 185 190

Pro Ala Val Ser Gln Leu Asn Ser Thr Gly Val Lys Lys Pro Gly Asn
 195 200 205

Ile Leu Ser Asn His Met Ser Ser Thr Ser Pro Lys Arg Arg Pro Leu
 210 215 220

Arg Asn His Val Pro Asn Leu Gln Val Pro Pro His Gly Ala Phe Tyr
 225 230 235 240

Ser Ala Pro Asp Ser Ser Leu Ser Ser Pro Ser Arg Ser Pro Leu Arg
 245 250 255

Ala Phe Gly Thr Asp Gln Val Leu Asn Ser Ala Phe Leu Ala Gly Lys
 260 265 270

Pro Tyr Pro Glu Ile Asn Phe Val Gly Ser Gly His Cys Ser Ser Pro
 275 280 285

ES 2 547 032 B1

Gly Ser Gly His Asn Ser Gly His Asn Ser Met Gly Gly Asp Met Ser
 290 295 300
 Gly Pro Leu Leu Trp Gln Pro Ser Arg Gly Ser Pro Glu Tyr Ser Pro
 305 310 315 320
 Val Pro Ser Pro Arg Met Thr Ser Pro Gly Pro Ser Ser Arg Ile Gln
 325 330 335
 Ser Gly Ala Val Thr Pro Ile His Pro Lys Ala Gly Gly Thr Pro Thr
 340 345 350
 Glu Ser Gln Thr His Arg Leu Pro Leu Pro Pro Leu Ser Val Ser Asn
 355 360 365
 Ser Ser Leu Phe Ser His Ser Asn Ser Ala Ala Thr Ser Pro Ser Met
 370 375 380
 Pro Arg Ser Pro Ala Arg Ala Asp Asn Pro Asn Ser Gly Ser Arg Trp
 385 390 395 400
 Lys Lys Gly Lys Leu Leu Gly Ser Gly Ser Phe Gly His Val Tyr Leu
 405 410 415
 Gly Phe Asn Ser Glu Arg Gly Glu Met Cys Ala Val Lys Glu Val Thr
 420 425 430
 Leu Phe Ser Asp Asp Pro Lys Ser Met Glu Ser Ala Lys Gln Phe Met
 435 440 445
 Gln Glu Ile His Leu Leu Ser Arg Leu Gln His Pro Asn Ile Val Gln
 450 455 460
 Tyr Tyr Gly Ser Glu Thr Val Asp Asn Lys Leu Tyr Ile Tyr Leu Glu
 465 470 475 480
 Tyr Val Ser Gly Gly Ser Ile His Lys Leu Leu Arg Glu Tyr Gly Gln
 485 490 495
 Phe Gly Glu Leu Val Ile Arg Ser Tyr Thr Gln Gln Ile Leu Ser Gly
 500 505 510
 Leu Ala Tyr Leu His Ala Lys Asn Thr Leu His Arg Asp Ile Lys Gly
 515 520 525
 Ala Asn Ile Leu Val Asp Pro Thr Gly Arg Val Lys Leu Ala Asp Phe
 530 535 540
 Gly Met Ala Lys His Ile Thr Gly Gln Ser Cys Pro Leu Ser Phe Lys
 545 550 555 560

ES 2 547 032 B1

Gly Thr Pro Tyr Trp Met Ala Pro Glu Val Ile Lys Asn Ser Asn Gly
565 570 575

Cys Asn Leu Ala Val Asp Ile Trp Ser Leu Gly Cys Thr Val Leu Glu
580 585 590

Met Ala Thr Thr Lys Pro Pro Trp Phe Gln Tyr Glu Gly Val Ala Ala
595 600 605

Met Phe Lys Ile Gly Asn Ser Lys Glu Leu Pro Thr Ile Pro Asp His
610 615 620

Leu Ser Asn Glu Gly Lys Asp Phe Val Arg Lys Cys Leu Gln Arg Asn
625 630 635 640

Pro His Asp Arg Pro Ser Ala Ser Glu Leu Leu Asp His Pro Phe Val
645 650 655

Lys Asn Ala Ala Pro Leu Glu Arg Pro Ile Pro Ala Pro Glu Ala Leu
660 665 670

Asp Pro Val Ser Gly Ile Thr Gln Gly Ala Lys Ala Leu Ala Ile Gly
675 680 685

Gln Gly Arg Asn Leu Ser Ser Leu Asp Ser Asp Arg Leu Ser Val His
690 695 700

Ser Ser Arg Phe Leu Lys Thr Asn Pro His Glu Ser Glu Ile His Ile
705 710 715 720

Pro Arg Asn Ile Ser Cys Pro Val Ser Pro Ile Gly Ser Pro Leu Leu
725 730 735

Arg Ser Arg Ser Pro Gln His Arg Asn Gly Lys Met Ser Pro Ser Pro
740 745 750

Ile Ser Ser Pro Arg Thr Ala Ser Gly Ala Ser Thr Pro Leu Ala Gly
755 760 765

Gly Ser Gly Ala Ile Pro Phe Gly Asn His Ser Lys Gln Ser Ile Tyr
770 775 780

Phe Gln Glu Gly Phe Gly Ser Ile Pro Lys Ser Ser Asn Gly Val Tyr
785 790 795 800

Met Asn Gly His Ser His His Asp Ser Asn Val Asp Ile Phe Arg Gly
805 810 815

Met Gln Met Gly Ser His Ile Ser Pro Glu Leu Val Ser Ser Glu Asn
820 825 830

ES 2 547 032 B1

Asp Val Leu Val Lys Gln Phe Ala Arg His Pro His Ala Glu Pro Tyr
 835 840 845

Asp Phe Gln Ser Val Leu Ala Asp Arg Val Gly Arg Gln Leu Leu Gly
 850 855 860

Glu His Val Lys Ile Asn Pro Ser Ile Asp Leu Ser Pro Asn Ser Ser
 865 870 875 880

Leu Leu Ser Arg Pro Asn Gly Leu
 885

<210> 23
 <211> 3456
 <212> DNA
 <213> Glycine max

<400> 23
 gcgatctctt tcacttactt ttaattgcga atattttcac cacaaatcac ttcaaaatcc 60
 ttctctgctt gtcgcatttt gagtctctgt gggctctttg gggctctctc tctcgccgag 120
 ctccgcactc ttcaggaat ttcctcactc agattccagc tgaaaattgc gcagtgagtt 180
 cacttcaaat tcagagatga ttaattgaag ttttttgcaa taatagttca ataactgatt 240
 cctgtctcta attctgaagt tattactttt aaaggtttaa tggctgtgtc atgacttttg 300
 taactttgcc tactgaagtg aatgataga ttttttgaac tcttactggg atccttctaa 360
 gaaacttgcg tgccacatct caatttataa aatacaaata tgcttacatg gtggggaaaa 420
 tcatcatcaa aagaaacca gaagaaagca aataaggaaa gtttctttga cactctgcac 480
 cgaaaactta gaatttcatc caaaggtaaa gtaagcatta gatctggagg atcacgtaga 540
 cattgcaatg acacaatttc agagaaggga gatcattctc catgtggatc aagatcgctt 600
 tcaccttcca aagtggcaag gtgtcaaagt tttattgata ggcctcatgc tcagccactt 660
 ccacttcttg gtctgcatcc ttcaagtgta ggccgagtag attctgaaat tagcatatca 720
 tcaaaatcaa gattggaaaa agtctccaag ccattatcgt ttcttacgct tccaacacct 780
 ggatgcatac gttgtaggcc aaaccctgca gatttggatg gagatatggt cactgcttca 840
 gtcttttagtg attgctctgc tgacagtgat gagccggcag actcacacaa tcgtagtcct 900
 ctagcaattg actgtgagac tgggactaga actgctgctg gcagtccttc cagcttaatg 960
 ctcaaggatc aaccacctgc tgtttcccaa ctgaattcaa cgggagtaaa gaaaccagga 1020
 aatattctaa gtaatcatat gtcttctact tcacaaaac gtaggccttt acgcaacat 1080
 gttccaaatc ttcaggttcc tcctcatggt gccttctata gtgctcctga tagttccttg 1140
 tcaagtccat caagaagtcc attgagggca tttggcacag atcaggtggt gaattctgct 1200
 tttttggctg gaaagccata tccagagatc aattttgttg ggtctgggca ttgctctagt 1260
 ccaggttcag gtcacaattc tgggcacaat tcaatgggag gggacatgctc aggaccgtta 1320

ES 2 547 032 B1

ctttggcaac caagcagggg tagccctgag tattctccag tacctagtcc cagaatgact 1380
 agccctggtc caagctctag aattcagagt ggagcagtca cacctattca tcccaaagcc 1440
 gggggaacac ccacagaatc acagactcat cgattgcctc ttcctccttt gtcagtttct 1500
 aattcctcac tgttctctca ttcaaattct gcagcaacat ctccgtctat gccaaagaagt 1560
 ccagctagag cagataatcc aaactctggc tcacgttggg agaaagggaa gctgcttggc 1620
 agcggctcat ttggacatgt ctatcttggc ttcaatagtg aaagaggcga aatgtgtgca 1680
 gtgaaggagg ttaccctggt ttcagatgat cccaagtcta tggaaagtgc gaagcaatth 1740
 atgcaggaaa ttcatttatt aagccgctta cagcatccaa atattgtcca gtattatggt 1800
 tctgaaacag tcgataacaa gctttacata taccttgagt atgtatctgg aggctccata 1860
 cataaacttc ttcgagaata tgggcaatth ggtgaactag ttattcgtag ttatactcaa 1920
 caaatthtgt cagggcttgc ttatthtcat gctaaaaata ctctccatag ggatatcaaa 1980
 ggagcaata tactggtaga tccaactggt cgggtcaagt tggcagactt tggcatggca 2040
 aaacatataa cagggcaatc gtgcccattg tcattcaagg gaacacctta ctggatggct 2100
 cctgagggta taaaaaattc taatggatgc aaccttgcgg tggatatatg gagtcttggg 2160
 tgcacagtht tggaaatggc tacaaccaa cctccttggg ttcagtatga aggggttgcct 2220
 gccatgthca agattggtaa tagcaaggaa ctcccaacca tccctgatca tctctcaaat 2280
 gaaggaaaag atthtgttag gaaatgtctt cagcgtaac cecatgatcg tctctcagcc 2340
 agtgaattgt tggaccacc cthtgtaaaa aatgctgcac cthtggaaag acctattccg 2400
 gctcctgaag cthtggacc tgtthtctggg attacacagg gagcaaaagc tctggctatt 2460
 ggacaaggaa ggaatctthc tagcttggat tcagatagac thtctgttca tctthtctaga 2520
 thtthtgaaaa ctaatctca tgaaagtga atccatattc caaggaatat atcttgcct 2580
 gthtctcca ttggaagccc actthtggagg tcaagatcac cacagcacag gaatgggaaa 2640
 atgtctctt ctctatatc tagccctcgg actgcttctg gggcatctac acctcttgcct 2700
 ggtggcagtg gtgccattcc atthtggtaat cactctaaac agtccattta cthtcaagag 2760
 ggtthtggaa gcattcccaa gtcctcaaat ggtgtctaca tgaatggcca thtctatcac 2820
 gactcgaatg ttgacattht tcgaggaatg caaatggggt ctacatthc accagaactg 2880
 gthtccagtg aaaatgatgt thtggthttag cagthtthtcaa ggcattctca tgcagagcca 2940
 tatgattht agtcggtctt ggcagatcgt gthtggccggc agctgctggg ggaacatgth 3000
 aagattaacc catccattga tctcagtccc aactcgtctt tgcttagccg gccaaacggt 3060
 ttatgacatc aagatthtthc ctaaagtht tcataatacc thtggthtagc agatctgthc 3120
 atgtthctat ttgcaagaat ataactatac aataaggagc caaagcacia gagaatcaat 3180
 gtaaaaaat ttgtatccaa gaataggcta catggggcac aaaagtgcath thtgcattggc 3240
 thtggctcgg gctgatggag thcatctgtg ccacagcatt aaacattctg acaatthtgc 3300
 catatcaagc aatcaactca tacaatgct cacttgttgc aagaggaact tcttgttgha 3360

ES 2 547 032 B1

tgtaacatat ttaaagcatc aacgcatgag aggtttctct cctgcactta agatactaga 3420
aatgacagtt tatgcaatga caaatgcatc ttctag 3456

<210> 24
<211> 888
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 24

Met Leu Thr Trp Trp Gly Lys Ser Ser Ser Lys Glu Thr Lys Lys Lys
1 5 10 15

Ala Asn Lys Glu Ser Phe Phe Asp Thr Leu His Arg Lys Leu Arg Ile
20 25 30

Ser Ser Lys Gly Lys Val Ser Ile Arg Ser Gly Gly Ser Arg Arg His
35 40 45

Cys Asn Asp Thr Ile Ser Glu Lys Gly Asp His Ser Pro Cys Gly Ser
50 55 60

Arg Ser Pro Ser Pro Ser Lys Val Ala Arg Cys Gln Ser Phe Ile Asp
65 70 75 80

Arg Pro His Ala Gln Pro Leu Pro Leu Pro Gly Leu His Pro Ser Ser
85 90 95

Val Gly Arg Val Asp Ser Glu Ile Ser Ile Ser Ser Lys Ser Arg Leu
100 105 110

Glu Lys Val Ser Lys Pro Leu Ser Phe Leu Thr Leu Pro Thr Pro Gly
115 120 125

Cys Ile Arg Cys Arg Pro Asn Pro Ala Asp Leu Asp Gly Asp Met Val
130 135 140

Thr Ala Ser Val Phe Ser Asp Cys Ser Ala Asp Ser Asp Glu Pro Ala
145 150 155 160

Asp Ser His Asn Arg Ser Pro Leu Ala Ile Asp Cys Glu Thr Gly Thr
165 170 175

Arg Thr Ala Ala Gly Ser Pro Ser Ser Leu Met Leu Lys Asp Gln Pro
180 185 190

Pro Ala Val Ser Gln Leu Asn Ser Thr Gly Val Lys Lys Pro Gly Asn
195 200 205

Ile Leu Ser Asn His Met Ser Ser Thr Ser Pro Lys Arg Arg Pro Leu
210 215 220

ES 2 547 032 B1

Arg 225 Asn His Val Pro Asn 230 Leu Gln Val Pro 235 His Gly Ala Phe Tyr 240
 Ser Ala Pro Asp Ser 245 Ser Leu Ser Ser Pro 250 Ser Arg Ser Pro Leu Arg 255
 Ala Phe Gly Thr 260 Asp Gln Val Leu Asn 265 Ser Ala Phe Leu Ala Gly Lys 270
 Pro Tyr Pro 275 Glu Ile Asn Phe Val 280 Gly Ser Gly His Cys 285 Ser Ser Pro
 Gly Ser 290 Gly His Asn Ser Gly 295 His Asn Ser Met Gly 300 Gly Asp Met Ser
 Gly 305 Pro Leu Leu Trp Gln 310 Pro Ser Arg Gly Ser 315 Pro Glu Tyr Ser Pro 320
 Val Pro Ser Pro Arg 325 Met Thr Ser Pro Gly 330 Pro Ser Ser Arg Ile Gln 335
 Ser Gly Ala Val 340 Thr Pro Ile His Pro 345 Lys Ala Gly Gly Thr Pro Thr 350
 Glu Ser Gln 355 Thr His Arg Leu Pro 360 Leu Pro Pro Leu Ser Val Ser Asn 365
 Ser Ser 370 Leu Phe Ser His Ser 375 Asn Ser Ala Ala Thr Ser Pro Ser Met 380
 Pro Arg Ser Pro Ala Arg 390 Ala Asp Asn Pro Asn 395 Ser Gly Ser Arg Trp 400
 Lys Lys Gly Lys Leu 405 Leu Gly Ser Gly Ser 410 Phe Gly His Val Tyr Leu 415
 Gly Phe Asn Ser 420 Glu Arg Gly Glu Met 425 Cys Ala Val Lys Glu Val Thr 430
 Leu Phe Ser 435 Asp Asp Pro Lys Ser 440 Met Glu Ser Ala Lys Gln Phe Met 445
 Gln Glu Ile His Leu Leu Ser 455 Arg Leu Gln His Pro Asn Ile Val Gln 460
 Tyr Tyr Gly Ser Glu Thr Val Asp Asn Lys Leu Tyr Ile Tyr Leu Glu 475 480
 Tyr Val Ser Gly 485 Gly Ser Ile His Lys Leu 490 Leu Arg Glu Tyr Gly Gln 495

ES 2 547 032 B1

Phe Gly Glu Leu Val Ile Arg Ser Tyr Thr Gln Gln Ile Leu Ser Gly
 500 505 510

Leu Ala Tyr Leu His Ala Lys Asn Thr Leu His Arg Asp Ile Lys Gly
 515 520 525

Ala Asn Ile Leu Val Asp Pro Thr Gly Arg Val Lys Leu Ala Asp Phe
 530 535 540 545

Gly Met Ala Lys His Ile Thr Gly Gln Ser Cys Pro Leu Ser Phe Lys
 545 550 555 560 565

Gly Thr Pro Tyr Trp Met Ala Pro Glu Val Ile Lys Asn Ser Asn Gly
 565 570 575

Cys Asn Leu Ala Val Asp Ile Trp Ser Leu Gly Cys Thr Val Leu Glu
 580 585 590

Met Ala Thr Thr Lys Pro Pro Trp Phe Gln Tyr Glu Gly Val Ala Ala
 595 600 605

Met Phe Lys Ile Gly Asn Ser Lys Glu Leu Pro Thr Ile Pro Asp His
 610 615 620

Leu Ser Asn Glu Gly Lys Asp Phe Val Arg Lys Cys Leu Gln Arg Asn
 625 630 635 640

Pro His Asp Arg Pro Ser Ala Ser Glu Leu Leu Asp His Pro Phe Val
 645 650 655

Lys Asn Ala Ala Pro Leu Glu Arg Pro Ile Pro Ala Pro Glu Ala Leu
 660 665 670

Asp Pro Val Ser Gly Ile Thr Gln Gly Ala Lys Ala Leu Ala Ile Gly
 675 680 685

Gln Gly Arg Asn Leu Ser Ser Leu Asp Ser Asp Arg Leu Ser Val His
 690 695 700

Ser Ser Arg Phe Leu Lys Thr Asn Pro His Glu Ser Glu Ile His Ile
 705 710 715 720

Pro Arg Asn Ile Ser Cys Pro Val Ser Pro Ile Gly Ser Pro Leu Leu
 725 730 735

Arg Ser Arg Ser Pro Gln His Arg Asn Gly Lys Met Ser Pro Ser Pro
 740 745 750

Ile Ser Ser Pro Arg Thr Ala Ser Gly Ala Ser Thr Pro Leu Ala Gly
 755 760 765

ES 2 547 032 B1

Gly Ser Gly Ala Ile Pro Phe Gly Asn His Ser Lys Gln Ser Ile Tyr
 770 775 780

Phe Gln Glu Gly Phe Gly Ser Ile Pro Lys Ser Ser Asn Gly Val Tyr
 785 790 795 800

Met Asn Gly His Ser His His Asp Ser Asn Val Asp Ile Phe Arg Gly
 805 810 815

Met Gln Met Gly Ser His Ile Ser Pro Glu Leu Val Ser Ser Glu Asn
 820 825 830

Asp Val Leu Val Lys Gln Phe Ala Arg His Pro His Ala Glu Pro Tyr
 835 840 845

Asp Phe Gln Ser Val Leu Ala Asp Arg Val Gly Arg Gln Leu Leu Gly
 850 855 860

Glu His Val Lys Ile Asn Pro Ser Ile Asp Leu Ser Pro Asn Ser Ser
 865 870 875 880

Leu Leu Ser Arg Pro Asn Gly Leu
 885

<210> 25
 <211> 3351
 <212> DNA
 <213> Glycine max

<400> 25
 gtaatcatca gttgtgaaca ctgattgaga cggagacccc ttctttcacc ctctctttct 60
 ctctctcctt ctctacgcga tctctttcac ttacttttaa ttgcgaatat tttcaccaca 120
 aatcacttca aaatccttct ctgtttggtg cattttgagt cacggagtcc tttggggttc 180
 tctctctctc gcgccgagct ccgaacgctt caggggaattt cctcactcag atttgagctg 240
 aaaattgcdc agtgagttca cttcaaattc agagctgatt aattgaagtt ttttgcaata 300
 atagttcaat aactgactcc tgtctctaata tctgaagtta ttgcttttgc aatttgtgat 360
 tctcccactt ttaaaggtta atggctgcgt catggctttt gtaattctgt ctactgatgt 420
 gaaatgatag atttttggaa ctattactgg gatcctttta agaaacttgc ttgccacatc 480
 ttaatttata aaatacaaat atgcttacat ggtgggggaa atcatcatca aaaaaacca 540
 agaagaaagc aaataaggaa agtttttttg acacactgca ccgaaaactc agaatttcat 600
 ctgaaggtaa agtaaacatt agatctggag gatctcgtag gcattgcaat gacacaat 660
 cagagaaggg ggatcattct ccatctggat caagatcgcc ttcaccttcc aaagtggcaa 720
 ggtgtcaaag ttttattgat aggcctcatg ctgagccact tccacttctt ggtctgcacc 780
 cttcaagtgt aggccgagta gattccgaaa ttagcatatc atcaaaatca agattggaaa 840
 aagctcctcaa gccatcattg tttcttccac ttccaacacc tggatgcata cgttgtaggc 900

ES 2 547 032 B1

cgaaccctgc agatttggat ggagatatgg tcactccttc agtcttttagt gatttgctctg 960
 ctgacagtga tgagccggca gactcacaca atcgtagtcc tctagcaact gactgtgaga 1020
 ctgggactag aactgctgct ggcagtcctt ccagctcgat gctcaaggat caaccaccta 1080
 ctgtttccct actgaattca acaggagtaa agaaaccagg aatatattcta agtaatcata 1140
 tgtcttctac ttcacaaaaa cataggcctt tacgcaacca tgttcctcaat cttcaggttc 1200
 ctccctcatgg tgccttctat agtactcctg atagtctcctt gtcaagtcca tcaagaagtc 1260
 cattgagagc atttggcaca gatcaggtgt tgaattctgc ttttttggct ggaaagccat 1320
 atccagaggt caattttggt gggctctgggc attgctctag tccaggttca ggtcacaatt 1380
 ctgggtataa ttcaatggga ggggacatgt caggaccgtt actttggcaa ccaagcaggg 1440
 gtagccctga gtattctcca gtacctagtc ccagaatgac tagccctggt ccaagctcta 1500
 gaattcagag tggagcagtc acacctattc atcccaaagc cgggggaaca cccacagaat 1560
 cacagactca tcgtttgcct cttcctcctt tgtcagtttc taattcctca ccgttctctc 1620
 attcaaattc tgcagcaaca tctccatcta tgccaagaag tccagctaga gcagataatc 1680
 caagctctgg ctcacgttgg aagaaagggg agctgcttgg cagcggctca tttggacatg 1740
 tctatcttgg tttcaatagt gaaagtggcg aaatgtgtgc agtgaaggag gttaccctgt 1800
 tttcagatga tcccaagtct atggaaagtg ctaagcaatt tatgcaggaa attcatttat 1860
 taagccgttt acagcatcca aatatcgtcc agtattatgg ttctgaaaca gttgatgaca 1920
 agctttacat ataccttgaa tatgtatctg gaggctccat acataaactt cttcaagaat 1980
 atgggcaatt tggatgaacta gttattcgta gttatactca acagattttg tcagggcttg 2040
 cttatttgca tgctaaaaat actctccata gggatatcaa aggagcaaat atactggtag 2100
 atccaactgg tcgggtcaag ttggcagact ttggcatggc aaaacatata acagggcaat 2160
 cgtgtctatt gtcaattcaag ggaaccctt actggatggc tcctgagggt ataaagaact 2220
 ctaatggatg caaccttgca gtggatatat ggagtcttgg atgcacgggt ttggaaatgg 2280
 ctactaccaa acctccttgg tttcagtatg aagcggttgc tgccatgttc aagattggta 2340
 atagcaagga actcccaaca atccctgatc atctctcaaa tgaaggaaaa gattttgtta 2400
 ggaaatgtct tcagcgtaac ccgtatgatc gcccttcagc ctgtgaattg ttggaccacc 2460
 cttttgtaa aaatgctgca cttttggaaa gacctattct ggctcctgaa gtgttggacc 2520
 ctgtttctgg gatcatacag ggagcaaaag ctctggccgc tggacaagga aagaatcttt 2580
 ctagcttggga ttcagataga ctttctattc attcttctag atttttgaaa actaatcctc 2640
 gtgaaagtga aatccatatt ccaaggaata tatcttgccc tgtttctccc attggaagcc 2700
 cacttttgag gtcaagatca ccacagcaca ggaatgggaa aatgtctcct cctatatcta 2760
 gccctcggac tgcttctggg gcgtccacc ctcttgctgg tggcagtggt gccattccat 2820
 ttggtaatca ctctaaacag ccaatttact ttcaagaggg ttttggaaagc attcccaagt 2880
 cctcaaattg tgtctacatt aatggccatt ctcatcacga ctcgagtgtt gacatttttc 2940

ES 2 547 032 B1

gaggaatgca aataggatct cacattcaac cagaattggt ttccagtgaa aatgatgttt 3000
 tggttaatca gtttgcaagg catcctcatg cagagccata tgattttcag tcagtcttgg 3060
 cagatcgtgt tggccggcag ctgctgaggg aacatgttaa gattaacca tccattgatc 3120
 tcagtcccaa ctcgctctttg cttagccggc caaacggttt atgacatcaa gatttttctt 3180
 taagtttctc atagtacctt tggttatgca gatctgttca ttgttctatt tgcaagaata 3240
 taactataca ataaggagcc aaagcacaag agaatcgatg taaataaatt tgcactgag 3300
 aataggctac atggggcaca aaagtgcatt ttgcatggct tctgctcggg c 3351

<210> 26
 <211> 887
 <212> PRT
 <213> Glycine max

<400> 26

Met Leu Thr Trp Trp Gly Lys Ser Ser Ser Lys Lys Thr Lys Lys Lys
 1 5 10 15

Ala Asn Lys Glu Ser Phe Phe Asp Thr Leu His Arg Lys Leu Arg Ile
 20 25 30

Ser Ser Glu Gly Lys Val Asn Ile Arg Ser Gly Gly Ser Arg Arg His
 35 40 45

Cys Asn Asp Thr Ile Ser Glu Lys Gly Asp His Ser Pro Ser Gly Ser
 50 55 60

Arg Ser Pro Ser Pro Ser Lys Val Ala Arg Cys Gln Ser Phe Ile Asp
 65 70 75 80

Arg Pro His Ala Gln Pro Leu Pro Leu Pro Gly Leu His Pro Ser Ser
 85 90 95

Val Gly Arg Val Asp Ser Glu Ile Ser Ile Ser Ser Lys Ser Arg Leu
 100 105 110

Glu Lys Val Ser Lys Pro Ser Leu Phe Leu Pro Leu Pro Thr Pro Gly
 115 120 125

Cys Ile Arg Cys Arg Pro Asn Pro Ala Asp Leu Asp Gly Asp Met Val
 130 135 140

Thr Pro Ser Val Phe Ser Asp Cys Ser Ala Asp Ser Asp Glu Pro Ala
 145 150 155 160

Asp Ser His Asn Arg Ser Pro Leu Ala Thr Asp Cys Glu Thr Gly Thr
 165 170 175

Arg Thr Ala Ala Gly Ser Pro Ser Ser Ser Met Leu Lys Asp Gln Pro
 180 185 190

ES 2 547 032 B1

Pro Thr Val₁₉₅ Ser Leu Leu Asn Ser₂₀₀ Thr Gly Val Lys Lys₂₀₅ Pro Gly Asn
Ile Leu₂₁₀ Ser Asn His Met Ser₂₁₅ Ser Thr Ser Pro Lys₂₂₀ His Arg Pro Leu
Arg Asn His Val₂₂₅ Pro Asn₂₃₀ Leu Gln Val₂₃₅ Pro Pro His Gly Ala Phe Tyr₂₄₀
Ser Thr Pro Asp Ser₂₄₅ Ser Leu Ser Ser Pro₂₅₀ Ser Arg Ser Pro Leu₂₅₅ Arg
Ala Phe Gly Thr₂₆₀ Asp Gln Val₂₆₅ Leu Asn Ser Ala Phe Leu Ala₂₇₀ Gly Lys
Pro Tyr Pro₂₇₅ Glu Val₂₈₀ Asn Phe Val₂₈₅ Gly Ser Gly His Cys Ser Ser Pro
Gly Ser₂₉₀ Gly His Asn Ser Gly₂₉₅ Tyr Asn Ser Met Gly₃₀₀ Gly Asp Met Ser
Gly₃₀₅ Pro Leu Leu Trp Gln₃₁₀ Pro Ser Arg Gly Ser₃₁₅ Pro Glu Tyr Ser Pro₃₂₀
Val₃₂₅ Pro Ser Pro Arg₃₂₅ Met Thr Ser Pro Gly₃₃₀ Pro Ser Ser Arg Ile₃₃₅ Gln
Ser Gly Ala Val₃₄₀ Thr Pro Ile His Pro₃₄₅ Lys Ala Gly Gly Thr₃₅₀ Pro Thr
Glu Ser Gln₃₅₅ Thr His Arg Leu Pro₃₆₀ Leu Pro Pro Leu Ser₃₆₅ Val Ser Asn
Ser Ser₃₇₀ Pro Phe Ser His Ser₃₇₅ Asn Ser Ala Ala Thr₃₈₀ Ser Pro Ser Met
Pro Arg Ser Pro Ala Arg₃₉₀ Ala Asp Asn Pro Ser₃₉₅ Ser Gly Ser Arg Trp₄₀₀
Lys Lys Gly Lys Leu₄₀₅ Leu Gly Ser Gly Ser₄₁₀ Phe Gly His Val₄₁₅ Tyr Leu
Gly Phe Asn Ser₄₂₀ Glu Ser Gly Glu Met₄₂₅ Cys Ala Val Lys Glu₄₃₀ Val Thr
Leu Phe Ser₄₃₅ Asp Asp Pro Lys Ser Met Glu Ser Ala Lys₄₄₅ Gln Phe Met
Gln Glu₄₅₀ Ile His Leu Leu Ser₄₅₅ Arg Leu Gln His Pro₄₆₀ Asn Ile Val Gln

ES 2 547 032 B1

Tyr Tyr Gly Ser Glu Thr Val Asp Asp Lys Leu Tyr Ile Tyr Leu Glu
465 470 475 480

Tyr Val Ser Gly Gly Ser Ile His Lys Leu Leu Gln Glu Tyr Gly Gln
485 490 495

Phe Gly Glu Leu Val Ile Arg Ser Tyr Thr Gln Gln Ile Leu Ser Gly
500 505 510

Leu Ala Tyr Leu His Ala Lys Asn Thr Leu His Arg Asp Ile Lys Gly
515 520 525

Ala Asn Ile Leu Val Asp Pro Thr Gly Arg Val Lys Leu Ala Asp Phe
530 535 540

Gly Met Ala Lys His Ile Thr Gly Gln Ser Cys Leu Leu Ser Phe Lys
545 550 555 560 565

Gly Thr Pro Tyr Trp Met Ala Pro Glu Val Ile Lys Asn Ser Asn Gly
565 570 575

Cys Asn Leu Ala Val Asp Ile Trp Ser Leu Gly Cys Thr Val Leu Glu
580 585 590

Met Ala Thr Thr Lys Pro Pro Trp Phe Gln Tyr Glu Ala Val Ala Ala
595 600 605

Met Phe Lys Ile Gly Asn Ser Lys Glu Leu Pro Thr Ile Pro Asp His
610 615 620

Leu Ser Asn Glu Gly Lys Asp Phe Val Arg Lys Cys Leu Gln Arg Asn
625 630 635 640

Pro Tyr Asp Arg Pro Ser Ala Cys Glu Leu Leu Asp His Pro Phe Val
645 650 655

Lys Asn Ala Ala Pro Leu Glu Arg Pro Ile Leu Ala Pro Glu Val Leu
660 665 670

Asp Pro Val Ser Gly Ile Ile Gln Gly Ala Lys Ala Leu Ala Ala Gly
675 680 685

Gln Gly Lys Asn Leu Ser Ser Leu Asp Ser Asp Arg Leu Ser Ile His
690 695 700

Ser Ser Arg Phe Leu Lys Thr Asn Pro Arg Glu Ser Glu Ile His Ile
705 710 715 720

Pro Arg Asn Ile Ser Cys Pro Val Ser Pro Ile Gly Ser Pro Leu Leu
725 730 735

ES 2 547 032 B1

Arg Ser Arg Ser Pro Gln His Arg Asn Gly Lys Met Ser Pro Pro Ile
740 745 750

Ser Ser Pro Arg Thr Ala Ser Gly Ala Ser Thr Pro Leu Ala Gly Gly
755 760 765

Ser Gly Ala Ile Pro Phe Gly Asn His Ser Lys Gln Pro Ile Tyr Phe
770 775 780

Gln Glu Gly Phe Gly Ser Ile Pro Lys Ser Ser Asn Gly Val Tyr Ile
785 790 795 800

Asn Gly His Ser His His Asp Ser Ser Val Asp Ile Phe Arg Gly Met
805 810 815

Gln Ile Gly Ser His Ile Gln Pro Glu Leu Val Ser Ser Glu Asn Asp
820 825 830

Val Leu Val Asn Gln Phe Ala Arg His Pro His Ala Glu Pro Tyr Asp
835 840 845

Phe Gln Ser Val Leu Ala Asp Arg Val Gly Arg Gln Leu Leu Arg Glu
850 855 860

His Val Lys Ile Asn Pro Ser Ile Asp Leu Ser Pro Asn Ser Ser Leu
865 870 875 880

Leu Ser Arg Pro Asn Gly Leu
885

<210> 27
<211> 2535
<212> DNA
<213> Glycine max

<400> 27
atgtcatcat ggtgggaaaa gtcttcatcc aaagatgtaa agaggaaaga aaaaaggaaa 60
agtattattg atacaataca aaggaaatta aataaatcaa gaggggtctag gagaaatcat 120
agtcacacta actcagagaa gggaaccaca tcccttgtag ctacaacatc accatcaccc 180
tcaacacatg tttcccgctt acaaagtttt gcgaaagac ctcttgctca gccactccca 240
ctcccaggga cgcactgctc ctccaccaat cgagcaaatt ctggaactag tgtaaatca 300
aaaccacaaa gcacctgggg cttgaaatca tctctatatt tccccttacc aaaacctggt 360
tgtgttttta acaggggaga acctacagat gccgaggaag atattgccac tgcataat 420
tctagtggca gctctattga tagtgatgac caatgtgact cacatttctt tagtcctctg 480
gcatctgatt ctgaaaatgg aaaccaagct accgttcaca ataccgtcag tgtggttcac 540
aaggatcaac caccattac tatcAAAA aactcaagag tatcctcaaa accagctcct 600

ES 2 547 032 B1

caactgtgta atcatcaact tttatataac acacccaaag gggcttcttt gcatctgccg 660
 aatccgcaaa tagcttcttc aggtggtttg tggagtgtc cagacagttc aatgtcaagt 720
 ccttctagaa gtccactgag aatgtttggt tccgagcaag ttttgaattc tggattctgt 780
 acaggaaagc tatatccaga tttagctact aggcaactgt ctagtctctg ttcaggccat 840
 aattcagttg gtggggatct gacagggcat aattctccga taccaggtcc tggaatgaaa 900
 agtcctgggt tcagttccag gatacacagt ggtgctgtca cccctcttca tccacgtgct 960
 ggaagtgtg cattagaatc gccacaaga cgccctgatg acgtgaaaca gactcaccga 1020
 ttacctctc ctccaataac aatacctaatt cattgtccat tttctccaac atattctgca 1080
 actactactc cttcagcgcc tcgtagtccc agcatagcag aaaatctaac atactctggc 1140
 tcgctgtgga aaaaggggca actgcttggga agggggacat ttgggcatgt atatcttggg 1200
 tttaacagtg aaagtgggta gatgtgtgca atgaaggagg taactctttt ttcagatgat 1260
 gctaaatcaa gggaaagtgc tcaacaactt ggccaagaaa ttgcattgct aagtcacctg 1320
 cggcatccaa atatagtcca atattatgga tctgagacgg tagatgataa actttatata 1380
 tacttggagt atgtctctgg tgggtcaatc tataagttgc ttcaacagta tggccagctt 1440
 agtgaattg ttattcgtaa ttatactcgg caaattctgt taggtcttgc ttatttacat 1500
 gctaaaaaca ctgttcatag agacattaa gccgcaaaca tattggtgga tcctaattggg 1560
 agggtaaaat tggcagattt tggcatggca aagcatataa gtgggcaatc ctgtccatta 1620
 tctttcaaag gaagtcctta ctggatggca cctgaggtga taaagaattc aaatggttgt 1680
 aatcttctg ttgatatag gagccttggc tccaccgttt tcgagatggc tactacaaaa 1740
 cctccttgg gccaatacga aggggttgcg gctatgttta agattggaaa cagcaaggac 1800
 cttcctgcaa tgccagatca tctatcagaa gatggaaaag attttatcag gcaatgcttg 1860
 caaaggaatc cagtgcacg tccctctgct gctcaacttc tgctgcatcc atttgttaaa 1920
 aaagccacac tgggaagacc tgttctgtct gctgacctt tagaagcaaa acctgatttt 1980
 gtaaatacta tgagatctct ggctattgga cctgcaaaac ataatttagg cttagtttca 2040
 gaagcagctg gtacatatct gtctagaagc ttgagaactg gctcaggatc aagtgaagcc 2100
 catacaccia ggaacatttc atactctgtg tctcctactg ggaaccact tttgcctcct 2160
 aggttactgc atgtgagtgg aaggctgtct ccatctagtc ctcaactgc atctggctca 2220
 tctacaccgc tctactggtg cattggtgca gtcccttttc atcaaaaa gcagccaatg 2280
 ttctcacatg aaggtatcag tgtaatacaa aggcctcaaa gttatcagga gccaatgcat 2340
 gaccacttt gggggattct gaaaagcact cttgcttggc cggatatagt ttcgtccaat 2400
 aatgatgtc ttgaaacca taataggagg gttggccagg gactcccaag agatttttat 2460
 gatgggaagt catatttagc ggatcgtgta tcgcaacagc tgttaaacga tcatgtaaga 2520
 aaatttcatt cctag 2535

<210> 28

ES 2 547 032 B1

<211> 844
 <212> PRT
 <213> Glycine max

<400> 28

Met Ser Ser Trp Trp Glu Lys Ser Ser Ser Lys Asp Val Lys Arg Lys
 1 5 10 15

Glu Lys Arg Lys Ser Ile Ile Asp Thr Ile Gln Arg Lys Leu Asn Lys
 20 25 30

Ser Arg Gly Ser Arg Arg Asn His Ser His Thr Asn Ser Glu Lys Gly
 35 40 45

Thr Thr Ser Leu Val Pro Thr Thr Ser Pro Ser Pro Ser Thr His Val
 50 55 60

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

Leu Pro Gly Thr His Cys Ser Ser Thr Asn Arg Ala Asn Ser Gly Thr
 85 90 95

Ser Val Thr Ser Lys Pro Gln Ser Thr Trp Gly Leu Lys Ser Ser Leu
 100 105 110

Tyr Phe Pro Leu Pro Lys Pro Gly Cys Val Phe Asn Arg Gly Glu Pro
 115 120 125

Thr Asp Ala Glu Glu Asp Ile Ala Thr Ala Ser Ile Ser Ser Gly Ser
 130 135 140

Ser Ile Asp Ser Asp Asp Gln Cys Asp Ser His Phe Leu Ser Pro Leu
 145 150 155 160

Ala Ser Asp Ser Glu Asn Gly Asn Gln Ala Thr Val His Asn Thr Val
 165 170 175

Ser Val Val His Lys Asp Gln Pro Pro Ile Thr Ile Gln Lys Asn Ser
 180 185 190

Arg Val Ser Ser Lys Pro Ala Pro Gln Leu Cys Asn His Gln Leu Leu
 195 200 205

Tyr Asn Thr Pro Lys Gly Ala Ser Leu His Leu Pro Asn Pro Gln Ile
 210 215 220

Ala Ser Ser Gly Gly Leu Trp Ser Ala Pro Asp Ser Ser Met Ser Ser
 225 230 235 240

Pro Ser Arg Ser Pro Leu Arg Met Phe Gly Ser Glu Gln Val Leu Asn
 245 250 255

ES 2 547 032 B1

Ser Gly Phe Cys Thr Gly Lys Leu Tyr Pro Asp Leu Ala Thr Arg His
 260 265 270

Cys Ser Ser Pro Gly Ser Gly His Asn Ser Val Gly Gly Asp Leu Thr
 275 280 285

Gly His Asn Ser Pro Ile Pro Ser Pro Gly Met Lys Ser Pro Gly Phe
 290 295 300

Ser Ser Arg Ile His Ser Gly Ala Val Thr Pro Leu His Pro Arg Ala
 305 310 315 320

Gly Ser Ala Ala Leu Glu Ser Pro Thr Arg Arg Pro Asp Asp Val Lys
 325 330 335

Gln Thr His Arg Leu Pro Leu Pro Pro Ile Thr Ile Pro Asn His Cys
 340 345 350

Pro Phe Ser Pro Thr Tyr Ser Ala Thr Thr Thr Pro Ser Ala Pro Arg
 355 360 365

Ser Pro Ser Ile Ala Glu Asn Leu Thr Tyr Pro Gly Ser Arg Trp Lys
 370 375 380

Lys Gly Gln Leu Leu Gly Arg Gly Thr Phe Gly His Val Tyr Leu Gly
 385 390 395 400

Phe Asn Ser Glu Ser Gly Glu Met Cys Ala Met Lys Glu Val Thr Leu
 405 410 415

Phe Ser Asp Asp Ala Lys Ser Arg Glu Ser Ala Gln Gln Leu Gly Gln
 420 425 430 435

Glu Ile Ala Leu Leu Ser His Leu Arg His Pro Asn Ile Val Gln Tyr
 435 440 445

Tyr Gly Ser Glu Thr Val Asp Asp Lys Leu Tyr Ile Tyr Leu Glu Tyr
 450 455 460

Val Ser Gly Gly Ser Ile Tyr Lys Leu Leu Gln Gln Tyr Gly Gln Leu
 465 470 475 480

Ser Glu Ile Val Ile Arg Asn Tyr Thr Arg Gln Ile Leu Leu Gly Leu
 485 490 495

Ala Tyr Leu His Ala Lys Asn Thr Val His Arg Asp Ile Lys Ala Ala
 500 505 510

Asn Ile Leu Val Asp Pro Asn Gly Arg Val Lys Leu Ala Asp Phe Gly
 515 520 525

ES 2 547 032 B1

Met Ala Lys His Ile Ser Gly Gln Ser Cys Pro Leu Ser Phe Lys Gly
530 535 540

Ser Pro Tyr Trp Met Ala Pro Glu Val Ile Lys Asn Ser Asn Gly Cys
545 550 555 560

Asn Leu Ala Val Asp Ile Trp Ser Leu Gly Ser Thr Val Phe Glu Met
565 570 575

Ala Thr Thr Lys Pro Pro Trp Ser Gln Tyr Glu Gly Val Ala Ala Met
580 585 590

Phe Lys Ile Gly Asn Ser Lys Asp Leu Pro Ala Met Pro Asp His Leu
595 600 605

Ser Glu Asp Gly Lys Asp Phe Ile Arg Gln Cys Leu Gln Arg Asn Pro
610 615 620

Val His Arg Pro Ser Ala Ala Gln Leu Leu Leu His Pro Phe Val Lys
625 630 635 640

Lys Ala Thr Leu Gly Arg Pro Val Leu Ser Ala Asp Pro Leu Glu Ala
645 650 655

Lys Pro Asp Phe Val Asn Thr Met Arg Ser Leu Ala Ile Gly Pro Ala
660 665 670

Lys His Asn Leu Gly Leu Val Ser Glu Ala Ala Gly Thr Tyr Leu Ser
675 680 685

Arg Ser Leu Arg Thr Gly Ser Gly Ser Ser Glu Ala His Thr Pro Arg
690 695 700

Asn Ile Ser Tyr Pro Val Ser Pro Thr Gly Asn Pro Leu Leu Pro Pro
705 710 715 720

Arg Leu Leu His Val Ser Gly Arg Leu Ser Pro Ser Ser Pro His Thr
725 730 735

Ala Ser Gly Ser Ser Thr Pro Leu Thr Gly Gly Ile Gly Ala Val Pro
740 745 750

Phe His Gln Thr Lys Gln Pro Met Phe Ser His Glu Gly Ile Ser Val
755 760 765

Ile Gln Arg Pro Gln Ser Tyr Gln Glu Pro Met His Asp Pro Leu Trp
770 775 780

Gly Ile Leu Lys Ser Thr Leu Ala Cys Pro Asp Ile Val Ser Ser Asn
785 790 795 800

ES 2 547 032 B1

Asn Asp Ala Leu Gly Asn His Asn Arg Arg Val Gly Gln Gly Leu Pro
 805 810 815

Arg Asp Phe Tyr Asp Gly Lys Ser Tyr Leu Ala Asp Arg Val Ser Gln
 820 825 830

Gln Leu Leu Asn Asp His Val Arg Lys Phe His Ser
 835 840

<210> 29
 <211> 3117
 <212> DNA
 <213> Glycine max

<400> 29
 atgCGgttGt ggtggggaaa gtcttcttcc aaagagtcga agaggaaggc aaacaaggaa 60
 actattattg atacaataca gcggaaatta aagaatactt ctgaagagaa gtgcaacaat 120
 aaatcaggaa ggtcaaggag acatcatgat gatgccatat ctaagaaggg ttctagatct 180
 ctcacacctt caacatcagc atcacctca acacatgtgt ctgcggttcc aagttttaca 240
 gaaaggcctc tttctcaacc actcccatta ccagggtcac atcttccagc tgccattgat 300
 gtaagtctg gagttatfff aacatcaaaa ctggaaagag ccataggctc taagctatct 360
 ctgaatfff ctcttcaaaa acctggctat gtatcaaaaca aggaagatcc tacagatgca 420
 gcaggagata tagcctctgc atctgfffct agtgacagct caattgatag tggcaactca 480
 tttgattcgc cacatcttgt tagtccactg gcatctgact gtgaaaatgg aaaccagcc 540
 accattaata gttctttaag tgtggtgcac aggaatcagt cacttattac tatccaaaga 600
 aactcaagag catcctcaaa atcatctcct cagttgtgca ataataaac ttcacatcaacc 660
 tcaccaagag gggctccatt acatctgcaa aatctgaaaa tagctcaacc aggtggtttg 720
 tgtagtgctc cagatagttc agtgtcaagt cttctagaa atcaaatggg agcatttgga 780
 cctgagcaaa tgttgaactc tgaattacac acaggaaagc cttatccaga tataccttct 840
 gggcgctgct ataatccagt ttcgggtcgt gattctggtc ataattcagt tgggggggat 900
 atttcaggac agatgatttt gccacagaac aagcgtagcc ctgagtgttc ttcaatacct 960
 agtcccagaa ttacaagccc tgggtcccagt tccaggacac agagtgggtac tgtgaccctt 1020
 ctgcatccta aagctggagg cgctgcagca gaagcaccta caagacgtcc tgatgatgtg 1080
 aaacaaaaaa atcatcagtt agcaattcct ccaataacag ccactaaatc ttgtccattt 1140
 tctccaacct attctgcatt gacaactcct tcagcccctc gtagtcctgg cagatcagaa 1200
 aattcatcaa gcccaggttc acgctggaaa aaggggcagt tgcttgggaag gggaaacattt 1260
 ggacatgtat atcttggfff taacagagaa tgtggtgaga tgtgtgcaat gaaggaggta 1320
 accctffff ctgatgatgc taaatcaagg gaaagtgcgc agcaacttgg ccaagaaatt 1380
 gcaatgctta gtcagttgcg gcatccaaat attgttcagt attatggatc tgagacggta 1440

ES 2 547 032 B1

gatgacagac tttatgtata cttggagtat gtctctggtg ggtcaatcta taagctggtt 1500
aaagaatatg gccagttagg tgaattgct attcgtaatt atactcggca aattctatta 1560
ggacttgcgt atttgcacac caagaacact gttcacaggg acattaaagg agcaaacata 1620
ttggtggacc ctagtgggcg gataaaattg gcagattttg ggatggcaaa gcatataagc 1680
gggtcctctt gtccattttc tttcaaagga agtccttact ggatggcacc tgaggttata 1740
aaaaattcaa atggttgtaa tcttgcggtt gatatatgga gtctaggatg cactgttttg 1800
gagatggcaa caacaaaacc tccttgagc caatatgaag gggttgctgc tttgtttaag 1860
attgggaata gcaaggaact tcctacaatt ccagatcatc tatcagaaga tggaaaagat 1920
tttgtcaggc tttgtttgca aaggaatcct ctaaactgct cctcagctgc tcaacttcta 1980
gatcatccat ttgttaaaaa tgctatgctg gaaagatcca ttttaactgc cgttccttca 2040
gaagatccaa ctgccataat aatgcagtg agatctctgg ccgttggacc tgtaaaacat 2100
aatttatgct tagactcaga agtggctggg atctatccac tcagaagctt gagaactggt 2160
tctggatcaa gcaatgctca tacaccaagg aacatctctt gtcccgtttc tccctctttg 2220
ccttataaat cattgcatag aagtggaaga atgtctcctt ctccaatacc cagccctaat 2280
actgcatctg gctcatcttc accactaacc agtggtggtg gtgctattcc atttcatcag 2340
acaaagcaac cactattttc acatgaagtt gtgggtatga tccaaaagtc tcagaatggc 2400
gctattccaa caggtagacc ttgtgctgtg tctggctcat cttcaccacg aaccagtggc 2460
ggtggtggtg tcccatttca tcagacaaag aagacactat tatcatatga agttgtgggt 2520
atgatccaaa agtctcggaa tgggtctatt ccaatatcta gccctcatac tgcattctggt 2580
tcatcttgc cactaaccag tgggtggtggt gccattccat ttcattcagac aaagcaacca 2640
ctatttctcaa atgaagttgt ggctatgatc caaagtctc aaagtgggtc tattcctata 2700
tctagccctc gtactgggtc tgggtcatct tcgccactaa ccagtgggtg cggtgctatt 2760
ccatttcatc agacaaatca accactattc tcacatgaag ttgtgggtat gatccaaaag 2820
cctccgaatg tttttattc aatggaaat actgcttatt aggggtctaa gcatgagcag 2880
tttgggagaa acttgcaaac tacacatcct tgctgggatg tagtttcatc tgataatgat 2940
gctcttccaa accattccag gagggctgtc cagggagacc caataaaatt tcgtgatgag 3000
aagtcattgct tggctgattg tgtgtcacag caactgttga gggattatgt tcgcctaaat 3060
gcatgccttg ataataagct caatacccca aatcctgatt gcattaatgg cttgtga 3117

<210> 30
<211> 1038
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 30

Met Arg Leu Trp Trp Gly Lys Ser Ser Ser Lys Glu Ser Lys Arg Lys
1 5 10 15

ES 2 547 032 B1

Ala Asn Lys Glu Thr Ile Ile Asp Thr Ile Gln Arg Lys Leu Lys Asn
20 25 30

Thr Ser Glu Glu Lys Cys Asn Asn Lys Ser Gly Arg Ser Arg Arg His
35 40 45

His Asp Asp Ala Ile Ser Lys Lys Gly Ser Arg Ser Leu Thr Pro Ser
50 55 60

Thr Ser Ala Ser Pro Ser Thr His Val Ser Arg Val Pro Ser Phe Thr
65 70 75 80

Glu Arg Pro Leu Ser Gln Pro Leu Pro Leu Pro Gly Ser His Leu Pro
85 90 95

Ala Ala Ile Asp Val Ser Ser Gly Val Ile Leu Thr Ser Lys Leu Glu
100 105 110

Arg Ala Ile Gly Ser Lys Leu Ser Leu Asn Phe Pro Leu Gln Lys Pro
115 120 125

Gly Tyr Val Ser Asn Lys Glu Asp Pro Thr Asp Ala Ala Gly Asp Ile
130 135 140

Ala Ser Ala Ser Val Ser Ser Asp Ser Ser Ile Asp Ser Gly Asn Ser
145 150 155 160

Phe Asp Ser Pro His Leu Val Ser Pro Leu Ala Ser Asp Cys Glu Asn
165 170 175

Gly Asn Pro Ala Thr Ile Asn Ser Ser Leu Ser Val Val His Arg Asn
180 185 190

Gln Ser Leu Ile Thr Ile Gln Arg Asn Ser Arg Ala Ser Ser Lys Ser
195 200 205

Ser Pro Gln Leu Cys Asn Asn Lys Thr Ser Ser Thr Ser Pro Arg Gly
210 215 220

Ala Pro Leu His Leu Gln Asn Leu Lys Ile Ala Gln Pro Gly Gly Leu
225 230 235 240

Cys Ser Ala Pro Asp Ser Ser Val Ser Ser Pro Ser Arg Asn Gln Met
245 250 255

Gly Ala Phe Gly Pro Glu Gln Met Leu Asn Ser Glu Leu His Thr Gly
260 265 270

Lys Pro Tyr Pro Asp Ile Pro Ser Gly Arg Cys Tyr Asn Pro Val Ser
275 280 285

ES 2 547 032 B1

Gly Arg Asp Ser Gly His Asn Ser Val Gly Gly Asp Ile Ser Gly Gln
 290 295 300

Met Ile Leu Pro Gln Asn Lys Arg Ser Pro Glu Cys Ser Ser Ile Pro
 305 310 315 320

Ser Pro Arg Ile Thr Ser Pro Gly Pro Ser Ser Arg Thr Gln Ser Gly
 325 330 335

Thr Val Thr Pro Leu His Pro Lys Ala Gly Gly Ala Ala Ala Glu Ala
 340 345 350

Pro Thr Arg Arg Pro Asp Asp Val Lys Gln Lys Asn His Gln Leu Ala
 355 360 365

Ile Pro Pro Ile Thr Ala Thr Lys Ser Cys Pro Phe Ser Pro Thr Tyr
 370 375 380

Ser Ala Leu Thr Thr Pro Ser Ala Pro Arg Ser Pro Gly Arg Ser Glu
 385 390 395 400

Asn Ser Ser Ser Pro Gly Ser Arg Trp Lys Lys Gly Gln Leu Leu Gly
 405 410 415

Arg Gly Thr Phe Gly His Val Tyr Leu Gly Phe Asn Arg Glu Cys Gly
 420 425 430

Glu Met Cys Ala Met Lys Glu Val Thr Leu Phe Ser Asp Asp Ala Lys
 435 440 445

Ser Arg Glu Ser Ala Gln Gln Leu Gly Gln Glu Ile Ala Met Leu Ser
 450 455 460

Gln Leu Arg His Pro Asn Ile Val Gln Tyr Tyr Gly Ser Glu Thr Val
 465 470 475 480

Asp Asp Arg Leu Tyr Val Tyr Leu Glu Tyr Val Ser Gly Gly Ser Ile
 485 490 495

Tyr Lys Leu Val Lys Glu Tyr Gly Gln Leu Gly Glu Ile Ala Ile Arg
 500 505 510

Asn Tyr Thr Arg Gln Ile Leu Leu Gly Leu Ala Tyr Leu His Thr Lys
 515 520 525

Asn Thr Val His Arg Asp Ile Lys Gly Ala Asn Ile Leu Val Asp Pro
 530 535 540

Ser Gly Arg Ile Lys Leu Ala Asp Phe Gly Met Ala Lys His Ile Ser
 545 550 555 560

ES 2 547 032 B1

Gly Ser Ser Cys Pro Phe Ser Phe Lys Gly Ser Pro Tyr Trp Met Ala
565 570 575

Pro Glu Val Ile Lys Asn Ser Asn Gly Cys Asn Leu Ala Val Asp Ile
580 585 590

Trp Ser Leu Gly Cys Thr Val Leu Glu Met Ala Thr Thr Lys Pro Pro
595 600 605

Trp Ser Gln Tyr Glu Gly Val Ala Ala Leu Phe Lys Ile Gly Asn Ser
610 615 620

Lys Glu Leu Pro Thr Ile Pro Asp His Leu Ser Glu Asp Gly Lys Asp
625 630 635 640

Phe Val Arg Leu Cys Leu Gln Arg Asn Pro Leu Asn Arg Pro Ser Ala
645 650 655

Ala Gln Leu Leu Asp His Pro Phe Val Lys Asn Ala Met Leu Glu Arg
660 665 670

Ser Ile Leu Thr Ala Val Pro Ser Glu Asp Pro Thr Ala Ile Ile Asn
675 680 685

Ala Val Arg Ser Leu Ala Val Gly Pro Val Lys His Asn Leu Cys Leu
690 695 700

Asp Ser Glu Val Ala Gly Ile Tyr Pro Leu Arg Ser Leu Arg Thr Gly
705 710 715 720

Ser Gly Ser Ser Asn Ala His Thr Pro Arg Asn Ile Ser Cys Pro Val
725 730 735

Ser Pro Ser Leu Pro Tyr Lys Ser Leu His Arg Ser Gly Arg Met Ser
740 745 750

Pro Ser Pro Ile Pro Ser Pro Asn Thr Ala Ser Gly Ser Ser Ser Pro
755 760 765

Leu Thr Ser Gly Gly Gly Ala Ile Pro Phe His Gln Thr Lys Gln Pro
770 775 780

Leu Phe Ser His Glu Val Val Gly Met Ile Gln Lys Ser Gln Asn Gly
785 790 795 800

Ala Ile Pro Thr Gly Arg Pro Cys Ala Val Ser Gly Ser Ser Ser Pro
805 810 815

Arg Thr Ser Gly Gly Gly Val Val Pro Phe His Gln Thr Lys Lys Thr
820 825 830

ES 2 547 032 B1

Leu Leu Ser Tyr Glu Val Val Gly Met Ile Gln Lys Ser Arg Asn Gly
835 840 845

Ala Ile Pro Ile Ser Ser Pro His Thr Ala Ser Gly Ser Ser Ser Pro
850 855 860

Leu Thr Ser Gly Gly Gly Ala Ile Pro Phe His Gln Thr Lys Gln Pro
865 870 875 880

Leu Phe Ser Asn Glu Val Val Ala Met Ile Gln Lys Ser Gln Ser Gly
885 890 895

Ala Ile Pro Ile Ser Ser Pro Arg Thr Gly Ser Gly Ser Ser Ser Pro
900 905 910

Leu Thr Ser Gly Gly Gly Ala Ile Pro Phe His Gln Thr Asn Gln Pro
915 920 925

Leu Phe Ser His Glu Val Val Gly Met Ile Gln Lys Pro Pro Asn Val
930 935 940

Phe Tyr Ser Asn Gly Asn Thr Ala Tyr Gln Gly Ser Lys His Glu Gln
945 950 955 960

Phe Gly Arg Asn Leu Gln Thr Thr His Pro Cys Trp Asp Val Val Ser
965 970 975

Ser Asp Asn Asp Ala Leu Pro Asn His Ser Arg Arg Ala Val Gln Gly
980 985 990

Asp Pro Ile Lys Phe Arg Asp Glu Lys Ser Cys Leu Ala Asp Cys Val
995 1000 1005

Ser Gln Gln Leu Leu Arg Asp Tyr Val Arg Leu Asn Ala Cys Leu
1010 1015 1020

Asp Asn Lys Leu Asn Thr Pro Asn Pro Asp Cys Ile Asn Gly Leu
1025 1030 1035

<210> 31
<211> 2670
<212> DNA
<213> Cucumis melo

<400> 31
atgccttcat ggtgggggaa gtcacatca aaagaagtaa agaaaagcaa ggaaagttaa 60
atcgacacat tgacagagaaa acttagaact actgatggta aaacgaacag caaatcagga 120
gagtctccga gaaattgtaa tgacacaatt tctgagcagg gatctcgatc tcctatTTTT 180
tcaagatcag cttccccttc caacaagtt ttaagatgtc aaagcttttc cgagaggcca 240
caagcacaac ctctccact tcctgggtgtc cagccgcaa ttgtaggtcg gacagactct 300

ES 2 547 032 B1

gggattagga tttcaccaaa accaagatct gaaaggggct ccaagccatc atcattttcta 360
 ccacttccaa gaccagcatg cattcgtggg cagccaaacc atgcagattt agatgcagat 420
 gttgggtgtg gctcagtgtc cagtgagagc tcaactgata gcacggatct atcggattca 480
 cgccatcgta gtcctcaggc aactgactat gatcttggga ctaaaactgc cgcaagcagt 540
 ccttccagtg tcatttctcaa ggatcagtct tctactctca cccaaccaag ttcgcaaaag 600
 gccagaaaac cggctaatat ctcattgagc aaccacattt tctcaacatc acccaagcgg 660
 agacctttaa gcagtcatgt tccaaatctg caagttccat atcatgggaa tgtatgcatt 720
 gcacctgata gttcaatgtc aagtccttct aggagtccca taagggcatt tagctccgag 780
 caagttatta ataatgctgt cagtactgga aagttctata tggatgtcac atttcctggg 840
 tcaggccatt gttccagtcc tggttctggt tacaattctg gccataattc tatgggtggg 900
 gatttgtcag ggcagttatt tttgcaacaa agccggggta gccctgaata ttctccagta 960
 cctagtcca gaatgaccag ccctggcca agctccagag tccatagtgg tgcagtgacc 1020
 ccaattcatc ctagggcggg aggtatacca actgagtcac agacaagctg gcctgatgag 1080
 aagcaaactc accgcctgcc cctacctccc gttgcaattt ccaatgctcc tttttctcat 1140
 tccaattcag ctgcaacttc tccctctggt ccaagaagtc ctggaagggc tgataatccg 1200
 gcaagcccgg gctcccgttg gaaaaagggg aagcttttgg gtaggggtac ttttggacat 1260
 gtgtatgttg gttttaacag tgaaagtggg gaaatgtgtg caatgaagga agttacatta 1320
 ttttctgacg atgcgaagtc caaggagagt gccaagcaat taatgcaaga aattaccttg 1380
 ttgagtcgtt tacgacatcc aatattgtg cagtattatg gatctgaaac ggttggggac 1440
 aggttttaca tttaccttga atatgtatct ggtggctcta tttacaagct tctccaggaa 1500
 tatggacagc ttggagattc agcacttcgt agttatactc agcaaatatt gtctgggctt 1560
 gcatatttac acgctaaaag cacagttcac agggatatca aaggagcaaa tatacttggt 1620
 gatcccactg ggcgtgttaa gttggctgac tttgggatgg caaaacatat cactggccaa 1680
 tcgtgccctt tgtcatttaa aggaagcccg tattggatgg cacctgaggt tatcaaaaac 1740
 tcaaatgggt gcaaccttgc ggtagatatt tggagtcttg gatgcactgt tttggagatg 1800
 gcaacaacaa aacctccttg gagtcaatat gagggagtgt ctgcatggt caagattggc 1860
 aacagcaaag aacttctga aatcccagat cacctttcac atgatggaaa agatttcggt 1920
 agacaatgtc tgcaacggaa tcctgctcat cgtcctacag ctgctcagct tttggaacat 1980
 ccttttgtga aacatgctgc acctcttga agaccgattt taggttctga acattcagat 2040
 ccaactccag gaattacaaa tggagtaaga acattgggta ttgaacaagg aaggaatccc 2100
 agcttcttgg attctgatag atctgcagct cattcatcta gactcccaac agctgctttc 2160
 cattccagtg aaattcatat tccaaggaac ctatcgtgcc ctgtttcgcc catcggaagc 2220
 cctctgggtc actcacgac gcctcaacat cctagtggaa gaatgtctcc gtcaccata 2280
 tctagccctc gtaacatgtc ggggtcatct actcctctca caggaggaag tggtgccatt 2340

ES 2 547 032 B1

ccacatcagc atctcaagca atcactgtac cttcaggagg gatttgggaa cttgccaaaa 2400
 ccttcgatgg ctcttatag caatggtcct tcctttcacg atataaaccc tgacatcttt 2460
 caggggattc agccaggctc acacatcttt tctgagcttg tacaccatga aaccgatttt 2520
 ctgggcaagc agtttggaaa gcctgcctgg gaattgtatg atgggcaggc ggtcttggct 2580
 gatcgtgttt ccaggcagct gctgagtgat cacataacaa ctcctcctcct ggatttaagt 2640
 ccaagctctc ttttgaccaa cgcgaaatag 2670

<210> 32
 <211> 889
 <212> PRT
 <213> Cucumis melo

<400> 32

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

ES 2 547 032 B1

Leu Thr Gln Pro Ser Ser Gln Lys Ala Arg Lys Pro Ala Asn Ile Ser
 195 200 205

Leu Ser Asn His Ile Phe Ser Thr Ser Pro Lys Arg Arg Pro Leu Ser
 210 215 220

Ser His Val Pro Asn Leu Gln Val Pro Tyr His Gly Asn Val Cys Ile
 225 230 235 240

Ala Pro Asp Ser Ser Met Ser Ser Pro Ser Arg Ser Pro Ile Arg Ala
 245 250 255

Phe Ser Ser Glu Gln Val Ile Asn Asn Ala Val Ser Thr Gly Lys Phe
 260 265 270

Tyr Met Asp Val Thr Phe Pro Gly Ser Gly His Cys Ser Ser Pro Gly
 275 280 285

Ser Gly Tyr Asn Ser Gly His Asn Ser Met Gly Gly Asp Leu Ser Gly
 290 295 300

Gln Leu Phe Leu Gln Gln Ser Arg Gly Ser Pro Glu Tyr Ser Pro Val
 305 310 315 320

Pro Ser Pro Arg Met Thr Ser Pro Gly Pro Ser Ser Arg Val His Ser
 325 330 335

Gly Ala Val Thr Pro Ile His Pro Arg Ala Gly Gly Ile Pro Thr Glu
 340 345 350

Ser Gln Thr Ser Trp Pro Asp Glu Lys Gln Thr His Arg Leu Pro Leu
 355 360 365

Pro Pro Val Ala Ile Ser Asn Ala Pro Phe Ser His Ser Asn Ser Ala
 370 375 380

Ala Thr Ser Pro Ser Val Pro Arg Ser Pro Gly Arg Ala Asp Asn Pro
 385 390 395 400

Ala Ser Pro Gly Ser Arg Trp Lys Lys Gly Lys Leu Leu Gly Arg Gly
 405 410 415

Thr Phe Gly His Val Tyr Val Gly Phe Asn Ser Glu Ser Gly Glu Met
 420 425 430

Cys Ala Met Lys Glu Val Thr Leu Phe Ser Asp Asp Ala Lys Ser Lys
 435 440 445

Glu Ser Ala Lys Gln Leu Met Gln Glu Ile Thr Leu Leu Ser Arg Leu
 450 455 460

ES 2 547 032 B1

Arg His Pro Asn Ile Val Gln Tyr Tyr Gly Ser Glu Thr Val Gly Asp
 465 470 475 480
 Arg Phe Tyr Ile Tyr Leu Glu Tyr Val Ser Gly Gly Ser Ile Tyr Lys
 485 490
 Leu Leu Gln Glu Tyr Gly Gln Leu Gly Asp Ser Ala Leu Arg Ser Tyr
 500 505 510
 Thr Gln Gln Ile Leu Ser Gly Leu Ala Tyr Leu His Ala Lys Ser Thr
 515 520 525
 Val His Arg Asp Ile Lys Gly Ala Asn Ile Leu Val Asp Pro Thr Gly
 530 535 540
 Arg Val Lys Leu Ala Asp Phe Gly Met Ala Lys His Ile Thr Gly Gln
 545 550 555 560
 Ser Cys Pro Leu Ser Phe Lys Gly Ser Pro Tyr Trp Met Ala Pro Glu
 565 570 575
 Val Ile Lys Asn Ser Asn Gly Cys Asn Leu Ala Val Asp Ile Trp Ser
 580 585 590
 Leu Gly Cys Thr Val Leu Glu Met Ala Thr Thr Lys Pro Pro Trp Ser
 595 600 605
 Gln Tyr Glu Gly Val Ala Ala Met Phe Lys Ile Gly Asn Ser Lys Glu
 610 615 620
 Leu Pro Glu Ile Pro Asp His Leu Ser His Asp Gly Lys Asp Phe Val
 625 630 635 640
 Arg Gln Cys Leu Gln Arg Asn Pro Ala His Arg Pro Thr Ala Ala Gln
 645 650 655
 Leu Leu Glu His Pro Phe Val Lys His Ala Ala Pro Leu Glu Arg Pro
 660 665 670
 Ile Leu Gly Ser Glu His Ser Asp Pro Thr Pro Gly Ile Thr Asn Gly
 675 680 685
 Val Arg Thr Leu Gly Ile Glu Gln Gly Arg Asn Pro Ser Phe Leu Asp
 690 695 700
 Ser Asp Arg Ser Ala Ala His Ser Ser Arg Leu Pro Thr Ala Ala Phe
 705 710 715 720
 His Ser Ser Glu Ile His Ile Pro Arg Asn Leu Ser Cys Pro Val Ser
 725 730 735

ES 2 547 032 B1

Pro Ile Gly Ser Pro Leu Val His Ser Arg Ser Pro Gln His Pro Ser
 740 745 750

Gly Arg Met Ser Pro Ser Pro Ile Ser Ser Pro Arg Asn Met Ser Gly
 755 760 765

Ala Ser Thr Pro Leu Thr Gly Gly Ser Gly Ala Ile Pro His Gln His
 770 775 780

Leu Lys Gln Ser Leu Tyr Leu Gln Glu Gly Phe Gly Asn Leu Pro Lys
 785 790 795 800

Pro Ser Met Ala Pro Tyr Ser Asn Gly Pro Ser Phe His Asp Ile Asn
 805 810 815

Pro Asp Ile Phe Gln Gly Ile Gln Pro Gly Ser His Ile Phe Ser Glu
 820 825 830

Leu Val His His Glu Thr Asp Phe Leu Gly Lys Gln Phe Gly Lys Pro
 835 840 845

Ala Trp Glu Leu Tyr Asp Gly Gln Ala Val Leu Ala Asp Arg Val Ser
 850 855 860

Arg Gln Leu Leu Ser Asp His Ile Thr Thr Pro Ser Leu Asp Leu Ser
 865 870 875 880

Pro Ser Ser Leu Leu Thr Asn Arg Lys
 885

- <210> 33
- <211> 2993
- <212> DNA
- <213> Solanum Lycopersicum

<400> 33
 gccagtttga gcacttctat gcaaaaaatg agcatccaaa gggattcctc acagagttta 60
 actatttagc tggctgtatc cagctaaaag tttggtacat gcaacagctg actgttcttg 120
 ctcacgctaa ttttatatag caatgcgttc atgggtggggg aagtcttcat ctaaggatgt 180
 aaggaggaaa tccactaagg agagtttcat tgacataata aatcggaac tgaagatttt 240
 caccacggaa aatcaagtg gtaaactctgg atcatctcga agacgacgta aagatacaaa 300
 ttcagtgaag ggttctcaat caagggtttc aaggtcacca tcaccatcta ctggatccat 360
 aatattagt accggtgaag tctccgagcc atcattgact ttgcctcttc ccatgcccag 420
 gcatcttcca catggaccaa ctgctgcagg agttgacagg gacttaccaa ctgcttctgt 480
 ttctgtgac agctccagt acagtgatga tcttactgac tcacgatttc taagtccca 540
 aacatctgat tatgaaaacg ggagcagaac tgccttgaat agtccttcca gtttgaagca 600
 gaaggttcag tcccctattg catccaatgc aagctcagga gagatgctga agtcagctac 660

ES 2 547 032 B1

tcttttgtca gacaatcagg cgatccctac atctcctaga cagaggcttt taagatctca	720
tgtaccacca ggcttacaga ttcctcatca tggcgcttcc tacagtgctc ctgacagctc	780
gatgtcaagt ccttcaagaa gtcccatgag ggtatttggg catgaaacgg tcatgaaccc	840
tggtttctgg ctagggaagc cacatggaga gataaccttc ttaggatcag ggcactgctc	900
cagtccaggt tctggccaaa actctgggca caattcaatt ggaggtgata tgttagcgca	960
gcccttttgg ccacacagca ggtgtagtcc tgagtgttca cctgtacctc gccctagaat	1020
gactagtcct ggtcctggct ctaggataca tagtgggtgct gtaactccct tgcctcctcg	1080
agctggagga acgttggctg agtcttccac agcttcactt gataatggaa aacaacaaag	1140
tcacgtctg cctcttctc ccatatcaat ccctcattct tctacttttt ctttgtcatg	1200
ttcaatgact cctgcaattc cacgaagtcc tggtagaaca ggtaatcctc caagccctgg	1260
gccacgttgg aagaaaggac gtctgattgg tagtggcaca tttggacatg tgtaccttgg	1320
ttttaacagt gaaagcgggtg aaatgtgtgc aatgaaggaa gtaacacttt tttcagacga	1380
cccaaagtca agagaaagtg cacagcagct tggacaagaa atatctctgc taagtcggtt	1440
acgccatcca aatattgtgc aatattatgg ctctgaaacg gtagatgaca agctatacat	1500
ataccttgag tatgtttcag gtggttcgat ctataaaatt cttcaagaat acggtcagtt	1560
gggtgagcta gcaattcaaa gttacactca acaaattctg tctggacttg catatttgca	1620
tgctaaaaac acagtgacaca gagatattaa aggagcaaat atactggttg acccaaattg	1680
ccgcgttaaa ttggcagact ttgggatggc aaaacatata actggtcact actgtccttt	1740
gtctttcaag ggaagtcctt actggatggc acctgaggtt attaaaaatt caaatggttg	1800
caatcttgcg gtagatatat ggagccttgg atgcacgggt ttggagatgg caacaacaaa	1860
accaccttgg agtcagtatg aaggggtcgc tgctatTTTT aagattggaa acagcaagga	1920
agttccagca attccctatc acctgtcaga taagggcaag gattttgtgc ggcaatgtct	1980
acaacgcaat ccaactccacc gtccaacagc ttctcagctc ttgaaacatc cttttgtcaa	2040
aagtactgct ccaatggaaa gattcattgg cattggacat ttaaaagatc caccatgtgt	2100
gggctcagaa gaagttgcag tgcacatga gcctagaagt tcaatttttt ttcctggatt	2160
tagcgacgta cctgttccaa gatcttgccc agtttctcca gttgggatag agagccctgt	2220
ttaccattca caatcaccta aacatatgag tggaagattg tccccctcta ccatatcaag	2280
ccccctgct gtatctgggt catcaacacc tcttagcggg ggtgggtggg ctgttccact	2340
atctaacca attatgccta caacttcttc atcagaagac atgggaacat caccaaaggc	2400
ccaaagtgtg ttttaccctg atgcttacac tagtcacggg ctgaagtctg acatgtctcg	2460
agaagcacct ccatatggca atggtttttt tggagaaaat tttgggggccc atgctcaaag	2520
tgggtttaat ggacaacat atcagggaca gtcagtatta gctaataagg ttgctcagca	2580
gcttttaagg gaccaagtaa aattgagccc atcgtttgac ctgaaccag gctctccagt	2640
ttttagttgg gataatgggg tctaactttg taaaagtcac ctgaaaaaga atgatatgct	2700

ES 2 547 032 B1

atggaacaac tgtacagtaa ccataccaaa atgactgtag ttcactgaat aaaagtattg 2760
 aagctgatga aaggagaagg ctctctcagt atcccaatct attcgttccc agttgctatc 2820
 gtaagttact tctacctgta acagtttttg catatggttt ccacatcacc ctgatatttt 2880
 tgactagtac tttatttttag ttctccagca atcacatgc taggagcctc gtacagcagt 2940
 gctatgaatc ctcttttctt ttgggatcct cattgcatat aagatctttt ctt 2993

<210> 34
 <211> 827
 <212> PRT
 <213> Solanum Lycopersicum

<400> 34

Trp Trp Gly Lys Ser Ser Ser Lys Asp Val Arg Arg Lys Ser Thr Lys
 1 5 10 15

Glu Ser Phe Ile Asp Ile Ile Asn Arg Lys Leu Lys Ile Phe Thr Thr
 20 25 30

Glu Lys Ser Ser Gly Lys Ser Gly Ser Ser Arg Arg Arg Arg Lys Asp
 35 40 45

Thr Asn Ser Val Lys Gly Ser Gln Ser Arg Val Ser Arg Ser Pro Ser
 50 55 60

Pro Ser Thr Gly Ser Ile Ile Leu Val Thr Gly Glu Val Ser Glu Pro
 65 70 75 80

Ser Leu Thr Leu Pro Leu Pro Met Pro Arg His Leu Pro His Gly Pro
 85 90 95

Thr Ala Ala Gly Val Asp Arg Asp Leu Pro Thr Ala Ser Val Ser Cys
 100 105 110

Asp Ser Ser Ser Asp Ser Asp Asp Leu Thr Asp Ser Arg Phe Leu Ser
 115 120 125

Pro Gln Thr Ser Asp Tyr Glu Asn Gly Ser Arg Thr Ala Leu Asn Ser
 130 135 140

Pro Ser Ser Leu Lys Gln Lys Val Gln Ser Pro Ile Ala Ser Asn Ala
 145 150 155 160

Ser Ser Gly Glu Met Leu Lys Ser Ala Thr Leu Leu Ser Asp Asn Gln
 165 170 175

Ala Ile Pro Thr Ser Pro Arg Gln Arg Leu Leu Arg Ser His Val Pro
 180 185 190

Pro Gly Leu Gln Ile Pro His His Gly Ala Ser Tyr Ser Ala Pro Asp
 195 200 205

ES 2 547 032 B1

Ser Ser Met Ser Ser Pro Ser Arg Ser Pro Met Arg Val Phe Gly His
 210 215 220

Glu Thr Val Met Asn Pro Gly Phe Trp Leu Gly Lys Pro His Gly Glu
 225 230 235 240

Ile Thr Phe Leu Gly Ser Gly His Cys Ser Ser Pro Gly Ser Gly Gln
 245 250 255

Asn Ser Gly His Asn Ser Ile Gly Gly Asp Met Leu Ala Gln Pro Phe
 260 265 270

Trp Pro His Ser Arg Cys Ser Pro Glu Cys Ser Pro Val Pro Ser Pro
 275 280 285

Arg Met Thr Ser Pro Gly Pro Gly Ser Arg Ile His Ser Gly Ala Val
 290 295 300

Thr Pro Leu His Pro Arg Ala Gly Gly Thr Leu Ala Glu Ser Ser Thr
 305 310 315 320

Ala Ser Leu Asp Asn Gly Lys Gln Gln Ser His Arg Leu Pro Leu Pro
 325 330 335

Pro Ile Ser Ile Pro His Ser Ser Thr Phe Ser Leu Ser Cys Ser Met
 340 345 350

Thr Pro Ala Ile Pro Arg Ser Pro Gly Arg Thr Gly Asn Pro Pro Ser
 355 360 365

Pro Gly Pro Arg Trp Lys Lys Gly Arg Leu Ile Gly Ser Gly Thr Phe
 370 375 380

Gly His Val Tyr Leu Gly Phe Asn Ser Glu Ser Gly Glu Met Cys Ala
 385 390 395 400

Met Lys Glu Val Thr Leu Phe Ser Asp Asp Pro Lys Ser Arg Glu Ser
 405 410 415

Ala Gln Gln Leu Gly Gln Glu Ile Ser Leu Leu Ser Arg Leu Arg His
 420 425 430

Pro Asn Ile Val Gln Tyr Tyr Gly Ser Glu Thr Val Asp Asp Lys Leu
 435 440 445

Tyr Ile Tyr Leu Glu Tyr Val Ser Gly Gly Ser Ile Tyr Lys Ile Leu
 450 455 460

Gln Glu Tyr Gly Gln Leu Gly Glu Leu Ala Ile Gln Ser Tyr Thr Gln
 465 470 475 480

ES 2 547 032 B1

Gln Ile Leu Ser Gly₄₈₅ Leu Ala Tyr Leu His₄₉₀ Ala Lys Asn Thr Val₄₉₅ His

Arg Asp Ile Lys₅₀₀ Gly Ala Asn Ile Leu₅₀₅ Val Asp Pro Asn Gly₅₁₀ Arg Val

Lys Leu Ala₅₁₅ Asp Phe Gly Met Ala₅₂₀ Lys His Ile Thr Gly₅₂₅ His Tyr Cys

Pro Leu₅₃₀ Ser Phe Lys Gly Ser₅₃₅ Pro Tyr Trp Met Ala₅₄₀ Pro Glu Val Ile

Lys₅₄₅ Asn Ser Asn Gly Cys₅₅₀ Asn Leu Ala Val Asp₅₅₅ Ile Trp Ser Leu Gly₅₆₀

Cys Thr Val Leu Glu₅₆₅ Met Ala Thr Thr Lys₅₇₀ Pro Pro Trp Ser Gln Tyr₅₇₅

Glu Gly Val Ala₅₈₀ Ala Ile Phe Lys Ile₅₈₅ Gly Asn Ser Lys Glu Val Pro₅₉₀

Ala Ile Pro₅₉₅ Tyr His Leu Ser Asp₆₀₀ Lys Gly Lys Asp Phe Val Arg Gln₆₀₅

Cys Leu₆₁₀ Gln Arg Asn Pro Leu₆₁₅ His Arg Pro Thr Ala₆₂₀ Ser Gln Leu Leu

Lys₆₂₅ His Pro Phe Val Lys₆₃₀ Ser Thr Ala Pro Met₆₃₅ Glu Arg Phe Ile Gly₆₄₀

Ile Gly His Leu Lys₆₄₅ Asp Pro Pro Cys Val₆₅₀ Gly Ser Glu Glu Val Ala₆₅₅

Val His His Glu₆₆₀ Pro Arg Ser Ser Ile₆₆₅ Phe Phe Pro Gly Phe Ser Asp₆₇₀

Val Pro Val₆₇₅ Pro Arg Ser Cys Pro Val Ser Pro Val Gly₆₈₅ Ile Glu Ser

Pro Val₆₉₀ Tyr His Ser Gln Ser₆₉₅ Pro Lys His Met Ser₇₀₀ Gly Arg Leu Ser

Pro₇₀₅ Ser Thr Ile Ser Ser₇₁₀ Pro Arg Ala Val Ser₇₁₅ Gly Ser Ser Thr Pro₇₂₀

Leu Ser Gly Gly Gly₇₂₅ Gly Ala Val Pro Leu₇₃₀ Ser Asn Pro Ile Met₇₃₅ Pro

Thr Thr Ser Ser₇₄₀ Ser Glu Asp Met Gly₇₄₅ Thr Ser Pro Lys Ala₇₅₀ Gln Ser

ES 2 547 032 B1

Cys Phe Tyr Pro Asp Ala Tyr Thr Ser His Gly Leu Lys Ser Asp Met
 755 760 765

Ser Arg Glu Ala Pro Pro Tyr Gly Asn Gly Phe Phe Gly Glu Asn Phe
 770 775 780

Gly Gly His Ala Gln Ser Gly Val Asn Gly Gln Pro Tyr Gln Gly Gln
 785 790 795 800

Ser Val Leu Ala Asn Arg Val Ala Gln Gln Leu Leu Arg Asp Gln Val
 805 810 815

Lys Leu Ser Pro Ser Phe Asp Leu Asn Pro Gly
 820 825

<210> 35
 <211> 2917
 <212> DNA
 <213> Solanum Lycopersicum

<400> 35
 atgccttcat ggtggaaatc atcaaaagaa gctaagaaga aaccaacaaa agaaagtttt 60
 attgatacat tgcatacga gtttaagagt ccagctgaag ttaaattctcc cggtaaatca 120
 ggaggttcta gaaggcataa cagtgcatt gcttctgaga agggttctct atcccaagca 180
 caatcaagag cgtcatcacc ttctaaacat gtatcaagat gtcaaagctt tgctgaaagg 240
 cctctggccc aaccactacc acttcccggg gtgctgcccag caaatgtagg taggtcggat 300
 tctggaataa gtccatcagc aaagtccaga gtagagaagg cctcaaagcc atccttgttt 360
 ctgcctctcc ccaagcctgc atgcatcagg cacagactcg accctacaga taccgatgga 420
 gagcttgtct ttgcatctat ttcaagcgag tgctctattg agagtgatga ccctattgat 480
 tcacgtcagc gtagtctct tgcaactgat tatgaaactg ggagcagaac tgctgctggt 540
 agtccttcca gtttggtgt taaggatcaa tctgcagttg gacaaattag cttgaaagaa 600
 atgacaagac cagttagtct ttaccaagt agaaacgttt cctccgtatc tcctaaaaga 660
 aggcctttaa gtagtcatgt gaccactcta cagggtcctc ctctgggagc cttttgcagt 720
 gctcccgata gttctatgtc aagtccttct agaagtccta tgagagctgc tgcaagtgag 780
 caagttacta gttctactct atgggcagga agagcttctc cagatcttcc ttcacttga 840
 tctggccatt gttcaagccc aggtctggt cagaattctg gacataattc aatgggagga 900
 gatatgtctg gacaactggt ttggcagcct tgtagaggaa gtccagagta ctctcctatt 960
 cctagtccta ggatgacaag tccgggacct agctcaagaa ttcattagtgg cacagtcaca 1020
 ccaattcatc ctagggctgt tgggtggagcc ggtgaattgc agactagttg gcctgatgat 1080
 ggaaaagcac aaagtcacc tttgcctctt cctcctttga caatttcaa ctcttcgccc 1140
 tttcacatt ctaattcagt tgcaacatct ccctcgggtgc ctctgtagtcc aggtagagct 1200

ES 2 547 032 B1

gagaaccttg ctagccctgg ctctcgttgg aaaaaaggaa aattgctggg aagaggcaca 1260
 tttggccatg tttatgttgg ttttaatagt gatagcgggtg aaatgtgtgc aatgaaggag 1320
 gttacattat tttcagatga cgcaaagtca aaggaaagtg caaagcagtt ggcacaagag 1380
 attgcattgt taagccgatt aaggcatcaa aacattgttc ggtactacgg gacagaaacg 1440
 gttggcgata aactgtatat ctacttggaa tatgtatcgg gtgggtccat ttataagctt 1500
 ttacaagaat atgggtgcatt tggagaagca gcgatccgta gttatactca acaaacttta 1560
 tcagggcctg cttttttaca tgctaaaaac acagtgcata gagatattaa aggagcaaat 1620
 attcttgttg atccaaatgg gcgcataaag ctagcagact ttggaatggc aaaacatatac 1680
 acagggcagt catgtccatt atcattcaag ggaagtcctt actggatggc ccctgaggtt 1740
 ataaagaatt ctagtggctg caaccttgct gttgatatat ggagtcttgg gtgcaccgtc 1800
 ttagaaatgg ctacatcaaa gcctcctttt agccagtatg aaggggttgc tgctatgttt 1860
 aagattggga atagtaaaga gctcccaact ataccagaac agctctcaga tgaagctaaa 1920
 gattttgtga ggaagtgctt gcagcgtgag ccccgcttc gtcctactgc tgctcagcta 1980
 ttggatcatc cttttgtgaa aaatgtggca actctggaga agccaaatat ttctccacct 2040
 gcagatcctc catgtgcagg agcaaatggt gttaaacttc tgggcattgg acaggcaagg 2100
 aatatcccta catcagaatc agaaaggctt gcaaccact catccagagt gtcaaaatct 2160
 aattttcact gcagtgacat tagcattaca agaaacatat catgccctgt ctcaccgatt 2220
 ggtagccctc ttttacatcc aaggtcacct caacacctaa atgggaggct gtctccctca 2280
 cccatatcaa gtcctatcac catgtctggc tcatcaacac cactctctgg agggactggt 2340
 gctattccat ttcatcatct taatcagtca gtttacttac aggaggcagc accacttcca 2400
 cagagtcctt acatgaatgg cccttcttac tgggatcctg atgttttaag agggccacca 2460
 tcaggatctc atgctttccg ggaattggca tcctctcaaa atgatgctct tggaaagcag 2520
 tttgggagga ctacaggagg agagctttat gatggacagt cagtgtctgg caatcgggtg 2580
 tctcagcaac tcttaagga tcatgtgaaa ttggttcctt cgctagatct aaacccttgt 2640
 cctcctttgg acggtcggac aggtgaagca tgattttttt tttgtcagat acaacattca 2700
 tgggagactt tccagtttca tagtttacta tcagtgtatg ttggtaactt tgaaggaagc 2760
 tgatttgac aatatggacc catcgggggg aaatttagga aataaaatag catcttcttg 2820
 agcagaactt tatccattgt cgagatcaat cagctgatct tattacctcc gtccgcctt 2880
 gggctagtg ttacaaagat gaagcttact tcccagt 2917

<210> 36
 <211> 890
 <212> PRT
 <213> Solanum Lycopersicum

<400> 36

Met Pro Ser Trp Trp Lys Ser Ser Lys Glu Ala Lys Lys Lys Pro Thr
 1 5 10 15

ES 2 547 032 B1

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

ES 2 547 032 B1

Ser Gly Gln Asn Ser Gly His Asn Ser Met Gly Gly Asp Met Ser Gly
 290 295 300

Gln Leu Phe Trp Gln Pro Cys Arg Gly Ser Pro Glu Tyr Ser Pro Ile
 305 310 315 320

Pro Ser Pro Arg Met Thr Ser Pro Gly Pro Ser Ser Arg Ile His Ser
 325 330 335

Gly Thr Val Thr Pro Ile His Pro Arg Ala Val Gly Gly Ala Gly Glu
 340 345 350

Leu Gln Thr Ser Trp Pro Asp Asp Gly Lys Ala Gln Ser His Pro Leu
 355 360 365

Pro Leu Pro Pro Leu Thr Ile Ser Asn Ser Ser Pro Phe Ser His Ser
 370 375 380

Asn Ser Val Ala Thr Ser Pro Ser Val Pro Arg Ser Pro Gly Arg Ala
 385 390 395 400

Glu Asn Leu Ala Ser Pro Gly Ser Arg Trp Lys Lys Gly Lys Leu Leu
 405 410 415

Gly Arg Gly Thr Phe Gly His Val Tyr Val Gly Phe Asn Ser Asp Ser
 420 425 430

Gly Glu Met Cys Ala Met Lys Glu Val Thr Leu Phe Ser Asp Asp Ala
 435 440 445

Lys Ser Lys Glu Ser Ala Lys Gln Leu Ala Gln Glu Ile Ala Leu Leu
 450 455 460

Ser Arg Leu Arg His Gln Asn Ile Val Arg Tyr Tyr Gly Thr Glu Thr
 465 470 475 480

Val Gly Asp Lys Leu Tyr Ile Tyr Leu Glu Tyr Val Ser Gly Gly Ser
 485 490 495

Ile Tyr Lys Leu Leu Gln Glu Tyr Gly Ala Phe Gly Glu Ala Ala Ile
 500 505 510

Arg Ser Tyr Thr Gln Gln Ile Leu Ser Gly Leu Ala Phe Leu His Ala
 515 520 525

Lys Asn Thr Val His Arg Asp Ile Lys Gly Ala Asn Ile Leu Val Asp
 530 535 540

Pro Asn Gly Arg Ile Lys Leu Ala Asp Phe Gly Met Ala Lys His Ile
 545 550 555 560

ES 2 547 032 B1

Thr Gly Gln Ser Cys₅₆₅ Pro Leu Ser Phe Lys₅₇₀ Gly Ser Pro Tyr Trp₅₇₅ Met
 Ala Pro Glu Val₅₈₀ Ile Lys Asn Ser Ser₅₈₅ Gly Cys Asn Leu Ala Val Asp
 Ile Trp Ser₅₉₅ Leu Gly Cys Thr Val₆₀₀ Leu Glu Met Ala Thr₆₀₅ Ser Lys Pro
 Pro Phe₆₁₀ Ser Gln Tyr Glu Gly₆₁₅ Val Ala Ala Met Phe₆₂₀ Lys Ile Gly Asn
 Ser₆₂₅ Lys Glu Leu Pro Thr₆₃₀ Ile Pro Glu Gln Leu₆₃₅ Ser Asp Glu Ala Lys₆₄₀
 Asp Phe Val Arg Lys₆₄₅ Cys Leu Gln Arg Glu₆₅₀ Pro Arg Leu Arg Pro Thr₆₅₅
 Ala Ala Gln Leu₆₆₀ Leu Asp His Pro Phe Val Lys Asn Val Ala Thr Leu
 Glu Lys Pro₆₇₅ Asn Ile Ser Pro Pro₆₈₀ Ala Asp Pro Pro Cys₆₈₅ Ala Gly Ala
 Asn Gly₆₉₀ Val Lys Ser Leu Gly₆₉₅ Ile Gly Gln Ala Arg₇₀₀ Asn Ile Pro Thr
 Ser₇₀₅ Glu Ser Glu Arg Leu₇₁₀ Ala Thr His Ser Ser₇₁₅ Arg Val Ser Lys Ser₇₂₀
 Asn Phe His Cys Ser₇₂₅ Asp Ile Ser Ile Thr Arg Asn Ile Ser Cys₇₃₅ Pro
 Val Ser Pro Ile₇₄₀ Gly Ser Pro Leu Leu₇₄₅ His Pro Arg Ser Pro Gln His
 Leu Asn Gly₇₅₅ Arg Leu Ser Pro Ser₇₆₀ Pro Ile Ser Ser Pro Ile Thr Met
 Ser Gly₇₇₀ Ser Ser Thr Pro Leu₇₇₅ Ser Gly Gly Thr Gly₇₈₀ Ala Ile Pro Phe
 His₇₈₅ His Leu Asn Gln Ser₇₉₀ Val Tyr Leu Gln Glu₇₉₅ Ala Ala Pro Leu Pro₈₀₀
 Gln Ser Pro Tyr Met₈₀₅ Asn Gly Pro Ser Tyr₈₁₀ Trp Asp Pro Asp Val Leu
 Arg Gly Pro Pro₈₂₀ Ser Gly Ser His Ala₈₂₅ Phe Arg Glu Leu Ala Ser Ser₈₃₀

ES 2 547 032 B1

Gln Asn Asp Ala Leu Gly Lys Gln Phe Gly Arg Thr Thr Gly Gly Glu
 835 840 845

Leu Tyr Asp Gly Gln Ser Val Leu Ala Asn Arg Val Ser Gln Gln Leu
 850 855 860

Leu Arg Asp His Val Lys Leu Val Pro Ser Leu Asp Leu Asn Pro Cys
 865 870 875 880

Pro Pro Leu Asp Gly Arg Thr Gly Glu Ala
 885 890

<210> 37
 <211> 3011
 <212> DNA
 <213> Solanum Lycopersicum

<400> 37
 cacttttagac tgtactagta aattcatttt accttcaaaa caactccccc atcttcatac 60
 ttggcttctt cactaccatt tttatccttc accatttctca tgcgatctct tctaagaaac 120
 gagctcgttt atgcttgcca tgcaacaagt aatcagttga aagcaccaga aaagatgcct 180
 tcatggtggg gaaagtcaaa agcaaagaag aaagcgacca aagagagttt tattgattca 240
 ttgcatcgta agtttaagag tccagctgaa gctaagtctc cgagtaaadc aggtggatct 300
 cgaagacaca acaatgagat tgcttctgag aagggttctc agtcccaagc acagtcaagg 360
 tcatcatcac cttccaagaa tgtctccaga tgtcaaagtt ttgctgaaaa ggctctagcc 420
 caaccacttc cgcttccagg tttgccacca gcaagtgtag tgcgggcaga ctctgggatc 480
 agtcaatctg ccaaaccag aatagggag ggatcaaagt tgtccctggt tctgcctctc 540
 ccaaagcctg catgcatcag gcacagactg gaccctgcag atgctgatgg agaacttgtc 600
 tttgcatcaa tttcaagtga gtgctctggt gagagtgatg atcctactga ttcacgccaa 660
 cgtagtccac taacatttga ttatgaaact ggtaaccgga ctcccttggg tagccctcca 720
 agattggctg ttaaggatca atctgctggt ggacaaaca gcataaaaga ggcaacagaa 780
 ctagttaatc tttctcccag tggacatgtc tcctctcgat ctctaagcg acgaccacta 840
 aatagccact tgtccagtat acaaattcct tctcatggta ccctttgcag tgttcctgat 900
 agttctatat caagtcctc cagaaatcca atgaaagctg ctggctgtga gcaagttagt 960
 agttctactt tttgggcggg aaagacttat ccagatcttc ctttacttgg atctggccat 1020
 tgttcaagcc caggatctgg tcagaattct gggcataatt ccatgggagg agatatggta 1080
 ggacaactgt tttggcagcc tagtcgaggg agccccgagt actctccaat tcctagtcct 1140
 agaatgacaa gtcttgacc tagctcaaga attcacagtg gtgctgtcac acctattcat 1200
 cccaaggctg gaggcggagc atctgaattg cagactaatt ggccagatga tgcaaaacca 1260
 gaaagtcac ctttgccccg tccccctta gcaatttcca actcttcacc tttttctcat 1320

ES 2 547 032 B1

tccaattcag ttgcaacatc tccctcagtg ccacgaagtc ctggtagggc agagaatcctt 1380
tctagcccgg gttctcgctg gaaaaaaggg aagttgcttg gtagaggcac attcgggcat 1440
gtttatgttg gttttaatag tgatagtgga gaaatgtgtg caatgaagga ggtgactcta 1500
ttttcagatg atgcaaagtc aaaagaaagt gtaaagcagt tgacacagga gatttcattg 1560
ttgagccgat taagacatcc aaatattgtc cagtattatg gctcagagat ggttcctgat 1620
aaactatata tctacttgga atatgtatct ggtgggtcca ttataagct ttacaagaa 1680
tatggtccgt ttggagaaac aacaatccgt agttacactc aacaaatfff atcggggctt 1740
gcatatttac atgctaaaaa cactgtgcat agagatatta aaggggcaaa tacccttggt 1800
gatccaaatg ggcgtataaa gctggcagac ttcggaatgg ccaagcatat tacagggcaa 1860
tcttgtccat tacccttcaa aggaagccct tactggatgg cccctgaggt aataaagaat 1920
actagtggct gcaaccttgct tgttgatgta tggagccttg gatgactgt cttagaaatg 1980
gctacgtcaa agcctccttg gagtcagtat gaaggagttg ctgccatggt taagattggg 2040
aatagtaaag aactcccaac aataccgga gagctttcag atgagggaaa agattttgtg 2100
aggaagtgtt tgcagcgtga gccgcgaaat cgtcctactg ctgctgagct attggagcat 2160
ccttttgtaa aagatgctgc ccctctggaa aagcaaaata tgtttcctac atctttcgat 2220
cttccatgtg ttgctgcaag tgggataaaa cttctgggca ctggatctgc aagaaattat 2280
cctaccccag attcagaaag gctcgtatc cactcatcca gagcgtcaaa atctaaatff 2340
cactgcagtg atatccacat tccgaagaac atatcttgcc ccgtctcccc aataggtagt 2400
cctcttcaa ggtcgcctca taacctaat gggaggatgt ctccctcgcc tatatccagc 2460
cctctcaaca catctggctc atctacacca atctctggag ggaatggtgt tatccattt 2520
cgtcacatta atcagtcagt ttacttgcaa gaggccagaa cagttccaaa tagtcctat 2580
atgaatggct cttcttactg ggatcctgat gttttacgag ggtcaccatc aggatctcat 2640
gctttccgag aattggcgtc tgttgaatat gatgccctgg gaaagcagtt tgggaggctt 2700
gcgacaggag aactttgcaa tgggcaatca gccttgcca atcgggtgtc acagcaactt 2760
ttaagggatc atgtgaaatc gatttctcct gtagatctaa acccttgtcc tcccttggga 2820
ggtcgcccag gtggaacata agcttcaaaa gtttcatatg taaatctgct ttcagctttt 2880
agcatgtttg gaggaagtgt ttatgtgaaa caaggatctc cgaagagaag agactaggaa 2940
atgtagtggc atcttggcag aacttcatta tctattgtca gtttgatcta cctgatttct 3000
aaccctgt t 3011

<210> 38
<211> 913
<212> PRT
<213> Solanum Lycopersicum

<400> 38

Met Arg Ser Leu Leu Arg Asn Glu Leu Val Tyr Ala Cys Asp Ala Thr
1 5 10 15

ES 2 547 032 B1

Ser Asn Gln Leu Lys Ala Pro Glu Lys Met Pro Ser Trp Trp Gly Lys
 20 25 30

Ser Lys Ala Lys Lys Lys Ala Thr Lys Glu Ser Phe Ile Asp Ser Leu
 35 40 45

His Arg Lys Phe Lys Ser Pro Ala Glu Ala Lys Ser Pro Ser Lys Ser
 50 55 60

Gly Gly Ser Arg Arg His Asn Asn Glu Ile Ala Ser Glu Lys Gly Ser
 65 70 75 80

Gln Ser Gln Ala Gln Ser Arg Ser Ser Ser Pro Ser Lys Asn Val Ser
 85 90 95

Arg Cys Gln Ser Phe Ala Glu Lys Ala Leu Ala Gln Pro Leu Pro Leu
 100 105 110

Pro Gly Leu Pro Pro Ala Ser Val Val Arg Ala Asp Ser Gly Ile Ser
 115 120 125

Gln Ser Ala Lys Pro Arg Ile Gly Lys Gly Ser Lys Leu Ser Leu Phe
 130 135 140

Leu Pro Leu Pro Lys Pro Ala Cys Ile Arg His Arg Leu Asp Pro Ala
 145 150 155 160

Asp Ala Asp Gly Glu Leu Val Phe Ala Ser Ile Ser Ser Glu Cys Ser
 165 170 175

Val Glu Ser Asp Asp Pro Thr Asp Ser Arg Gln Arg Ser Pro Leu Thr
 180 185 190

Phe Asp Tyr Glu Thr Gly Asn Arg Thr Pro Leu Gly Ser Pro Pro Arg
 195 200 205

Leu Ala Val Lys Asp Gln Ser Ala Val Gly Gln Thr Ser Ile Lys Glu
 210 215 220

Ala Thr Glu Leu Val Asn Leu Ser Pro Ser Gly His Val Ser Ser Arg
 225 230 235 240

Ser Pro Lys Arg Arg Pro Leu Asn Ser His Leu Ser Ser Ile Gln Ile
 245 250 255

Pro Ser His Gly Thr Leu Cys Ser Val Pro Asp Ser Ser Ile Ser Ser
 260 265 270

Pro Ser Arg Asn Pro Met Lys Ala Ala Gly Cys Glu Gln Val Ser Ser
 275 280 285

ES 2 547 032 B1

Ser Thr Phe Trp Ala Gly Lys Thr Tyr Pro Asp Leu Pro Leu Leu Gly
290 295 300

Ser Gly His Cys Ser Ser Pro Gly Ser Gly Gln Asn Ser Gly His Asn
305 310 315 320

Ser Met Gly Gly Asp Met Val Gly Gln Leu Phe Trp Gln Pro Ser Arg
325 330 335

Gly Ser Pro Glu Tyr Ser Pro Ile Pro Ser Pro Arg Met Thr Ser Pro
340 345 350

Gly Pro Ser Ser Arg Ile His Ser Gly Ala Val Thr Pro Ile His Pro
355 360 365

Lys Ala Gly Gly Gly Ala Ser Glu Leu Gln Thr Asn Trp Pro Asp Asp
370 375 380

Ala Lys Pro Glu Ser His Pro Leu Pro Arg Pro Pro Leu Ala Ile Ser
385 390 395 400

Asn Ser Ser Pro Phe Ser His Ser Asn Ser Val Ala Thr Ser Pro Ser
405 410 415

Val Pro Arg Ser Pro Gly Arg Ala Glu Asn Leu Ser Ser Pro Gly Ser
420 425 430

Arg Trp Lys Lys Gly Lys Leu Leu Gly Arg Gly Thr Phe Gly His Val
435 440 445

Tyr Val Gly Phe Asn Ser Asp Ser Gly Glu Met Cys Ala Met Lys Glu
450 455 460

Val Thr Leu Phe Ser Asp Asp Ala Lys Ser Lys Glu Ser Val Lys Gln
465 470 475 480

Leu Thr Gln Glu Ile Ser Leu Leu Ser Arg Leu Arg His Pro Asn Ile
485 490 495

Val Gln Tyr Tyr Gly Ser Glu Met Val Pro Asp Lys Leu Tyr Ile Tyr
500 505 510

Leu Glu Tyr Val Ser Gly Gly Ser Ile Tyr Lys Leu Leu Gln Glu Tyr
515 520 525

Gly Pro Phe Gly Glu Thr Thr Ile Arg Ser Tyr Thr Gln Gln Ile Leu
530 535 540

Ser Gly Leu Ala Tyr Leu His Ala Lys Asn Thr Val His Arg Asp Ile
545 550 555 560

ES 2 547 032 B1

Lys Gly Ala Asn Ile₅₆₅ Leu Val Asp Pro Asn₅₇₀ Gly Arg Ile Lys Leu₅₇₅ Ala
 Asp Phe Gly Met₅₈₀ Ala Lys His Ile₅₈₅ Thr Gly Gln Ser Cys Pro₅₉₀ Leu Ser
 Phe Lys Gly₅₉₅ Ser Pro Tyr Trp Met₆₀₀ Ala Pro Glu Val Ile₆₀₅ Lys Asn Thr
 Ser Gly₆₁₀ Cys Asn Leu Ala Val₆₁₅ Asp Val Trp Ser Leu₆₂₀ Gly Cys Thr Val
 Leu₆₂₅ Glu Met Ala Thr Ser₆₃₀ Lys Pro Pro Trp Ser₆₃₅ Gln Tyr Glu Gly Val₆₄₀
 Ala Ala Met Phe Lys₆₄₅ Ile Gly Asn Ser Lys₆₅₀ Glu Leu Pro Thr Ile₆₅₅ Pro
 Glu Glu Leu Ser₆₆₀ Asp Glu Gly Lys Asp₆₆₅ Phe Val Arg Lys Cys₆₇₀ Leu Gln
 Arg Glu Pro₆₇₅ Arg Asn Arg Pro Thr₆₈₀ Ala Ala Glu Leu Leu₆₈₅ Glu His Pro
 Phe Val₆₉₀ Lys Asp Ala Ala Pro₆₉₅ Leu Glu Lys Gln Asn₇₀₀ Met Phe Pro Thr
 Ser₇₀₅ Phe Asp Leu Pro Cys₇₁₀ Val Ala Ala Ser Gly₇₁₅ Ile Lys Leu Leu Gly₇₂₀
 Thr Gly Ser Ala Arg₇₂₅ Asn Tyr Pro Thr Pro₇₃₀ Asp Ser Glu Arg Leu₇₃₅ Ala
 Ile His Ser Ser₇₄₀ Arg Ala Ser Lys Ser₇₄₅ Lys Phe His Cys Ser₇₅₀ Asp Ile
 His Ile Pro₇₅₅ Lys Asn Ile Ser Cys₇₆₀ Pro Val Ser Pro Ile₇₆₅ Gly Ser Pro
 Leu Pro Arg Ser Pro His Asn₇₇₅ Leu Asn Gly Arg Met₇₈₀ Ser Pro Ser Pro
 Ile₇₈₅ Ser Ser Pro Leu Asn₇₉₀ Thr Ser Gly Ser Ser₇₉₅ Thr Pro Ile Ser Gly₈₀₀
 Gly Asn Gly Val Ile₈₀₅ Pro Phe Arg His Ile₈₁₀ Asn Gln Ser Val Tyr₈₁₅ Leu
 Gln Glu Ala Arg₈₂₀ Thr Val Pro Asn Ser₈₂₅ Pro Tyr Met Asn Gly₈₃₀ Ser Ser

ES 2 547 032 B1

Tyr Trp Asp Pro Asp Val Leu Arg Gly Ser Pro Ser Gly Ser His Ala
 835 840 845

Phe Arg Glu Leu Ala Ser Val Glu Tyr Asp Ala Leu Gly Lys Gln Phe
 850 855 860

Gly Arg Leu Ala Thr Gly Glu Leu Cys Asn Gly Gln Ser Ala Leu Ala
 865 870 875 880

Asn Arg Val Ser Gln Gln Leu Leu Arg Asp His Val Lys Ser Ile Ser
 885 890 895

Pro Val Asp Leu Asn Pro Cys Pro Pro Leu Gly Gly Arg Pro Gly Gly
 900 905 910

Thr

- <210> 39
- <211> 3140
- <212> DNA
- <213> Sorghum bicolor

<400> 39
 atgccgacat ggtggggtaa atcatcgtca aaagatgtta agaaaaccac caaggaaaac 60
 ctgatcgata catttcatcg cttgataagt ccaaatgagc aaaaggggaag cacaaaatca 120
 aaacggaatt gtaggcgtgg caatacagct gctgagaaag tttgcaaatc aacaacagtg 180
 tcacgtccaa cttctccttc aaaagaagtt tcccgctgcc aaagtttttc ggctgatagg 240
 ctgcatgctc agccacttcc tattcctgga gtacgccctc gagtaactcg tgcagttgct 300
 gatgtcaatg attcaaagcc catattggaa aaacgtggca aaccaccact acttctgcca 360
 cttcctaaac ccaatccgct tcaacgggga cctggaagca gtgatattcc ttcagaaata 420
 gtggttgctt ctgtctctag caattgttct gctgatagtg aggatcgtgc agattctcag 480
 cttcagagcc ctgttgggaa tgatagtac aatgtaaca aggtttcttc aaagaaaaag 540
 tcaagtaatg ttcgcaagga tcaatctggt gctattacta ccaagaccac gaaggaaata 600
 ttgaagccag ctgctaagc attccccagt aaccatacac agtccacgcc accaagaggt 660
 atttcagctg acaataatca accagattta caaaatctcc ggccagtagt tttcgagagt 720
 gctcccaata gtttgatgtc aagtccttcg agaagtcca gaccaatag tcttgatcat 780
 attccgactt cagccttttg ggcagtgaag cctcatgctg atgtaacttt ccttggatct 840
 ggtcagtgct ccagtccagg ttcagggcaa acatctggac ataattcagt ggggtggcgat 900
 atgctagccc agcttttttg gcaaccacc aggggtagtc cagagtgttc accagttcct 960
 agcccaagaa tgacgagtcc tggccctagt tctcgtgtgc atagtggaag tgtttccccg 1020
 ttgcatccaa ggtctggagg agtggcacct gaatctccta cgagtcggca tgatgatgga 1080

ES 2 547 032 B1

aagaagaagc aaacccataa attgcccctt ccaccattga gcatctctaa cactaacagt 1140
tcatttcttc caaataactc catgccaagc agtcctatth cagtaccccg cagccctggc 1200
agaacagaga atccatcaag tcctgcatca cgatggaaga agggcaagct gattggctgt 1260
gggacatttg gtcattgata tgttggtctc aacaatgata gcggtgaaat gtgctgcaatg 1320
aaagaggtta ccctattctt ggatgacctt aaatcaaagg agagtgcaaa gcaattgctg 1380
caggaagtat cactcttgag ccgcttaagg catccaaata ttgtacaata ctatggatca 1440
gaaatgggtg aagataaact ttacatata ttggaatatg tttctggtgg atccatacat 1500
aaacttcttc aagagtatgg acagcttggt gaaccagcaa tacgcagcta cacccaacag 1560
atactttcag gcttagctta tttgcatgcc aagaataccg tccataggga catcaaaggt 1620
gcaaacatac tagttgatcc aagtggccgt gttaagcttg cagactttgg aatggcaaag 1680
catatcaatg gacagcactg tcctttttca ttttaagggtg gtccatactg gatggctcca 1740
gaggttataa aaaattctaa tggatgcaac cttgctggtg acatatggag tttaggttgc 1800
actgtcctgg aatggctac ctcaaagcca ccatggagcc agtatgaagg gattgctgca 1860
gtgttcaaga ttgggaacag caaggaactt ccgccaatac cggatcacct ctctggagcac 1920
tgcaaggact tcattaggaa gtgtctgcaa cgtgatccat ctcagcgtcc aacgtcagtt 1980
gagcttttgc aacaccatt catacaaat ggagtttcac ttgagaaatc tgttattcct 2040
aatcatttgg agcatttggc tgccatatca tgcagaacia aaccaaggt ggccgtgag 2100
acaagaaatg cctccttagg tttcgagggt cagactatth accaaagaag ggggtgtaaaa 2160
ttatcttcaa aacacagtga tattcatatt cgaagcaata taccctgtcc agtttctcca 2220
tgtggaagcc ccctgctaaa gtcgaggctc cccaacaca caagtggcag aatgtcacc 2280
tctcctatth cgagccccag aactatgtca ggcacttcca cacccctatc tgggtggcaat 2340
ggtgctattc cttttaacca cctaaggat gcaacttaca gcagtgaggg atttgggacc 2400
acatcaagag gcctagacga tcatttcccg aaccggcata aagatccgat cttggggcat 2460
tttgctcagg cacatcaagt ctacagggg cctcgggaaa gagtagtatc tgaagctgat 2520
attctgagcc ctcaatttgg aaagaaactt ggaaatgttt ttgacttgct ggaaaggcta 2580
tccccttctg aacattttac tcgtcatgcc ttggtggatc atgtggatct aaatccttca 2640
ctagacctga catctggctc tctacaccct ggactaaagc gtggtaaata actattgaat 2700
gtaaaaagca ggggtggcatt ttttgagttt tttggctgct atgaccattc aatgactgca 2760
actgtatcat agtatcagaa agattgacaa tttctttaga agctaattgg tggcaatgga 2820
tgggatcttt gttgtcatca atgcaattca agtcaacaaa gattctgcct attcctacat 2880
ggctgagcaa gtctccttag catactaac tcgctgctca acaagtaaca agtgtcgaat 2940
gatgggactg tatattggat tcccagactg aatcactgaa ggacccaaag cagtaactct 3000
ccatttgtat accctactca cccaatatg taacctattc tttgttccat ttttttctt 3060
ggcgtcctga tgccagtga cagaaggatt ctcaactagg agcctggttt ttgcacagga 3120

aaaaaacagt tgaactagtc

3140

<210> 40
 <211> 896
 <212> PRT
 <213> Sorghum bicolor

<400> 40

Met Pro Thr Trp Trp Gly Lys Ser Ser Ser Lys Asp Val Lys Lys Thr
 1 5 10 15

Thr Lys Glu Asn Leu Ile Asp Thr Phe His Arg Leu Ile Ser Pro Asn
 20 25 30

Glu Gln Lys Gly Ser Thr Lys Ser Lys Arg Asn Cys Arg Arg Gly Asn
 35 40 45

Thr Ala Ala Glu Lys Val Cys Lys Ser Thr Thr Val Ser Arg Pro Thr
 50 55 60

Ser Pro Ser Lys Glu Val Ser Arg Cys Gln Ser Phe Ser Ala Asp Arg
 65 70 75 80

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

Arg Ala Val Ala Asp Val Asn Asp Ser Lys Pro Ile Leu Glu Lys Arg
 100 105 110

Gly Lys Pro Pro Leu Leu Leu Pro Leu Pro Lys Pro Asn Pro Leu Gln
 115 120 125

Arg Gly Pro Gly Ser Ser Asp Ile Pro Ser Glu Ile Val Val Ala Ser
 130 135 140

Val Ser Ser Asn Cys Ser Ala Asp Ser Glu Asp Arg Ala Asp Ser Gln
 145 150 155 160

Leu Gln Ser Pro Val Gly Asn Asp Ser Asp Asn Val Thr Lys Val Ser
 165 170 175

Ser Lys Lys Lys Ser Ser Asn Val Arg Lys Asp Gln Ser Gly Ala Ile
 180 185 190

Thr Thr Lys Thr Thr Lys Glu Ile Leu Lys Pro Ala Ala Asn Ala Phe
 195 200 205

Pro Ser Asn His Thr Gln Ser Thr Pro Pro Arg Gly Ile Ser Ala Asp
 210 215 220

Asn Asn Gln Pro Asp Leu Gln Asn Leu Arg Pro Val Val Phe Glu Ser
 225 230 235 240

ES 2 547 032 B1

Ala Pro Asn Ser Leu Met Ser Ser Pro Ser Arg Ser Pro Arg Pro Ile
 245 250 255

Cys Pro Asp His Ile Pro Thr Ser Ala Phe Trp Ala Val Lys Pro His
 260 265 270

Ala Asp Val Thr Phe Leu Gly Ser Gly Gln Cys Ser Ser Pro Gly Ser
 275 280 285

Gly Gln Thr Ser Gly His Asn Ser Val Gly Gly Asp Met Leu Ala Gln
 290 295 300

Leu Phe Trp Gln Pro Thr Arg Gly Ser Pro Glu Cys Ser Pro Val Pro
 305 310 315 320

Ser Pro Arg Met Thr Ser Pro Gly Pro Ser Ser Arg Val His Ser Gly
 325 330 335

Ser Val Ser Pro Leu His Pro Arg Ser Gly Gly Val Ala Pro Glu Ser
 340 345 350

Pro Thr Ser Arg His Asp Asp Gly Lys Lys Lys Gln Thr His Lys Leu
 355 360 365

Pro Leu Pro Pro Leu Ser Ile Ser Asn Thr Asn Ser Ser Phe Leu Pro
 370 375 380

Asn Asn Ser Met Pro Ser Ser Pro Ile Ser Val Pro Arg Ser Pro Gly
 385 390 395 400

Arg Thr Glu Asn Pro Ser Ser Pro Ala Ser Arg Trp Lys Lys Gly Lys
 405 410 415

Leu Ile Gly Arg Gly Thr Phe Gly His Val Tyr Val Gly Phe Asn Asn
 420 425 430

Asp Ser Gly Glu Met Cys Ala Met Lys Glu Val Thr Leu Phe Leu Asp
 435 440 445

Asp Pro Lys Ser Lys Glu Ser Ala Lys Gln Leu Arg Gln Glu Val Ser
 450 455 460

Leu Leu Ser Arg Leu Arg His Pro Asn Ile Val Gln Tyr Tyr Gly Ser
 465 470 475 480

Glu Met Val Glu Asp Lys Leu Tyr Ile Tyr Leu Glu Tyr Val Ser Gly
 485 490 495

Gly Ser Ile His Lys Leu Leu Gln Glu Tyr Gly Gln Leu Gly Glu Pro
 500 505 510

ES 2 547 032 B1

Ala Ile Arg Ser Tyr Thr Gln Gln Ile Leu Ser Gly Leu Ala Tyr Leu
515 520

His Ala Lys Asn Thr Val His Arg Asp Ile Lys Gly Ala Asn Ile Leu
530 535 540

Val Asp Pro Ser Gly Arg Val Lys Leu Ala Asp Phe Gly Met Ala Lys
545 550 555 560

His Ile Asn Gly Gln His Cys Pro Phe Ser Phe Lys Gly Ser Pro Tyr
565 570 575

Trp Met Ala Pro Glu Val Ile Lys Asn Ser Asn Gly Cys Asn Leu Ala
580 585 590

Val Asp Ile Trp Ser Leu Gly Cys Thr Val Leu Glu Met Ala Thr Ser
595 600 605

Lys Pro Pro Trp Ser Gln Tyr Glu Gly Ile Ala Ala Val Phe Lys Ile
610 615 620

Gly Asn Ser Lys Glu Leu Pro Pro Ile Pro Asp His Leu Ser Glu His
625 630 635 640

Cys Lys Asp Phe Ile Arg Lys Cys Leu Gln Arg Asp Pro Ser Gln Arg
645 650 655

Pro Thr Ser Val Glu Leu Leu Gln His Pro Phe Ile Gln Asn Gly Val
660 665 670

Ser Leu Glu Lys Ser Val Ile Pro Asn His Leu Glu His Leu Ala Ala
675 680 685

Ile Ser Cys Arg Thr Lys Pro Lys Val Ala Val Gln Thr Arg Asn Ala
690 695 700

Ser Leu Gly Phe Glu Gly Gln Thr Ile Tyr Gln Arg Arg Gly Val Lys
705 710 715 720

Leu Ser Ser Lys His Ser Asp Ile His Ile Arg Ser Asn Ile Ser Cys
725 730 735

Pro Val Ser Pro Cys Gly Ser Pro Leu Leu Lys Ser Arg Ser Pro Gln
740 745 750

His Thr Ser Gly Arg Met Ser Pro Ser Pro Ile Ser Ser Pro Arg Thr
755 760 765

Met Ser Gly Thr Ser Thr Pro Leu Ser Gly Gly Asn Gly Ala Ile Pro
770 775 780

ES 2 547 032 B1

Phe Asn His Leu Arg Tyr Ala Thr Tyr Ser Ser Glu Gly Phe Gly Thr
 785 790 795 800
 Thr Ser Arg Gly Leu Asp Asp His Phe Pro Asn Arg His Lys Asp Pro
 805 810 815
 Ile Leu Gly His Phe Ala Gln Ala His Gln Val Ser Gln Gly Pro Arg
 820 825 830
 Glu Arg Val Val Ser Glu Ala Asp Ile Leu Ser Pro Gln Phe Gly Lys
 835 840 845
 Lys Leu Gly Asn Val Phe Asp Leu Arg Glu Arg Leu Ser Pro Ser Glu
 850 855 860
 His Phe Thr Arg His Ala Leu Val Asp His Val Asp Leu Asn Pro Ser
 865 870 875 880
 Leu Asp Leu Thr Ser Gly Ser Leu His Pro Gly Leu Lys Arg Gly Lys
 885 890 895

<210> 41
 <211> 2688
 <212> DNA
 <213> Sorghum bicolor

<400> 41
 atgccaccat ggtgggaaa atcttcatcc aaagaagtga aaaagacagc caaagaaaac 60
 ctcatgaca catttcagcg tctcataagt tcaaatgagc aaaaggggaag cagaaaatca 120
 cgaggtagtc gtaaacaatgg taaagacaca gctggtgaca aaggttgctg gtctactgcc 180
 caatcccgct caacatcccc ttcaaaagag gtctctcggg gtcagagctt tgcagcagat 240
 agaccacctg cgcaaccact tcctcttctt aaatcacgtg ctagggtgac gcgtacttct 300
 tctgatatta ccaactcaaa gtccactttg gaaaagcatg gcaaaggaca actgcttcca 360
 ctcccccta ctcagcctag aaaaagacct gaagctactg aacctgttac tgaagtagct 420
 actgcttctg tctccagcaa ctgttctatt gatagtgatg atcctgggtga ttctcggctt 480
 cagagccctg tgggaaatga ggttgaaaat gcgactagaa ttactgcaac aagtagttca 540
 agtgttttgc acaaagagcg ttctagtgtc atcaccaaaa agagcaccaa ggaagttgca 600
 aagccaaaca atgcttttct cagtaaccaa atcttgtcaa catctccaag aggtaccggt 660
 gctgatgggt atcaatccaa ttacaaagc ccccgacaga ttgccctgga gagtgctccg 720
 aatagtttga tgtcaagtcc ttctcgaagc ccaaggatta tatgtcctga tcagattcca 780
 acttcagctt tttgggcagt aaagcctcat actgatataa ctttccttgg gtctggctcag 840
 tgctcgagtc caggttctgg tcagacatct gggcataatt cagtgggagg tgatatgcta 900
 ggccaatct tttggcagcc tagccgaggt agtccagagt gttaccaat tccaagccca 960

ES 2 547 032 B1

agaatgacaa gtcctggtcc aagttctagg gtgcatagtg gaagtgtctc tcctttgcat 1020
 ccaagagctg gtgggggtcac tcctgaatct ccaacaaatc gacacgctga agggaacaag 1080
 aaacaaacc acagattgcc gcttcctcca ataagcacag ctaatatttc cacctttttg 1140
 ccaaacagct ctaccccagc tagtcctata tctcgtagtc ctggtagaac agagaatcca 1200
 ccgagtcctg gttcacggtg gaagaaggga aaactgattg gccgtgggac atttggccat 1260
 gtatacgttg gttttaacag tgacagaggt gaaatgtgtg cgatgaagga ggttaccctt 1320
 ttcgcagatg atcctaaatc aaaagaaagt gcaaacagc tgtgccagga aatatacctt 1380
 ctgagccgac tgcagcacc aacattgtg cgatactatg gatctgaaac tgttgatgat 1440
 aagctttaca tatacctgga gtatgtttct ggtggatcta tacataagct tctccaagag 1500
 tacggccagt ttggtgaaca ggccattcgc agttatacta agcaaatact tttgggccta 1560
 gcttatttgc atgcaaagaa tacagtacac agggacatca aagggtgcaaa catattggta 1620
 gaccctaag gccgtgtaa gcttgctgac ttcgggatgg caaacatat caatgggcag 1680
 cagtgccctt tctcatttaa gggtagcccg tactggatgg ctctgaggt tataaaaaat 1740
 gctagtggat gtaaccttgc agttgatata tggagttag gatgcacggt cctagagatg 1800
 gctacttcaa aaccacatg gagccaatat gaagggattg ctgcaatggt taagatagga 1860
 aacagtaagg agcttccgcc aataccagat cacctctcag aagaggggaa agacttcata 1920
 agaaagtgct tgcaacgcga tccatccagc cgtccaacag cagtggatct tttgcagcat 1980
 gcattcgtac gaaatgcacc accacttgaa aatcatctg cctctcatcc actggaggtg 2040
 gaacagttga cggctatatc atgcagaaca aattcaaagg tggttgagca tgccagaaat 2100
 atgtcctcgc ttggtttggga aggccaatca attttgcaga gaagagctgc caaattttct 2160
 ttgccaatta gtgatatcca tatacggagt aacatatctt gtcctgtatc tccatgtgga 2220
 agtctcttc tgagatcaag atccccaca catcaaatg gtagaatgtc accttctcca 2280
 atttctagcc ccagaacaac ttcgggtgct tcaactcctc tgactggtg tagtggagct 2340
 gttcctttaa accatgtgag gcaaccagct tacagaaatg agggcttcac agtcacatca 2400
 agaggttttg atgaccacat acctagccgg cctgttgatc cagtacatgg acgttttatt 2460
 cgagtgcagc aattttctgc gggccgtcag gagagggtag tctccgaagc tgacattctg 2520
 agctctcaat ttggaagat gaggcatgca aatgtgtggg attcgcata taggccattg 2580
 cttctgagc gttcctctca gcagtgctt ggggatcatg tgaagctaaa accttactg 2640
 gacttgaggt ctggtcctcg gcaccctggg cgcaaccatg gccattga 2688

<210> 42
 <211> 895
 <212> PRT
 <213> Sorghum bicolor

<400> 42

Met Pro Pro Trp Trp Gly Lys Ser Ser Ser Lys Glu Val Lys Lys Thr

1

5

10

15

ES 2 547 032 B1

Ala Lys Glu Asn₂₀ Leu Ile Asp Thr Phe₂₅ Gln Arg Leu Ile Ser₃₀ Ser Asn
 Glu Gln Lys₃₅ Gly Ser Arg Lys₄₀ Ser Arg Gly Ser Arg Lys₄₅ His Gly Lys
 Asp Thr₅₀ Ala Gly Asp Lys₅₅ Gly Cys Trp Ser Thr Ala₆₀ Gln Ser Arg Ser
 Thr₆₅ Ser Pro Ser Lys₇₀ Glu Val Ser Arg Cys₇₅ Gln Ser Phe Ala Ala Asp₈₀
 Arg Pro Pro Ala₈₅ Gln Pro Leu Pro Leu₉₀ Pro Lys Ser Arg Ala₉₅ Arg Val
 Thr Arg Thr Ser₁₀₀ Ser Asp Ile Thr Asn₁₀₅ Ser Lys Ser Thr Leu₁₁₀ Glu Lys
 His Gly Lys₁₁₅ Gly Gln Leu Leu Pro₁₂₀ Leu Pro Pro Thr Gln₁₂₅ Pro Arg Lys
 Arg Pro₁₃₀ Glu Ala Thr Glu Pro₁₃₅ Val Thr Glu Val Ala₁₄₀ Thr Ala Ser Val
 Ser₁₄₅ Ser Asn Cys Ser Ile₁₅₀ Asp Ser Asp Asp Pro₁₅₅ Gly Asp Ser Arg Leu₁₆₀
 Gln Ser Pro Val Gly₁₆₅ Asn Glu Val Glu Asn₁₇₀ Ala Thr Arg Ile Thr₁₇₅ Ala
 Thr Ser Ser Ser₁₈₀ Ser Val Leu His Lys₁₈₅ Glu Arg Ser Ser Ala₁₉₀ Ile Thr
 Lys Lys Ser₁₉₅ Thr Lys Glu Val Ala₂₀₀ Lys Pro Asn Asn Ala₂₀₅ Phe Leu Ser
 Asn Gln₂₁₀ Ile Leu Ser Thr Ser₂₁₅ Pro Arg Gly Thr Val Ala Asp Gly Tyr
 Gln₂₂₅ Ser Asn Leu Gln Ser₂₃₀ Pro Arg Gln Ile Ala₂₃₅ Leu Glu Ser Ala Pro₂₄₀
 Asn Ser Leu Met Ser₂₄₅ Ser Pro Ser Arg Ser₂₅₀ Pro Arg Ile Ile Cys₂₅₅ Pro
 Asp Gln Ile Pro₂₆₀ Thr Ser Ala Phe Trp₂₆₅ Ala Val Lys Pro His₂₇₀ Thr Asp
 Ile Thr Phe₂₇₅ Leu Gly Ser Gly Gln₂₈₀ Cys Ser Ser Pro Gly₂₈₅ Ser Gly Gln

ES 2 547 032 B1

Thr Ser Gly His Asn Ser Val Gly Gly Asp Met Leu Gly Pro Ile Phe
 290 295 300
 Trp Gln Pro Ser Arg Gly Ser Pro Glu Cys Ser Pro Ile Pro Ser Pro
 305 310 315 320
 Arg Met Thr Ser Pro Gly Pro Ser Ser Arg Val His Ser Gly Ser Val
 325 330 335
 Ser Pro Leu His Pro Arg Ala Gly Gly Val Thr Pro Glu Ser Pro Thr
 340 345 350
 Asn Arg His Ala Glu Gly Asn Lys Lys Gln Thr His Arg Leu Pro Leu
 355 360 365
 Pro Pro Ile Ser Thr Ala Asn Ile Ser Thr Phe Leu Pro Asn Ser Ser
 370 375 380
 Thr Pro Ala Ser Pro Ile Ser Arg Ser Pro Gly Arg Thr Glu Asn Pro
 385 390 395 400
 Pro Ser Pro Gly Ser Arg Trp Lys Lys Gly Lys Leu Ile Gly Arg Gly
 405 410 415
 Thr Phe Gly His Val Tyr Val Gly Phe Asn Ser Asp Arg Gly Glu Met
 420 425 430
 Cys Ala Met Lys Glu Val Thr Leu Phe Ala Asp Asp Pro Lys Ser Lys
 435 440 445
 Glu Ser Ala Lys Gln Leu Cys Gln Glu Ile Ser Leu Leu Ser Arg Leu
 450 455 460
 Gln His Pro Asn Ile Val Arg Tyr Tyr Gly Ser Glu Thr Val Asp Asp
 465 470 475 480
 Lys Leu Tyr Ile Tyr Leu Glu Tyr Val Ser Gly Gly Ser Ile His Lys
 485 490 495
 Leu Leu Gln Glu Tyr Gly Gln Phe Gly Glu Gln Ala Ile Arg Ser Tyr
 500 505 510
 Thr Lys Gln Ile Leu Leu Gly Leu Ala Tyr Leu His Ala Lys Asn Thr
 515 520 525
 Val His Arg Asp Ile Lys Gly Ala Asn Ile Leu Val Asp Pro Asn Gly
 530 535 540
 Arg Val Lys Leu Ala Asp Phe Gly Met Ala Lys His Ile Asn Gly Gln
 545 550 555 560

ES 2 547 032 B1

Gln Cys Pro Phe Ser₅₆₅ Phe Lys Gly Ser Pro₅₇₀ Tyr Trp Met Ala Pro₅₇₅ Glu
 Val Ile Lys Asn₅₈₀ Ala Ser Gly Cys Asn₅₈₅ Leu Ala Val Asp₅₉₀ Ile Trp Ser
 Leu Gly Cys₅₉₅ Thr Val Leu Glu Met₆₀₀ Ala Thr Ser Lys Pro₆₀₅ Pro Trp Ser
 Gln Tyr₆₁₀ Glu Gly Ile Ala Ala₆₁₅ Met Phe Lys Ile Gly₆₂₀ Asn Ser Lys Glu
 Leu₆₂₅ Pro Pro Ile Pro Asp₆₃₀ His Leu Ser Glu Glu₆₃₅ Gly Lys Asp Phe Ile₆₄₀
 Arg Lys Cys Leu Gln₆₄₅ Arg Asp Pro Ser Ser₆₅₀ Arg Pro Thr Ala Val₆₅₅ Asp
 Leu Leu Gln His₆₆₀ Ala Phe Val Arg Asn₆₆₅ Ala Pro Pro Leu Glu₆₇₀ Lys Ser
 Ser Ala Ser₆₇₅ His Pro Leu Glu Val₆₈₀ Glu Gln Leu Thr Ala₆₈₅ Ile Ser Cys
 Arg Thr₆₉₀ Asn Ser Lys Val Val₆₉₅ Glu His Ala Arg Asn₇₀₀ Met Ser Ser Leu
 Gly₇₀₅ Leu Glu Gly Gln Ser₇₁₀ Ile Leu Gln Arg Arg₇₁₅ Ala Ala Lys Phe Ser₇₂₀
 Leu Pro Ile Ser Asp₇₂₅ Ile His Ile Arg Ser₇₃₀ Asn Ile Ser Cys Pro₇₃₅ Val
 Ser Pro Cys Gly₇₄₀ Ser Pro Leu Leu Arg₇₄₅ Ser Arg Ser Pro Gln₇₅₀ His Gln
 Asn Gly Arg₇₅₅ Met Ser Pro Ser Pro₇₆₀ Ile Ser Ser Pro Arg₇₆₅ Thr Thr Ser
 Gly Ala Ser Thr Pro Leu Thr₇₇₅ Gly Gly Ser Gly Ala₇₈₀ Val Pro Leu Asn
 His Val Arg Gln Pro Ala₇₉₀ Tyr Arg Asn Glu Gly₇₉₅ Phe Thr Val Thr Ser₈₀₀
 Arg Gly Phe Asp Asp₈₀₅ His Ile Pro Ser Arg₈₁₀ Pro Val Asp Pro Val₈₁₅ His
 Gly Arg Phe Ile₈₂₀ Arg Val Gln Gln Phe₈₂₅ Ser Ala Gly Arg Gln₈₃₀ Glu Arg

ES 2 547 032 B1

Val Val Ser Glu Ala Asp Ile Leu Ser Ser Gln Phe Gly Lys Met Arg
 835 840 845

His Ala Asn Val Trp Asp Ser His Asp Arg Pro Leu Pro Ser Glu Arg
 850 855 860

Ser Ser Gln Gln Cys Phe Gly Asp His Val Lys Leu Lys Pro Ser Leu
 865 870 875 880

Asp Leu Arg Ser Gly Pro Arg His Pro Gly Arg Asn His Gly His
 885 890 895

<210> 43
 <211> 2682
 <212> DNA
 <213> Zea mays

<400> 43
 atgccaccat ggtggggaaa atcttcatcc aaagaagtga aaaagtctgc caaagaaaac 60
 ctcatcgaca catttcagcg tctcataagt tcaaatgagc aaaaggggaag cagaaaatca 120
 cgaagtagtc gtagacatgg taaagacaca gctggtgaca aagggtgctg gtccactgct 180
 caatcccgt caacatcccc ttcaaaagag gtctctcgat gtcagagctt tgcagcagat 240
 agaccacatg cacagccact tcctcttccc aaatcacgtg ctaagggtgac acgtactttt 300
 tctgatatta ccaactcaaa gtccactttg gaaaagcatg gcaaaggaca actgcttcca 360
 ctccctcaa ttcagcctaa aaaaagacct gaagctactg aacctgttac tgaagtagct 420
 actgcttcgg tctccagcaa ctgttctatt gacagtgatg atcctggtga ttctcagctt 480
 cagagtcctg tgggaaatga ggctgaaaat gcgactagaa ttactgcaac aagtagttca 540
 agtgttgtgc gcaaagaatg ttctagtgtc attaccagaa agaacacaaa ggaagttgca 600
 aagccaaaca gtgctattct cagtaaccaa attctgtcaa catctccaag aggtaccttt 660
 gctgatggtt atcaatcaa tttacaaagc ccccgacaga ttgccctgga gagtgtccg 720
 aatagtttga tgtcaagtcc ttctcgaagc ccaagaaata tatgtcctgt tcagattcca 780
 acttcagctt tttgggcaat aaaacctcat actgatgtaa ctttccttgg gtctggtcag 840
 tgctccagtc caggttctgg tcagacatct gggcataatt cagtgggagg tgatatgcta 900
 ggccaatct tttggcagcc tagccgaggt agtccagagt gttaccaat tccaagccca 960
 agaatgacga gtctgtgtcc aagttctcgg gtgcatagtg gaagtgtctc tcctttgcat 1020
 ccaagagctg gtggggtcac tcctgaatcc ccaacaaatc gacatgctga agggaacaag 1080
 aagcaaacc atagattgcc gttccgcca ttaagcattg ctaatagttc tacctttttg 1140
 ccaaacagct ctaacccaac tagtcctata tctcgtagtc ctggtagaac agagaatcca 1200
 ccgagtcctg gttcacggtg gaagaagga aaattgattg gccgtgggac atttggccat 1260
 gtatatgttg gtttaacag tgacagaggt gaaatgtgtg cgatgaagga ggttaccctt 1320

ES 2 547 032 B1

ttctcagatg atcctaaatc aaaagaaagt gcaaaacagc tctgccagga aatatcactt 1380
 ctgagccgac tgcagcacc aaacattgtg cgatactatg gatctgaaac tgttgatgat 1440
 aagctttaca tatacctgga gtatgtttct ggtggatcta tacataagct tctccaagag 1500
 tatggacagt ttgggtgaaca ggccatttgc agttatacta agcaaatact tttgggccta 1560
 gcttatttgc atgcaaagaa tacagtacac agagacatca aaggcgcaaa catatttgta 1620
 gaccctaagtg gccgcgtgaa gctcgtgac tttgggatgg caaaacatat caatgggcag 1680
 cagtgccctt tctcatttaa gggtagcccg tactggatgg ctcctgaggt tataaaaaat 1740
 gctagcggat gtaaccttgc agttgatata tggagttag gatgcacagt cctagagatg 1800
 gctacttcaa aaccacatg gagccaatat gaagggattg ccgcaatggt taagatagga 1860
 aacagtaagg agcttcacc aataccgat cacctctcag aagaagggaa agacttcata 1920
 agacagtgct tgcaacgtga tccatccagc cgtccaacag cagtggatct tctgcagcat 1980
 ccattcgtac aaaatgcacc gccacttgaa aaatcatctg cctctcatcc actggaacag 2040
 ttgacggcta tatcatgcag aacaaattcg aaggtggttg agcatgccag aaatatgtcc 2100
 tcgcttggtt tggaaggcca atcaattttg cagagaagag ctgccaaatt ttctttgcca 2160
 aatagtgata tccatatacg gagtaatata tcttgtcctg tatctccatg tggaagtcct 2220
 cttctaagat caagatctcc acagcatcaa aatggtagaa tgtcaccttc tccaatttgc 2280
 agccccagga ctacttcggg tgcttcaact cctctgactg gtggtagtgg agctgttcct 2340
 ttaaaccatg tgaggcaacc agcttacaga aatgagggct tcacggtcac atcaagaggt 2400
 tttgatgacc acatgcctag ccggcctggt gatccagtac atggacgttt tattcgagtg 2460
 cagcaaattc ccgtgggtcg gcaggagagg gtagtctctg aagttgacat tctgagctct 2520
 caatatggaa agatgagaca tgcaaatgtg tgggatccgc atgataggcc attaccttct 2580
 gagcgttcct ctcaacagtg ctttgggaat catgcgaagc taaaaccttc actggacttg 2640
 agatctggtc ctcggcacc tgggcgcaat catggccatt ga 2682

<210> 44
 <211> 893
 <212> PRT
 <213> Zea mays

<400> 44

Met Pro Pro Trp Trp Gly Lys Ser Ser Ser Lys Glu Val Lys Lys Ser
 1 5 10 15

Ala Lys Glu Asn Leu Ile Asp Thr Phe Gln Arg Leu Ile Ser Ser Asn
 20 25 30

Glu Gln Lys Gly Ser Arg Lys Ser Arg Ser Ser Arg Arg His Gly Lys
 35 40 45

Asp Thr Ala Gly Asp Lys Gly Cys Trp Ser Thr Ala Gln Ser Arg Ser
 50 55 60

ES 2 547 032 B1

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

ES 2 547 032 B1

Ser Pro Leu His Pro Arg Ala Gly Gly Val Thr Pro Glu Ser Pro Thr
 340 345 350

Asn Arg His Ala Glu Gly Asn Lys Lys Gln Thr His Arg Leu Pro Leu
 355 360 365

Pro Pro Leu Ser Ile Ala Asn Ser Ser Thr Phe Leu Pro Asn Ser Ser
 370 375 380

Asn Pro Thr Ser Pro Ile Ser Arg Ser Pro Gly Arg Thr Glu Asn Pro
 385 390 395 400

Pro Ser Pro Gly Ser Arg Trp Lys Lys Gly Lys Leu Ile Gly Arg Gly
 405 410 415

Thr Phe Gly His Val Tyr Val Gly Phe Asn Ser Asp Arg Gly Glu Met
 420 425 430

Cys Ala Met Lys Glu Val Thr Leu Phe Ser Asp Asp Pro Lys Ser Lys
 435 440 445

Glu Ser Ala Lys Gln Leu Cys Gln Glu Ile Ser Leu Leu Ser Arg Leu
 450 455 460

Gln His Pro Asn Ile Val Arg Tyr Tyr Gly Ser Glu Thr Val Asp Asp
 465 470 475 480

Lys Leu Tyr Ile Tyr Leu Glu Tyr Val Ser Gly Gly Ser Ile His Lys
 485 490 495

Leu Leu Gln Glu Tyr Gly Gln Phe Gly Glu Gln Ala Ile Cys Ser Tyr
 500 505 510

Thr Lys Gln Ile Leu Leu Gly Leu Ala Tyr Leu His Ala Lys Asn Thr
 515 520 525

Val His Arg Asp Ile Lys Gly Ala Asn Ile Leu Val Asp Pro Asn Gly
 530 535 540

Arg Val Lys Leu Ala Asp Phe Gly Met Ala Lys His Ile Asn Gly Gln
 545 550 555 560

Gln Cys Pro Phe Ser Phe Lys Gly Ser Pro Tyr Trp Met Ala Pro Glu
 565 570 575

Val Ile Lys Asn Ala Ser Gly Cys Asn Leu Ala Val Asp Ile Trp Ser
 580 585 590

Leu Gly Cys Thr Val Leu Glu Met Ala Thr Ser Lys Pro Pro Trp Ser
 595 600 605

ES 2 547 032 B1

Gln Tyr Glu Gly Ile Ala Ala Met Phe Lys Ile Gly Asn Ser Lys Glu
610 615 620

Leu Pro Pro Ile Pro Asp His Leu Ser Glu Glu Gly Lys Asp Phe Ile
625 630 635 640

Arg Gln Cys Leu Gln Arg Asp Pro Ser Ser Arg Pro Thr Ala Val Asp
645 650 655

Leu Leu Gln His Pro Phe Val Gln Asn Ala Pro Pro Leu Glu Lys Ser
660 665 670

Ser Ala Ser His Pro Leu Glu Gln Leu Thr Ala Ile Ser Cys Arg Thr
675 680 685

Asn Ser Lys Val Val Glu His Ala Arg Asn Met Ser Ser Leu Gly Leu
690 695 700

Glu Gly Gln Ser Ile Leu Gln Arg Arg Ala Ala Lys Phe Ser Leu Pro
705 710 715 720

Asn Ser Asp Ile His Ile Arg Ser Asn Ile Ser Cys Pro Val Ser Pro
725 730 735

Cys Gly Ser Pro Leu Leu Arg Ser Arg Ser Pro Gln His Gln Asn Gly
740 745 750

Arg Met Ser Pro Ser Pro Ile Cys Ser Pro Arg Thr Thr Ser Gly Ala
755 760 765

Ser Thr Pro Leu Thr Gly Gly Ser Gly Ala Val Pro Leu Asn His Val
770 775 780

Arg Gln Pro Ala Tyr Arg Asn Glu Gly Phe Thr Val Thr Ser Arg Gly
785 790 795 800

Phe Asp Asp His Met Pro Ser Arg Pro Val Asp Pro Val His Gly Arg
805 810 815

Phe Ile Arg Val Gln Gln Ile Pro Val Gly Arg Gln Glu Arg Val Val
820 825 830

Ser Glu Val Asp Ile Leu Ser Ser Gln Tyr Gly Lys Met Arg His Ala
835 840 845

Asn Val Trp Asp Pro His Asp Arg Pro Leu Pro Ser Glu Arg Ser Ser
850 855 860

Gln Gln Cys Phe Gly Asn His Ala Lys Leu Lys Pro Ser Leu Asp Leu
865 870 875 880

ES 2 547 032 B1

Arg Ser Gly Pro Arg His Pro Gly Arg Asn His Gly His
 885 890

<210> 45
 <211> 3634
 <212> DNA
 <213> Triticum aestivum

<400> 45
 ggccccacgg ccgcccgcga cgccccgtc ccgtgccgcc tcctccaagc acccccggcc 60
 cggcccctca cggcgcgtcc ccgccgtccc cccctttcgc tcgtcggggc gccgcgttcc 120
 tgctgcctcc gccccgtcag cggccccgg ccgccggttt ccgagatatt gttccattgt 180
 cggtcctcgc tgaaagccga ggggtgtgca tgccataacg agaaaagccc gtgcttatgc 240
 tcttctgact ggcagaatat ggtaattgat cagttttggt aacattgtgg tgactgcaca 300
 gccggttaga tataccacag atcctttcat attcgatag ccatcatggt gggggaagtc 360
 ttctcaaaa gatgcaaaga aaaccaccaa agagaacctc atggatacat ttcacggtt 420
 tataagtcca aatgagcaaa aaggaagcac aaaatcaaaa cggaggtaca gacgtggcga 480
 tgatacaact gttgaaaagg tctgccagtc taccacagta tcgcgcgcaa cttcacctc 540
 aaaagaagt tctcgtgtc aaagcttttc agctgatagg gtacattccc aaccgcttcc 600
 tgttcctgga tcacgtcctg cagtgcacgc cactgcttct gatgtcaccg aatcaaggcc 660
 catattagaa aaacgtggca aaccaccact gcttctgcca cttcctaac ctaacaggcc 720
 tcagagaagg tcagaaatag tgattgcttc actttctagc aactgctctg ttgatagtga 780
 tgaccatgga gattctcagc ttccgagccc tgttggaaat gatgctgaaa acacaacaaa 840
 tactacttcc aagagcaagt caagtaatgt gcgcaaagag cgtcctggtg ctatcaccac 900
 caagaatagc aaggagatgg caaagacagc taatcaattc ctgagtaacc atacattgtc 960
 cacatcaccg agaggattg cagctgacaa tcaccaacct aatccacaaa atcctcggcc 1020
 ggtagtcttg gagagtgctc caaatagttt gatgtcaagt cttctagaa gtccgagaag 1080
 aatatgtcca gaccatattc caacttcagc cttttgggca gtgaagcctc atacagatgt 1140
 tactttcctt gactctggtc agtgctccag tccaggttca gggcaaacat ctggccataa 1200
 ctctgtgggt ggtgatatgc tagcccagct tttctggcag cccagcagag gtagtccaga 1260
 gtgttcaccg attcctagcc caagaatgac aagtcctggc cctagtcca gggcgcacag 1320
 tggaagtgtt tctccattgc atccgaggtc tggagggatg gcacctgaat ctccgacagg 1380
 tcggaatgat ggtgggaaga agaagcaaac ccacagattg cctcttccac cactgagcat 1440
 ctctaatagt tcattttttc caacaagtc cacgccagct agtcctatct cagcgcctcg 1500
 tagtcctggc cgaacagaga atccaccaag tcctggatca cgatggaaga aggggaagct 1560
 gattggctcgt ggaacatttg gccatgtata tgttggcttt aacagtgata gcggtgaaat 1620
 gtgtgctatg aaagaggtga ccctattctc ggatgatcct aatcaaagg aaagtgcaaa 1680

ES 2 547 032 B1

gcagttgggg caggaaatat cgctcttgag ccgcttaca cacccaaata tcgtacgata 1740
ctatggcaca gaaacggttg atgacaaact gtatatatac ttggagtttg tgtctggtgg 1800
atctatccat aaacttctac aagagtatgg acagcttggg gaaccagcaa tacgcagcta 1860
cactcagcag atactctcag gcttagctta tttgcatgcg aagaatacag tccatagggg 1920
tatcaaaggt gcaaacatac tagtagatcc tagcggctgt gttaagcttg cagacttttg 1980
aatggctaaa catatcaatg ggcagcaatg tcctttctca ttttaagggtg gtccatattg 2040
gatggctcca gaggttataa agagttcgaa tgggtggtgc aatcttgagg ttgacatatg 2100
gagtttagga tgcactgtcc tggagatggc taccgcaaaa ccccatgga gccagtacga 2160
agggattgct gcaatgttca agattggaaa tagcaaggaa cttccaccaa taccagatca 2220
cctatcagag cagtgaagg acttcatcag aaagtgtctg cagcgtgatc cttctcaacg 2280
gccgacagca atggagcttt tgcaacaccc gttcatacaa tataaagtcc gacttgagaa 2340
atccgttatg tctgatcctt tggaacattt gcccgtgata tcttgtagac cgaattctaa 2400
ggtggctgga catacaaaa atatctcgtc attgggattg gagggtcaga caatttacca 2460
gaggaggggt gcaaaatatt cttcgaagca tagcgatata catatacggg gcaatatatc 2520
ctgtccagtt tctccatgtg gaagtcctct gctaaggctc aggtctcccc aacatacaaa 2580
tggccgaatg tcaccatctc caatttcaag cccagaacc ctttcaggcg cttctactcc 2640
cctgtctggt ggtaatgggt ctattccctt taatcattca aagcaaccaa cctacaacaa 2700
tgaagatttg caatcgcata aagaggcca gatgatcact tccccaaccg gcctacagat 2760
cgtaaccttg ggcagtttg tcgagtgcata caagtctcac aggggaatca ggagaggata 2820
gtatctgaag ctaacattct gagccctcaa tttggaaaga ggcttggaag cgtttttgat 2880
ttgctgata gactgtcccc ttctgaacat ttactcgtc ctgccttggt ggatcatgtg 2940
aagccaaatc cttactaga cttacaact gtttctcccc accatggact caagcgtgat 3000
aactaactat caaggatagg ccaagcgaat ttttttgag cttggcaggg taactaagtg 3060
gttttcagct gctttggcca gtcagtggct tgaattgtat cataatataa tatgactatg 3120
ggaaatatca ttgatttatt ttgaagctaa caactgtaga tggatggagt ctttgttgtc 3180
atccccacag atagacaaag gccatccatc catccatcca tccctgttag gcggaacaac 3240
tgggtgtttg catacacta ctactggcgt gctaacaaca tgcgtcgaaa tgacaagact 3300
gtatactagg agactgaaga agccagagca gttggccacc tccctgcctc tacatgttaa 3360
ttgcccttct tggcgtcctg atgccatttg tacagaagta atctcaagta aaagccaacc 3420
aatatthttgc acaggagaaa cagttgagcc aaattctttt aacagctacc cgaggttgtg 3480
aagcgacggc tgcaagttac catggaaact cgtacaaaga gcatggctcc taattaaatt 3540
agctctccc atagtataa tttctcattt cagatgtacc atgcccgtcc agttgttcat 3600
attgaatcgg tatataaaaa aaaaaaaaaa acga 3634

<210> 46

ES 2 547 032 B1

<211> 827
 <212> PRT
 <213> Triticum aestivum

<400> 46

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

ES 2 547 032 B1

Ser Ala Phe Trp Ala Val Lys Pro His Thr Asp Val Thr Phe Leu Asp
 260 265 270

Ser Gly Gln Cys Ser Ser Pro Gly Ser Gly Gln Thr Ser Gly His Asn
 275 280 285

Ser Val Gly Gly Asp Met Leu Ala Gln Leu Phe Trp Gln Pro Ser Arg
 290 295 300

Gly Ser Pro Glu Cys Ser Pro Ile Pro Ser Pro Arg Met Thr Ser Pro
 305 310 315 320

Gly Pro Ser Ser Arg Val His Ser Gly Ser Val Ser Pro Leu His Pro
 325 330 335

Arg Ser Gly Gly Met Ala Pro Glu Ser Pro Thr Gly Arg Asn Asp Gly
 340 345 350

Gly Lys Lys Lys Gln Thr His Arg Leu Pro Leu Pro Pro Leu Ser Ile
 355 360 365

Ser Asn Ser Ser Phe Phe Pro Asn Lys Ser Thr Pro Ala Ser Pro Ile
 370 375 380

Ser Ala Pro Arg Ser Pro Gly Arg Thr Glu Asn Pro Pro Ser Pro Gly
 385 390 395 400

Ser Arg Trp Lys Lys Gly Lys Leu Ile Gly Arg Gly Thr Phe Gly His
 405 410 415

Val Tyr Val Gly Phe Asn Ser Asp Ser Gly Glu Met Cys Ala Met Lys
 420 425 430

Glu Val Thr Leu Phe Ser Asp Asp Pro Lys Ser Lys Glu Ser Ala Lys
 435 440 445

Gln Leu Gly Gln Glu Ile Ser Leu Leu Ser Arg Leu Gln His Pro Asn
 450 455 460

Ile Val Arg Tyr Tyr Gly Thr Glu Thr Val Asp Asp Lys Leu Tyr Ile
 465 470 475 480

Tyr Leu Glu Phe Val Ser Gly Gly Ser Ile His Lys Leu Leu Gln Glu
 485 490 495

Tyr Gly Gln Leu Gly Glu Pro Ala Ile Arg Ser Tyr Thr Gln Gln Ile
 500 505 510

Leu Ser Gly Leu Ala Tyr Leu His Ala Lys Asn Thr Val His Arg Asp
 515 520 525

ES 2 547 032 B1

Ile Lys Gly Ala Asn Ile Leu Val Asp Pro Ser Gly Arg Val Lys Leu
530 535 540

Ala Asp Phe Gly Met Ala Lys His Ile Asn Gly Gln Gln Cys Pro Phe
545 550 555 560

Ser Phe Lys Gly Ser Pro Tyr Trp Met Ala Pro Glu Val Ile Lys Ser
565 570 575

Ser Asn Gly Gly Cys Asn Leu Ala Val Asp Ile Trp Ser Leu Gly Cys
580 585 590

Thr Val Leu Glu Met Ala Thr Ala Lys Pro Pro Trp Ser Gln Tyr Glu
595 600 605

Gly Ile Ala Ala Met Phe Lys Ile Gly Asn Ser Lys Glu Leu Pro Pro
610 615 620

Ile Pro Asp His Leu Ser Glu Gln Cys Lys Asp Phe Ile Arg Lys Cys
625 630 635 640

Leu Gln Arg Asp Pro Ser Gln Arg Pro Thr Ala Met Glu Leu Leu Gln
645 650 655

His Pro Phe Ile Gln Tyr Lys Val Arg Leu Glu Lys Ser Val Met Ser
660 665 670

Asp Pro Leu Glu His Leu Pro Val Ile Ser Cys Arg Pro Asn Ser Lys
675 680 685

Val Ala Gly His Thr Thr Asn Ile Ser Ser Leu Gly Leu Glu Gly Gln
690 695 700

Thr Ile Tyr Gln Arg Arg Gly Ala Lys Tyr Ser Ser Lys His Ser Asp
705 710 715 720

Ile His Ile Arg Ser Asn Ile Ser Cys Pro Val Ser Pro Cys Gly Ser
725 730 735

Pro Leu Leu Arg Ser Arg Ser Pro Gln His Thr Asn Gly Arg Met Ser
740 745 750

Pro Ser Pro Ile Ser Ser Pro Arg Thr Leu Ser Gly Ala Ser Thr Pro
755 760 765

Leu Ser Gly Gly Asn Gly Ala Ile Pro Phe Asn His Ser Lys Gln Pro
770 775 780

Thr Tyr Asn Asn Glu Asp Leu Gln Ser His Gln Glu Ala Gln Met Ile
785 790 795 800

ES 2 547 032 B1

Thr Ser Pro Thr Gly Leu Gln Ile Val Thr Leu Gly Ser Leu Val Glu
 805 810 815

Cys Ile Lys Ser His Arg Gly Ile Arg Arg Gly
 820 825

<210> 47
 <211> 3796
 <212> DNA
 <213> Hordeum vulgare

<400> 47
 gggggcggag ccgagaaaa taataatcat cagtatcagt agagaagaga gaagcatcgt 60
 ccgtcttctt tcccttacct ttgttcctc tccctcctc ctctgctga cccgaccga 120
 cctaccaacc cacctcccc accgcagcag ctccaaatct cccctcgccg tccgccgccg 180
 cgccggcct cgccgccgac gcctccgtcc cgggccacct cctccgagca ccgccgcc 240
 ctcacggcgc ggaccgccg ccatcgccc cgtccccct ttcgctcgtc gggggcgtc 300
 ggtccctgcc gcctccacc cgtccgcagc tcccgccgc cggtttccga gatattcttc 360
 catagtcgct ggtccatcgt ggagggtgtt acatgccatc actagaaaag cccgtgttat 420
 gctctcatct gattggcaga atatggtaat tgatcagttt tggtaacatt gtggtgcgtg 480
 cacagccggg tagatatacc acagatcctt ccatattcga tatgccatca tgggtggggga 540
 agtcttcctc aaaagatgca aagaaaacca ccaaagagaa cctcatggat acatttcatc 600
 gctttataag tccaaatgag caaaaaggaa gcggaaaatc aaaacggagg tatagacgtg 660
 gcgatgatac aactgttgaa aaggctctgcc agtctaccac agtatcgcg gcaacttcgc 720
 cctcaaaaga agtttctcgc tgtcaaagct tttcagctga taggctacat ttccaaccac 780
 ttctgttcc tggatcacgc cctgcagtca cacgcactgc ttctgatgtc actgaatcaa 840
 ggcccatatt agaaaaacgc ggcaaacac cactgcttct gccacttctt aaacctaa 900
 ggctcagaa aaggtcagaa atagtgattg cttccctctc tagcaactgc tctattgata 960
 gtgatgacca tggagattct cagcttccga gccctgttgg aatgatgct gaaaacacaa 1020
 caaatactac ttccaagagc aagtcaagta atgtgcgcaa agagcgtcct ggtgctatca 1080
 ccaccaagca taccaaggag atgacaaaga cagctaatca attcctcagt aaccatacat 1140
 tgtccacatc cccgagaggt attgcagctg acaatcacca atccaatcca caaaatcctc 1200
 ggccggtagt cttggagagt gctccgaata gtttgatgtc aagtccttct agaagtccaa 1260
 gaagaatatg tccggatcat attccaactt cagccttttg ggcagtgaag ctcatacag 1320
 atgttacttt cttggctct ggtcagtgtc ccagtccagg ttcagggcaa acatctggcc 1380
 ataactccgt ggggtggtgat atgctagccc agcttttctg gcagcccagc agaggtagtc 1440
 cagagtgttc accgattcct agcccaagaa tgacaagtcc tggccctagt tccagggtgc 1500
 acagtggaag tgtttctcca ttacatccga ggtctggagg gatggcacct gaatctccga 1560

ES 2 547 032 B1

caggctcggaa tgacggtggg aagaagaagc aaacacacag actgcctctt ccaccattga 1620
 gcatctctaa tagttcattt tttccaaaca agtccacgcc agctagtcct atttcagcgc 1680
 ctcgtagtcc tggtcgaaca gagaatccac caagtcctgg atcgcgatgg aagaagggga 1740
 agctgattgg tcgtgggaca tttggccatg tataatgctg ctttaacagt gatagcgggtg 1800
 aaatgtgtgc tatgaaagag gtgaccctat tctcggatga tcctaaatca aaggaaagtg 1860
 caaagcagtt ggggcaggaa atatcgctct tgagccgctt acaacacca aatattcgta 1920
 gatactatgg cacagaaacg gttgatgaca aactgtatat atacttggag tttgtctctg 1980
 gtggatctat ccataaactt ctacaagagt atggacagct tggatgaacca gcaatacga 2040
 gctacactca gcagatactc tcaggcttag cttatttgca tgcgaagaat acagtccata 2100
 gggatatcaa aggtgcaaac atactggtag atcctagcgg tcgtgttaag cttgcagact 2160
 ttggaatggc taaacatatc aatgggcagc aatgtccttt ctcatntaag ggtagtccat 2220
 attggatggc tccagaggtt ataaagagtt caaatggtgg ttgcaatctt gcggttgaca 2280
 tatggagttt aggatgcact gtcttgaga tggcgaccgc aaaacccccca tggagccagt 2340
 acgaagggat tgctgcaatg ttcaagattg gaaatagcaa ggaacttcca ccgataccag 2400
 atcacctatc agagcagtcg aaggacttca tcagaaagtg tctgcaacgt gatccttctc 2460
 aacgtccgac agcaatggag cttttgcaac actcgttcat acaatataaa gtccgacttg 2520
 agaaatccgt tatgtctgat cttttggaac atttgcccgat gatattctgt agaccgaatt 2580
 ctaaggtggc tggacataca acaaatatct cgtcgttggg attggagggt cagacaatnt 2640
 accagagaag gggtgcaaaa ttttcttca agcatagcga tatccatata cggagcaata 2700
 tatcctgtcc agtttctcca tgtggaagtc ctctgctaag gtcaaggtct ccgcaacata 2760
 caaatggccg aatgtcacc tctccaatnt caagtccag aacccttca ggcgcttcta 2820
 ctcccctgtc tggtggtaat ggtgctattc cttttaatca ttcaaagcaa ccaacctaca 2880
 gcaatgaagg atttgcaatc gcatcaagag gccagatga tcaacttccc aaccggccta 2940
 cagatcgcaa cttgggcaa tttggctgag tgcataagat ctcacagggg attcaggaga 3000
 gaatagtatc tgaagctaac attctgagcc ctcaatntgg aaagaggctt gggaacgntt 3060
 ttgatttgcg tgatagactg tccccttctg aacatttca cgtcctgctc ttggtggatc 3120
 atgtgaagcc aagtccttca ctgacttaa caactagttc tccccacat ggactcaagc 3180
 gtgataacta actatcaagg ataggccaag tgatntnttt ttggagcttg gcagggtaac 3240
 taagtggntt tcagctgctt tggccattca gtggcttgaa ttgtatcata atatgactat 3300
 gggaaatatc attgatttat tttgaagcta acaactgtag atggatggag tctttgntgt 3360
 catccccaca gatagacaaa gccatccat ccatggctgt tatgcggaac gactggggtg 3420
 tctgcatact actactactg gcgtgctaac aaacatgcgt cgaaatgaca agactgtata 3480
 ctaggagact gaagaagcca gagagagtag tcgggcacct ccctgcctct atatgttaat 3540
 tgcctntgtt ggcgtcctga tgccatntgt acagaagtaa tctcaagtaa aagccaccaa 3600

ES 2 547 032 B1

tattttgcac aggagaaaca gttgagccag attcttttaa cagctacccg aggttgaagc 3660
 agacggctgc aagtcacacc atggaaactc gtacaaagag tatggtcggc ccctgattaa 3720
 attagctctc ccgatatgta taattcctcc ttcagatgta ccatgccagt tgttcatatt 3780
 gaatcggtat atatgc 3796

<210> 48
 <211> 889
 <212> PRT
 <213> Hordeum vulgare

<400> 48

Met Pro Ser Trp Trp Gly Lys Ser Ser Ser Lys Asp Ala Lys Lys Thr
 1 5 10 15

Thr Lys Glu Asn Leu Met Asp Thr Phe His Arg Phe Ile Ser Pro Asn
 20 25 30

Glu Gln Lys Gly Ser Gly Lys Ser Lys Arg Arg Tyr Arg Arg Gly Asp
 35 40 45

Asp Thr Thr Val Glu Lys Val Cys Gln Ser Thr Thr Val Ser Arg Ala
 50 55 60

Thr Ser Pro Ser Lys Glu Val Ser Arg Cys Gln Ser Phe Ser Ala Asp
 65 70 75 80

Arg Leu His Phe Gln Pro Leu Pro Val Pro Gly Ser Arg Pro Ala Val
 85 90 95

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

Arg Gly Lys Pro Pro Leu Leu Leu Pro Leu Pro Lys Pro Asn Arg Pro
 115 120 125

Gln Lys Arg Ser Glu Ile Val Ile Ala Ser Leu Ser Ser Asn Cys Ser
 130 135 140

Ile Asp Ser Asp Asp His Gly Asp Ser Gln Leu Pro Ser Pro Val Gly
 145 150 155 160

Asn Asp Ala Glu Asn Thr Thr Asn Thr Thr Ser Lys Ser Lys Ser Ser
 165 170 175

Asn Val Arg Lys Glu Arg Pro Gly Ala Ile Thr Thr Lys His Thr Lys
 180 185 190

Glu Met Thr Lys Thr Ala Asn Gln Phe Leu Ser Asn His Thr Leu Ser
 195 200 205

ES 2 547 032 B1

Thr Ser Pro Arg Gly Ile Ala Ala Asp Asn His Gln Ser Asn Pro Gln
 210 215 220
 Asn Pro Arg Pro Val Val Leu Glu Ser Ala Pro Asn Ser Leu Met Ser
 225 230 235 240
 Ser Pro Ser Arg Ser Pro Arg Arg Ile Cys Pro Asp His Ile Pro Thr
 245 250 255
 Ser Ala Phe Trp Ala Val Lys Pro His Thr Asp Val Thr Phe Leu Gly
 260 265 270
 Ser Gly Gln Cys Ser Ser Pro Gly Ser Gly Gln Thr Ser Gly His Asn
 275 280 285
 Ser Val Gly Gly Asp Met Leu Ala Gln Leu Phe Trp Gln Pro Ser Arg
 290 295 300
 Gly Ser Pro Glu Cys Ser Pro Ile Pro Ser Pro Arg Met Thr Ser Pro
 305 310 315 320
 Gly Pro Ser Ser Arg Val His Ser Gly Ser Val Ser Pro Leu His Pro
 325 330 335
 Arg Ser Gly Gly Met Ala Pro Glu Ser Pro Thr Gly Arg Asn Asp Gly
 340 345 350
 Gly Lys Lys Lys Gln Thr His Arg Leu Pro Leu Pro Pro Leu Ser Ile
 355 360 365
 Ser Asn Ser Ser Phe Phe Pro Asn Lys Ser Thr Pro Ala Ser Pro Ile
 370 375 380
 Ser Ala Pro Arg Ser Pro Gly Arg Thr Glu Asn Pro Pro Ser Pro Gly
 385 390 395 400
 Ser Arg Trp Lys Lys Gly Lys Leu Ile Gly Arg Gly Thr Phe Gly His
 405 410 415
 Val Tyr Val Gly Phe Asn Ser Asp Ser Gly Glu Met Cys Ala Met Lys
 420 425 430
 Glu Val Thr Leu Phe Ser Asp Asp Pro Lys Ser Lys Glu Ser Ala Lys
 435 440 445
 Gln Leu Gly Gln Glu Ile Ser Leu Leu Ser Arg Leu Gln His Pro Asn
 450 455 460
 Ile Val Arg Tyr Tyr Gly Thr Glu Thr Val Asp Asp Lys Leu Tyr Ile
 465 470 475 480

ES 2 547 032 B1

Tyr Leu Glu Phe Val Ser Gly Gly Ser Ile His Lys Leu Leu Gln Glu
 485 490 495
 Tyr Gly Gln Leu Gly Glu Pro Ala Ile Arg Ser Tyr Thr Gln Gln Ile
 500 505 510
 Leu Ser Gly Leu Ala Tyr Leu His Ala Lys Asn Thr Val His Arg Asp
 515 520 525
 Ile Lys Gly Ala Asn Ile Leu Val Asp Pro Ser Gly Arg Val Lys Leu
 530 535 540
 Ala Asp Phe Gly Met Ala Lys His Ile Asn Gly Gln Gln Cys Pro Phe
 545 550 555 560
 Ser Phe Lys Gly Ser Pro Tyr Trp Met Ala Pro Glu Val Ile Lys Ser
 565 570
 Ser Asn Gly Gly Cys Asn Leu Ala Val Asp Ile Trp Ser Leu Gly Cys
 580 585 590
 Thr Val Leu Glu Met Ala Thr Ala Lys Pro Pro Trp Ser Gln Tyr Glu
 595 600 605
 Gly Ile Ala Ala Met Phe Lys Ile Gly Asn Ser Lys Glu Leu Pro Pro
 610 615 620
 Ile Pro Asp His Leu Ser Glu Gln Cys Lys Asp Phe Ile Arg Lys Cys
 625 630 635 640
 Leu Gln Arg Asp Pro Ser Gln Arg Pro Thr Ala Met Glu Leu Leu Gln
 645 650 655
 His Ser Phe Ile Gln Tyr Lys Val Arg Leu Glu Lys Ser Val Met Ser
 660 665 670
 Asp Pro Leu Glu His Leu Pro Val Ile Ser Cys Arg Pro Asn Ser Lys
 675 680 685
 Val Ala Gly His Thr Thr Asn Ile Ser Ser Leu Gly Leu Glu Gly Gln
 690 695 700
 Thr Ile Tyr Gln Arg Arg Gly Ala Lys Phe Ser Ser Lys His Ser Asp
 705 710 715 720
 Ile His Ile Arg Ser Asn Ile Ser Cys Pro Val Ser Pro Cys Gly Ser
 725 730 735
 Pro Leu Leu Arg Ser Arg Ser Pro Gln His Thr Asn Gly Arg Met Ser
 740 745 750

ES 2 547 032 B1

Pro Ser Pro Ile Ser Ser Pro Arg Thr Leu Ser Gly Ala Ser Thr Pro
 755 760 765

Leu Ser Gly Gly Asn Gly Ala Ile Pro Phe Asn His Ser Lys Gln Pro
 770 775 780

Thr Tyr Ser Asn Glu Gly Phe Ala Ile Ala Ser Arg Gly Pro Asp Asp
 785 790 795 800

His Phe Pro Asn Arg Pro Thr Asp Arg Asn Leu Gly Gln Phe Gly Arg
 805 810 815

Val His Gln Val Ser Gln Gly Ile Gln Glu Arg Ile Val Ser Glu Ala
 820 825 830

Asn Ile Leu Ser Pro Gln Phe Gly Lys Arg Leu Gly Asn Val Phe Asp
 835 840 845

Leu Arg Asp Arg Leu Ser Pro Ser Glu His Phe Thr Arg Pro Ala Leu
 850 855 860

Val Asp His Val Lys Pro Ser Pro Ser Leu Asp Leu Thr Thr Ser Ser
 865 870 875 880

Pro His His Gly Leu Lys Arg Asp Asn
 885

<210> 49
 <211> 20
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> YODA10 FORWARD PRIMER (5' - 3')

<400> 49
 ggtggatcct catggacgag 20

<210> 50
 <211> 22
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> YODA10 REVERSE PRIMER (3' - 5')

<400> 50
 tcaggcaatc agaagcatag ag 22

<210> 51
 <211> 20
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> YODA1 FORWARD PRIMER (5'- 3')

<400> 51
ggtggatcct catggacgag 20

<210> 52
<211> 22
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> YODA1 REVERSE PRIMER (5' - 3')

<400> 52
tcaggcaatc agaagcatag ag 22

<210> 53
<211> 28
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> CA:YODA FORWARD PRIMER (5' - 3')

<400> 53
atgccttggt ggagtaaadc aaaagatg 28

<210> 54
<211> 28
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> CA:YODA REVERSE PRIMER (5' - 3')

<400> 54
ctgaggaaga aaacataacc gatcaaaa 28

<210> 55
<211> 25
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Cer473845 FORWARD PRIMER (5' - 3')

<400> 55
gacttgagtt aatttagtta aagaa 25

<210> 56
<211> 22
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Cer473845

<400> 56
tcgcactgca aattgcttaa tc 22

<210> 57
<211> 22
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
 <223> F16P17-1 FORWARD PRIMER (5' - 3')
 <400> 57
 ccatttcagc ttcatcaacc ac 22

<210> 58
 <211> 21
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> F16P17-1 REVERSE PRIMER (5' - 3')
 <400> 58
 tcgatggtgg ctgagacaat g 21

<210> 59
 <211> 22
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> F16M19-1 FORWARD PRIMER (5' - 3')
 <400> 59
 atggttcatg atgggagatt gg 22

<210> 60
 <211> 22
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> F16M19-1 REVERSE PRIMER (5' - 3')
 <400> 60
 atgaagatag tatttgttat tg 22

<210> 61
 <211> 22
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Cer469930 FORWARD PRIMER (5' - 3')
 <400> 61
 caagtttgca aaccctgaag at 22

<210> 62
 <211> 22
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Cer469930 REVERSE PRIMER (5' - 3')
 <400> 62
 ttcctggtga ttctttacaa gc 22

<210> 63
 <211> 23
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> T12P18-1 FORWARD PRIMER (5' - 3')

 <400> 63
 tagttaatgc aaaccagagg agg 23

<210> 64
 <211> 23
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> T12P18-1 REVERSE PRIMER (5' - 3')

 <400> 64
 gcaaagtgga atatgtaaac tgg 23

<210> 65
 <211> 23
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Cer450793 FORWARD PRIMER (5' - 3')

 <400> 65
 caaactgcaa acaaagcttt tgt 23

<210> 66
 <211> 22
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Cer450793 REVERSE PRIMER (5' - 3')

 <400> 66
 ttttactccc aattctctcg tg 22

<210> 67
 <211> 20
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Cer464681 FORWARD PRIMER (5' - 3')

 <400> 67
 cgaatggcgt acccggaat 20

<210> 68
 <211> 20
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Cer464681 REVERSE PRIMER (5' - 3')

ES 2 547 032 B1

<400> 68
ttcccgagaa atccaggctc

20

<210> 69
<211> 645
<212> PRT
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> CONSENSUS SEQUENCE OF THE POLYPEPTIDE SEQ.ID. FROM 2 TO 48

<400> 69

Met Pro Ser Trp Trp Gly Lys Ser Ser Ser Lys Glu Lys Lys Lys Lys
1 5 10 15

Glu Ser Phe Ile Asp Thr His Arg Lys Leu Glu Lys Lys Ser Gly Gly
20 25 30

Ser Arg Arg Asp Thr Ser Glu Lys Gly Ser Ser Arg Ser Pro Ser Pro
35 40 45

Ser Lys Val Ser Arg Cys Gln Ser Phe Ala Glu Arg Pro Ala Gln Pro
50 55 60

Leu Pro Leu Pro Gly Pro Val Arg Thr Asp Ser Gly Ile Ser Ser Lys
65 70 75 80

Leu Glu Lys Lys Pro Ser Leu Leu Pro Leu Pro Pro Arg Pro Asp Gly
85 90 95

Thr Ala Ser Val Ser Ser Ser Ser Ser Asp Asp Ser Ser Pro Ala Asp
100 105 110

Asn Gly Thr Arg Thr Ser Pro Ser Ser Lys Gln Asn Ser Glu Lys Pro
115 120 125

Ala Asn Asn His Ser Thr Ser Pro Lys Arg Pro Leu His Val Asn Leu
130 135 140

Gln Pro Gly Ser Ala Pro Ser Ser Met Ser Ser Pro Ser Arg Ser Pro
145 150 155 160

Arg Phe Gly Gln Val Asn Ser Ala Phe Trp Ala Gly Lys Pro Tyr Val
165 170 175

Phe Leu Gly Ser Gly Cys Ser Ser Pro Gly Ser Gly Asn Ser Gly His
180 185 190

Asn Ser Gly Gly Asp Ser Gly Gln Leu Phe Trp Gln Pro Ser Arg Gly
195 200 205

Ser Pro Glu Cys Ser Pro Pro Ser Pro Arg Met Thr Ser Pro Gly Pro
210 215 220

ES 2 547 032 B1

Ser 225 Ser Arg His Ser Gly 230 Ala Val Thr Pro Leu 235 His Pro Arg Ala Gly 240

Gly Ala Glu Ser 245 Pro Thr Arg Asp Asp Gly 250 Lys Gln His Arg Leu 255 Pro

Leu Pro Pro Leu 260 Ser Asn Ser Pro Phe 265 Ser Pro Asn Ser Thr 270 Ser Pro

Ser Pro Arg 275 Ser Pro Gly Arg Ala 280 Asn Pro Ser Pro Gly 285 Ser Arg Trp

Lys Lys 290 Gly Lys Leu Leu Gly 295 Arg Gly Thr Phe Gly 300 His Val Tyr Val

Gly 305 Phe Asn Ser Ser Gly 310 Glu Met Cys Ala Met 315 Lys Glu Val Thr Leu 320

Phe Ser Asp Asp Ala 325 Lys Ser Lys Glu Ser 330 Ala Lys Gln Leu Gly 335 Gln

Glu Ile Ser Leu 340 Ser Arg Leu Arg His 345 Pro Asn Ile Val Gln 350 Tyr Tyr

Gly Ser Glu 355 Thr Val Asp Asp Lys 360 Leu Tyr Ile Tyr Leu 365 Glu Tyr Val

Ser Gly 370 Gly Ser Ile Tyr Lys 375 Leu Leu Gln Glu Tyr 380 Gly Gln Leu Gly

Glu 385 Ala Ile Arg Ser Tyr 390 Thr Gln Gln Ile Leu 395 Ser Gly Leu Ala Leu 400

His Ala Lys Asn Thr 405 Val His Arg Asp Ile 410 Lys Gly Ala Asn Ile 415 Leu

Val Asp Pro Gly 420 Arg Lys Leu Ala Asp 425 Phe Gly Met Ala Lys 430 His Ile

Thr Gly Gln 435 Ser Cys Pro Leu Ser 440 Phe Lys Gly Ser Pro 445 Tyr Trp Met

Ala Pro 450 Glu Val Ile Lys Asn 455 Ser Asn Gly Cys Asn 460 Leu Ala Val Asp

Ile Trp Ser Leu Gly Cys 470 Thr Val Leu Glu Met 475 Ala Thr Thr Lys Pro 480

Pro Trp Ser Gln Glu 485 Gly Ala Ala Met Phe 490 Lys Ile Gly Asn Ser 495 Lys

ES 2 547 032 B1

Leu Pro Ile Pro His Leu Ser Glu Gly Lys Asp Phe Arg Cys Leu Gln
 500 505 510

Arg Pro Arg Pro Thr Ala Leu Leu His Pro Phe Lys Asn Ala Ala Pro
 515 520 525

Glu Arg Pro Ser Ile Ser Ile Gly His Arg Asn Ser Leu Asp Ser His
 530 535 540

Arg Lys Ser Ser Ile His Ile Pro Arg Asn Ile Ser Cys Pro Val Ser
 545 550 555 560

Pro Gly Ser Pro Leu Leu Ser Arg Ser Pro Gln His Asn Gly Arg Ser
 565 570 575

Pro Ser Pro Ile Ser Ser Pro Arg Thr Ser Gly Ser Thr Pro Leu Thr
 580 585 590

Gly Gly Gly Ala Pro Phe Tyr Glu Gly Gly Tyr Asn Gly Asp Asp Phe
 595 600 605

Ser Glu Ser Glu Asp Leu Gly Gln Phe Gly Gly Leu Tyr Asp Gln Ser
 610 615 620

Val Leu Ala Arg Val Ser Gln Leu Leu His Val Lys Pro Ser Leu Asp
 625 630 635 640

Leu Pro Ser Arg Gly
 645

<210> 70
 <211> 10283
 <212> DNA
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 70
 tgagattatt gggactaatg atggtaacta tgatgaagtt aaattggtca ccggtttggc 60
 ataagcatta atgtggacga tggtaattha gaaattgtgt tgttgtaagc aaaataattt 120
 taaaacatac tttaaatttg tgattcttgt ttattatggt ttatattccg aataatctta 180
 catccttttt cactttttaa atattttgca tctagaatta ctaaataat ttcaaattac 240
 actaaaaata aaataaaaaa actaaacccg gatagaactt tacgatctta ctccaacac 300
 ttgaaaaaac aatgatttg gagaaatgca aaagaaataa agggccacgg ttaggtatac 360
 gtacttaagt cggaaaattc aacatttggt aattgcagag tctctatgaa gctttatggt 420
 ataatatatg tttacttata attgtatggt ttctacatac tcaagagttg catgagttca 480
 cacttgcttt taaaagaaa tacttctgct aataaaacag taatctaata catgagttca 540
 tatattaata tatacaccac tataaatgag tataggcctt gtcattatca ttattattta 600

ES 2 547 032 B1

tcattgtcaa	tgtcattata	cttgtaatt	cttatagtat	aatattagtt	atgtcccctg	660
gctcgaggtc	aaaatgaaag	aaaaggcaaa	ggtcaacggt	acgaagcaag	gaaccaccga	720
attcaaaggc	tctctaattt	aacatgctcg	tctataaaca	cgtgaagatg	acattgacat	780
gcaagcaatg	atattattat	acattcaaat	taacattacc	ggaaacagaa	ataaactaga	840
tgtcccaatt	cgtatacatt	gatcgtttta	tgaatagatt	atataaatta	agggcaaaaa	900
catccaattt	gaatgtcgtt	gatgcgttac	acatcttact	cttaatcaaa	atcgtactat	960
ttttttttta	tgatctaact	atattttttt	ataatatcat	attttaacag	ctaattgattt	1020
acattaatta	agtttgtgtg	tgattattcc	attacgcatt	gtgcctacgg	atacgctctt	1080
gaaacatcaa	aaatctaaca	ttaatttgat	gcgacgtaaa	aacacaaact	aatcaatgtt	1140
tcgatattta	aacgcttcat	ttttctcata	actaccaata	aatagaatga	cgaatacatg	1200
taatggtaa	atacttaatt	taggtctgga	gcaaatattt	ttgaaattat	attattcgaa	1260
cagaatcata	tctcacaaaa	atatactttg	atattgcatg	ttcacctaata	ataatcttca	1320
taaatctggt	ggttcataaa	ctaatatgtg	tataatacac	gtaccttata	tatgataata	1380
tgaaaaaatc	atgggatggt	gatttttttt	atacattatg	gtttttgtgc	tttactactga	1440
taaaaatcat	aacaacgcgt	ttcacaaaag	cctaacgtga	catcattatc	tccaatctga	1500
ccgttaagat	caattagctg	acgtgttata	acacatcatt	gtcctcttgt	catatacttt	1560
tttttttcta	ttttcacaag	ccaccaatg	atgttgaagt	gttttcatat	tctaactctc	1620
tgagaaaaaa	atcattataa	aagtcagcaa	ctaaaactta	gcataaatca	agataacaat	1680
tctcaaatta	caaaacaatt	cataacttat	cccataaatc	aagattattt	ttttcctcaa	1740
atctctcttc	ttgatcaaat	catgcaatta	gaaagaagaa	gaaacatgac	acttttgttt	1800
aggttcgaat	caatcaaagt	atggatattt	tttccactca	aacacctaata	gaattggaag	1860
tatttcatat	tcttccata	tttgagaata	ttactataaa	gtacccaaat	tcaacaaaat	1920
tagcatagaa	tagatcaagc	aaattaatct	caaatgttt	actaatcttt	tatcgtttta	1980
gatcaatcat	agacgacaac	taagaacaaa	aaaaaaaaaga	tactactcat	tagcttaatt	2040
agtccaatga	tcaagactca	aaatttcaaa	acttttttca	attatggtaa	acaaaatata	2100
tacacaaaaa	aaatcagaac	aaaatcggag	ttctgtcttt	tcattttttt	tttttacaag	2160
ttctgtcttt	ttcaaggtaa	taaaaaagtt	ataaaaaatc	gaaataatta	attaaggatg	2220
atgttttaat	tatcggttat	aatcaaaatt	agttactact	agtacaaaga	ttaacgcacc	2280
aaaggagaag	aaatctgaag	aagtgaatgc	tttcttcaaa	cgcgctctct	ctttctctct	2340
ctctctctct	atctccagtt	cttattctct	ctctctttct	atctctacca	aatttctgag	2400
aacctcttcg	tcttcttcgt	tatctcttcc	cttcttctgt	gtcactaact	cacttctactg	2460
ttagtggaaag	aagctcttac	catattcaca	cttgaagca	acgatttttag	ggatctgaaa	2520
cgctttcact	gtttctgttt	tggattcttc	gattgctttt	gagctttcga	tttgattcca	2580
tttcaagctg	ctgaatctgg	taatttttcc	aagaaattag	gtttcgatta	agcttttcct	2640

ES 2 547 032 B1

cactatcaat tttctccatg aaattggaaa acttgcttcg ggtggtgttt tgttgtcttg 2700
 tgttaatcct ccaatthttgt gtgtgtagat ttgagcaatt ggttgttcta cttagggttt 2760
 tcgthttgtt gttgthttctg gggthttctgg aatthttctg tgtagatccg tttgtgaggt 2820
 gggaaatthttg agttactgtt tggaaatgga tcttgtgtag cttaggttga agatgatcac 2880
 attgathttt gaaactagct caaactaatc tgaagatgat actthttttat tatcatcact 2940
 caagatgcta thttthttat tatctcttgg gtgttctatc atthttagaat ttgctgaaaa 3000
 aattgggctt ctgtgaattc tgggtgaattt tgtatctgtc tgtatcttca atthtcacacg 3060
 gaatcatagt tgttgtaaac cctaacgctg ggtthttgttg ttgtaatcag atctthtcagg 3120
 thcttcttgg tattgtggtc aaaacaccaa tgggataata ataaaatggt gthttatattg 3180
 ggactthttct tcgthttgtg acctatgttg ggtcaaccaa gtatgatctc tgaagtggtc 3240
 aaaaggagag thactthtga atgttgaaca agagctthtta aaagagtgat agtgtgagtg 3300
 agtgtgcctc ttggthttgtg ggaagaagat catgccttgg tggagtaaat caaaagatga 3360
 aaaaaagaaa actaataagg agagtatcat tgatgcgthtt aatcggaac tgggattcgc 3420
 atctgaggat aggtctagtg gaagatcaag aaaatcaaga cgacgacgtg atgagattgt 3480
 gtctgaaaga ggagctatat ctcgattacc atcaagatct ccctctcctt ctactcgggt 3540
 thcacgctgt cagagthttg cagaaagatc tcctgctgta cctcttctc gtcctattgt 3600
 ccgtcctcat gtaaccagta ctgattcagg aatgaatgga tcacagagac caggthttaga 3660
 tgcaaattht gagccgtcat ggttgccact tccaaagccc catggtgcta caagcatacc 3720
 tgataatacc ggtgctgagc ctgathttgc cactgcttct gtgtctagtg gaagthctgt 3780
 gggtgacatt ccatctgatt ctcttctcag tccattggcg tctgatttg taaaatgggaa 3840
 ccgaacacca gtaaacatat cttcgaggtg agthttgaatt gtgattgtta ctattgtgta 3900
 ttgtgctctc tctctctatt gctctctatt tctaaacatg ttatatccta ctctthtatgt 3960
 atagggatca gtcaatgcat agtaacaaaa actcagctga gatgtthtaag ccagtcctta 4020
 ataaaaatag gattctgtct gcatctccta ggcggagacc tctgggaact catgtgaaga 4080
 atctacaaat ccccaacga gathttagtg tatgcagtg tccagatagt ttgttgtcta 4140
 gtccttccag gagtccaatg agatcctthta ttccagatca agtctcaaac catgggthttg 4200
 tgattagtaa accatattca gatgtthtct tgcttggatc tggacagtg tcaagccccg 4260
 gttcaggtha caactcaggt aacaattcca ttgggtggaga tatggctact cagctgthtt 4320
 ggctcaaag cagggtgtag cctgaatgtt cccctgtgcc tagtccaaga atgacaagcc 4380
 ctggtcctag ctctagaata cagagtggtg ctgttacacc tcttcatcct cgagctggag 4440
 ggtcaactac tgggtctcct actagaagac ttgatgataa cagacagcaa agccatcgtc 4500
 tgctctccc gccgttatta atctctaata ctgttccgtt thcaccaca tathtcagcag 4560
 cgacatctcc gtctgtcccc cgaagtccgg caagggcaga ggctacggth agccctggat 4620
 cgcgatggaa aaaagggaga ttgctgggga tgggaagthtt tggacatgtg tatcttggct 4680

ES 2 547 032 B1

ttaacagggtt cgtaactaaa caagtctggt tttagtttca aagatggttct gattgctcat 4740
 tgtatcgcat tttatactgg ctatggccta tgggaagaat atcactgctg aatccatccc 4800
 aactggttag aaattattgt tccatatggt ggtaagttt ctcaggggca aatctcagtt 4860
 ttcatgggta caaattacaa taaactgatt tgttctcttc acaaaatatt gaataggaga 4920
 actcaaagt tatatttcta tgtcacccct gttttgatcg gttatgtttt cttcctcagt 4980
 gaaagtgggg agatgtgtgc catgaaagag gttactctat gctcagatga tcctaagtca 5040
 agggagagtg cacaacaatt ggggcaagta agttacacat catcatctgt tcagaacaac 5100
 ggaagctgct ctttgggtgct tttgtttttg aattttctaa cttttctgct tctctttcaa 5160
 tgattgactc tcgcaggaaa tttcagttct aagccgttta cgacacaaa atatagtga 5220
 gtattatggc tctgaaaccg taagttttac agatatttct tggacatttc tgttctctga 5280
 tactatcaac tgtttcagct caaccaagtc atgcacatga ctagattctt tactttcccc 5340
 tccaattca ggtc gatgac aagctgtata tatactgga gtatgtctcc ggtggttcga 5400
 tctataaact tcttcaagag tatggacaat ttggtgagaa tgccattcgt aactacacac 5460
 aacaaatfff atcagggctc gcatatttgc acgcaaaaa tactgttcat aggtgaggca 5520
 gtgaattcta tccattcttc tgatacctcg ttttccttca tccttcatta gttggagaat 5580
 tagatgaaca tggattttaa ttttattcag ggacatcaaa ggagcaaata tattggtgga 5640
 tcctcatgga cgagtaaaag ttgctgattt tgggatggca aaacatgtat gtatatgttc 5700
 tctgcattct ctgttttggt tttgtcctgt ttgaatfff cttttacgca gaaacaactg 5760
 atctgaataa actatgctaa gcctagttag aaactttcct aagtctaata caaattcata 5820
 aacaaaatgc agattactgc tcaatctggt cttttatcat tcaaggggag cccatattgg 5880
 atggcacctg aggtcagtat gctgctacaa cctgtctggt tcaatgttga caggcgttat 5940
 gctgatgctt tattatcttg cttggatttc aggtgataaa gaattcaaat ggcagtaacc 6000
 ttgcggctcga catatggagt cttggatgta ctgtttttaga aatggctaca acgaaacctc 6060
 catggagcca gtatgaaggg gttagtaa atataagta ctcaacaac atgagattga 6120
 atgatgcgac tcttccatcc ttatgtattc gagttcttta caggttcctg ctatgttcaa 6180
 gattggaaac agcaaggagc ttccagatat ccctgatcat ttatctgaag aggggaagga 6240
 ttttgaaga aatgcctac aaagaaacct cgcaaatcgt cctacagctg ctcagctfff 6300
 ggatcatgct tttgtaagaa atgtgatgcc gatggaaagg cctattgtga gtggcgagcc 6360
 tgagaagcc atgaatgtag cttcgagcac catgagatca ctggtatgaa agctcatatt 6420
 cctcaattct aaattctcta tgcttctgat tgcctgacaa atctgtttgt ttcaggacat 6480
 tggacatgca aggagtcttc cgtgcttaga ctcggaagat gcaaccaatt accagcagaa 6540
 aggattaaaa catggctcgg gattcaggtc ttagccattt cgtttctacc ttcattttcc 6600
 aagcatcaaa gcttctttgt ggctaaactt tcctcctfff ttggtcacag tatatcccaa 6660
 tctcctagga acatgtcatg cccgatttca ccagtcggta gtccaatctt tcaactcgcat 6720

ES 2 547 032 B1

tcaccacaca	ttagcggaag	aagatctcca	tcccgaatat	ctagtcccca	cgctctctct	6780
ggttcatcaa	cacctttaac	tgggtgtggt	ggagccatcc	cgttccatca	ccaaagacaa	6840
actacagtta	acttcttgca	tgaaggcata	ggatcaagca	gaagcccggg	aagtggcgga	6900
aatttctaca	ccaacagttt	ctttcaggag	cctagtaggc	agcaagatcg	gtcgcggagt	6960
agtccaagga	ctcctcctca	tgtattttgg	gacaacaacg	gatcgatcca	gccaggctat	7020
aattggaaca	aggacaacca	gccagtccta	tctgatcatg	tgtcccaaca	gctcttaagt	7080
gagcatctga	aactgaagtc	cctcgacctg	agaccgggtt	tttcaactcc	cggatcaaca	7140
aacagaggac	cctaaccctg	tcgagtcaaa	tgattcgaca	ccaatgacag	aaccataaaa	7200
cccagtgga	aaaaacatca	aaacaagtag	ctgcagaaac	tcctccagga	tctcgggaatt	7260
gcaacacagc	ctgaagggtc	aggatcttga	ggtttaggat	cggggttagg	gttactgagc	7320
cgcgctctca	aaccctgaac	cattggctaa	tatcatgaat	gaggattcgt	ttttttcgtc	7380
tttggaat	ctgaagagct	ctttgtcttg	tctctctctc	tttttctctg	aggatatatg	7440
ggagtgtgag	atagagagat	caacaaaaat	tgatthttgtg	tataggaact	tgtggtggta	7500
gaacagatca	tcacctaat	tgtctatthc	cctctthctc	cgthctctgtc	tggtctggth	7560
cgthgtgat	gaagaagaag	aaaaaaaaaga	gggcaaaagc	ttaaathctct	taaaacctaa	7620
actctthgat	gtaathctatc	ththattgtaa	gagaathctca	aathtagatta	ththathcact	7680
ctctthctthg	aththatactc	gctthctatthc	actthtgthc	caaaaththca	actththctgc	7740
ththtggaatc	aaththctthth	ththaaaaaaaa	ththaacgththaa	aththatactcc	aaagaaaaaa	7800
thcactgththg	ththacaththga	aththgcaaaact	ththctatataa	aaththacaagaa	aagaaththgagc	7860
ththctctthgat	ththctthgththc	aaacchaaagth	acgaththgccac	ctthctgththactth	cgataagcct	7920
ccaththctththaa	acaththgctgaa	ccgthththctgaa	aththththgthgt	caaththctctth	gacaagcthth	7980
cccgcagthg	aththgththgthc	ccaththgctgth	ctctaththgthgth	thctththctcgc	cataththggaath	8040
gaaththgthgth	ththgaaacacg	ththaccgthgagga	ththaaacgthth	agththaththgthc	ththgagcththth	8100
cgthgthgthca	ctththagaacc	thctththctcaag	ctgchthgagaa	ctthgthctcaga	agcaththctatt	8160
thgacaththca	thgagththctc	ccaththctthg	aaththgthgthaaag	gcaththaaaaac	aaacaaaththgt	8220
thctaththgththc	ctththctgthgthth	ctgththcaaaac	acgcaaththctca	caathththgctgth	thctththctcac	8280
thththgctgthc	gaththctctgth	thgchthaatctca	thctththgththg	ctagchthcaagth	gaththaaaaagag	8340
thctthctcggg	thgthgthgag	gaaacchaththct	ctththgththact	ctctctaththagth	thgthththgch	8400
acchthgaaact	gththgagthctc	ctththgthctccg	aactthctthgth	thgththctgathc	gththctthctcc	8460
thctcacaaca	ththathctccgaa	gthctthgactc	ctgaththaaagct	ththgththctct	caactctctcc	8520
thctacaagath	ththathctathgth	thththctctc	gaththgthgthc	cactcacctca	ctctactgthgc	8580
thgththththg	thththctcaact	aaaththaaacc	thctctchthca	agctthctctgth	aththgchthctcc	8640
caaththgthgthc	caaththaththca	aththcaaaagga	agththgachthc	ccaththththth	gchthaaaththgca	8700
thgaaacchthg	gththgthgthgth	ctththgachthg	ccaththaaagaa	ccachthchthgaa	thgaththathth	8760

ES 2 547 032 B1

tatcacccaa tctccccata aggaaccgtg tgccgacaga atacgccata ctaacttcag 8820
catgcttatt ttattagcct cttctaaagt tacaaaacgg tcatctaaag tatcaattac 8880
aacaactaa aacaagtgtg tatgtatacc ttttcatgat caatactttc tagcatcaca 8940
gagtaaggcg ctcgagctga tcataaaagc aaacaaatca tagaattaat aattaaacat 9000
atcacagaag taaagaatat aagatatcaa atacaaaact caacagagac caaagtggct 9060
cgtatataaa accagttacc aacaaatagt aagactcaag tgttgagttt ttgcaactaa 9120
tttattatac catccatata taagagtaaa gtcggatcaa aatctgatga atgaaggaga 9180
ataaataata tatatataga tgttgaaagt cagatgttga gatttaacca atgtgctaca 9240
gcggattttt tattactata tgaattttaga atgtataaat tagatgtatg tgaatatttt 9300
atttcaaatt tatgattttg ttacatattt gtaggtttgg atacaaaatc ttctatattt 9360
ttattataac acagaaaaaa tgatagtttc tttgatataa ttttctttcc tttttctttt 9420
ctgaaatccg aaaaaactg gaatttttaa taattaatat ataggaaaaa gaaattaatg 9480
aagaagaaag atgttttggt ttttattgat taaattttta aaatataaaa atcaagaagt 9540
agaaaagaaa ttaatgaaga agaaagatgg ttttgttttt ttattctatt tattaatggt 9600
ttaaattta taaaattaat aaaaagaaa gaaattaatg aagaagaaag atgtttttct 9660
tttttgagtt tttaaatttt aaacaaataa aattaagttt ttttctaagg gtaaaattga 9720
gatttgtttt tttcgtatga gatgtgtgaa tgaatctgtc aatactttat actttaaatt 9780
ttattagtca ccaataaagt agtttgagtt tttttcctg gcaacagaaa aaattgaagc 9840
ttttttcaga caaattttga agaagatggg tttgttttgg gaattttccc attgtaaatt 9900
tcacatttaa gagtatatat tacagaggaa gatctaggtc gtggaaatcg agcaagtgag 9960
aacaacaatg aaaaagaata tatattatta tttaaattac aaaatcgtcc acacaattaa 10020
ttatgagagc ttagaaagtt gtctacgttt tatacacatt taacactttc ttacaaaaga 10080
aacaaccat atatagacia agaacgacga tcatggattc ttcttcaata atgatgatgt 10140
aagtaagtaa cataaacaac ttaagattaa aaaaaggatt tgaagagaaa attaacttta 10200
caacttacgt tacaaccccc aaagcctttt ttttttttct ctgtaaatat ctcagtggtg 10260
cattttttgg tcaggtcgtc tca 10283

<210> 71
<211> 2235
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Arabidopsis thaliana CA:YODA mutant

<400> 71
atgccttggg ggagtaaact aaaagatgaa aaaaagaaaa ctaataagga gagtatcatt 60
gatgctggtta atcggaaact gggattcgca tctgaggata ggtctagtgg aagatcaaga 120
aatcaagac gacgacgtga tgagattgtg tctgaaagag gagctatatc tcgattacca 180

ES 2 547 032 B1

tcaagatctc cctctccttc tactcggggt tcacgctgtc agagttttgc agaaagatct 240
cctgctgtac ctcttcctcg tcctattgtc cgtcctcatg taaccagtac tgattcagga 300
atgaatggat cacagagacc aggttttagat gcaaatttga agccgctatg gttgccactt 360
ccaaagcccc atggtgctac aagcatacct gataataccg gtgctgagcc tgattttgcc 420
actgcttctg tgtctagtgg aagttctgtg ggtgacattc catctgattc tcttctcagt 480
ccattggcgt ctgattgtga aatgggaac cgaacaccag taaacatatc ttcgagggat 540
cagtcaatga gaatacagag tggtgctgtt acacctcttc atcctcgagc tggaggggtca 600
actactgggt ctctactag aagacttgat gataacagac agcaaagcca tcgtctgcct 660
ctcccgccgt tattaatctc taatacttgt ccgttttcac ccacatattc agcagcgaca 720
tctccgtctg tccccgaag tccggcaagg gcagaggcta cggttagccc tggatcgca 780
tggaaaaaag ggagattgct ggggatggga agttttggac atgtgtatct tggctttaac 840
agtгааagtг gggagatgtg tgccatgaaa gaggttactc tatgctcaga tgatcctaag 900
tcaagggaga gtgcacaaca attggggcaa gaaatttcag ttctaagccg tttacgacac 960
caaaatatag tgcagtatta tggctctgaa accgctgatg acaagctgta tatatatctg 1020
gagtatgtct ccggtgggtc gatctataaa cttcttcaag agtatggaca atttggtgag 1080
aatgccattc gtaactacac acaacaatt ttatcagggc tcgcatattt gcacgcaaaa 1140
aatactgttc atagggacat caaaggagca aatatattgg tggatcctca tggacgagta 1200
aaagtтгctг attttgggat ggcaaaacat attactgctc aatctgggtcc tttatcattc 1260
aaggggagcc catattggat ggcacctgag gtgataaaga attcaaatgg cagtaacctt 1320
gcggtcgaca tatggagtct tggatgtact gttttagaaa tggctacaac gaaacctcca 1380
tggagccagt atgaaggggt tcctgctatg ttcaagattg gaaacagcaa ggagcttcca 1440
gatatccctg atcatttatc tgaagagggg aaggattttg taagaaaatg cctacaaaga 1500
aaccccgcaa atcgtcctac agctgctcag cttttggatc atgctttttgt aagaaatgtg 1560
atgccgatgg aaaggcctat tgtgagtggc gagcctgcag aagccatgaa tgtagcttcg 1620
agcaccatga gatcactgga cattggacat gcaaggagtc ttccgtgctt agactcgjaa 1680
gatgcaacca attaccagca gaaaggatta aaacatggct cgggattcag tatatcccaa 1740
tctcctagga acatgtcatg cccgatttca ccagtcggta gtccaatctt tcaactcgcat 1800
tcaccacaca ttagcggaag aagatctcca tcccfaatat ctagtcccca cgctctctct 1860
ggttcatcaa cacctttaac tgggtgtgggt ggagccatcc cgttccatca ccaaagacaa 1920
actacagtta acttcttgca tgaaggcata ggatcaagca gaagcccggg aagtggcgga 1980
aatttctaca ccaacagttt ctttcaggag cctagtaggc agcaagatcg gtcgcgagat 2040
agtccaagga ctctctctca tgtattttgg gacaacaacg gatcgatcca gccaggctat 2100
aattggaaca aggacaacca gccagtccta tctgatcatg tgtcccaaca gctcttaagt 2160
gagcatctga aactgaagtc cctcgacctg agaccgggtt tttcaactcc cggatcaaca 2220

aacagaggac cctaa

2235

<210> 72
 <211> 743
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Arabidopsis thaliana CA:YODA mutant

<400> 72

Met Pro Trp Trp Lys Ser Lys Asp Glu Lys Lys Lys Thr Asn Lys Glu
 1 5 10 15

Ser Ile Ile Asp Ala Phe Asn Arg Lys Leu Gly Phe Ala Ser Glu Asp
 20 25 30

Arg Ser Ser Gly Arg Ser Arg Lys Ser Arg Arg Arg Arg Asp Glu Ile
 35 40 45

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

Pro Ser Thr Arg Val Ser Arg Cys Gln Ser Phe Ala Glu Arg Ser Pro
 65 70 75 80

Ala Val Pro Leu Pro Arg Pro Ile Val Arg Pro His Val Thr Ser Thr
 85 90 95

Asp Ser Gly Met Asn Gly Ser Gln Arg Pro Gly Leu Asp Ala Asn Leu
 100 105 110

Lys Pro Ser Trp Leu Pro Leu Pro Lys Pro His Gly Ala Thr Ser Ile
 115 120 125

Pro Asp Asn Thr Gly Ala Glu Pro Asp Phe Ala Thr Ala Ser Val Ser
 130 135 140

Ser Gly Ser Ser Val Gly Asp Ile Pro Ser Asp Ser Leu Leu Ser Pro
 145 150 155 160

Leu Ala Ser Asp Cys Glu Asn Gly Asn Arg Thr Pro Val Asn Ile Ser
 165 170 175

Ser Arg Asp Gln Ser Met Arg Ile Gln Ser Gly Ala Val Thr Pro Leu
 180 185 190

His Pro Arg Ala Gly Gly Ser Thr Thr Gly Ser Pro Thr Arg Arg Leu
 195 200 205

Asp Asp Asn Arg Gln Gln Ser His Arg Leu Pro Leu Pro Pro Leu Leu
 210 215 220

ES 2 547 032 B1

Ile Ser Asn Thr Cys Pro Phe Ser Pro Thr Tyr Ser Ala Ala Thr Ser
 225 230 235 240

Pro Ser Val Pro Arg Ser Pro Ala Arg Ala Glu Ala Thr Val Ser Pro
 245 250 255

Gly Ser Arg Trp Lys Lys Gly Arg Leu Leu Gly Met Gly Ser Phe Gly
 260 265 270

His Val Tyr Leu Gly Phe Asn Ser Glu Ser Gly Glu Met Cys Ala Met
 275 280 285

Lys Glu Val Thr Leu Cys Ser Asp Asp Pro Lys Ser Arg Glu Ser Ala
 290 295 300

Gln Gln Leu Gly Gln Glu Ile Ser Val Leu Ser Arg Leu Arg His Gln
 305 310 315 320

Asn Ile Val Gln Tyr Tyr Gly Ser Glu Thr Val Asp Asp Lys Leu Tyr
 325 330 335

Ile Tyr Leu Glu Tyr Val Ser Gly Gly Ser Ile Tyr Lys Leu Leu Gln
 340 345 350

Glu Tyr Gly Gln Phe Gly Glu Asn Ala Ile Arg Asn Tyr Thr Gln Gln
 355 360 365

Ile Leu Ser Gly Leu Ala Tyr Leu His Ala Lys Asn Thr Val His Arg
 370 375 380

Asp Ile Lys Gly Ala Asn Ile Leu Val Asp Pro His Gly Arg Val Lys
 385 390 395 400

Val Ala Asp Phe Gly Met Ala Lys His Ile Thr Ala Gln Ser Gly Pro
 405 410 415

Leu Ser Phe Lys Gly Ser Pro Tyr Trp Met Ala Pro Glu Val Ile Lys
 420 425 430

Asn Ser Asn Gly Ser Asn Leu Ala Val Asp Ile Trp Ser Leu Gly Cys
 435 440 445

Thr Val Leu Glu Met Ala Thr Thr Lys Pro Pro Trp Ser Gln Tyr Glu
 450 455 460

Gly Val Pro Ala Met Phe Lys Ile Gly Asn Ser Lys Glu Leu Pro Asp
 465 470 475 480

Ile Pro Asp His Leu Ser Glu Glu Gly Lys Asp Phe Val Arg Lys Cys
 485 490 495

ES 2 547 032 B1

Leu Gln Arg Asn Pro Ala Asn Arg Pro Thr Ala Ala Gln Leu Leu Asp
 500 505 510
 His Ala Phe Val Arg Asn Val Met Pro Met Glu Arg Pro Ile Val Ser
 515 520 525
 Gly Glu Pro Ala Glu Ala Met Asn Val Ala Ser Ser Thr Met Arg Ser
 530 535 540
 Leu Asp Ile Gly His Ala Arg Ser Leu Pro Cys Leu Asp Ser Glu Asp
 545 550 555 560
 Ala Thr Asn Tyr Gln Gln Lys Gly Leu Lys His Gly Ser Gly Phe Ser
 565 570 575
 Ile Ser Gln Ser Pro Arg Asn Met Ser Cys Pro Ile Ser Pro Val Gly
 580 585 590
 Ser Pro Ile Phe His Ser His Ser Pro His Ile Ser Gly Arg Arg Ser
 595 600 605
 Pro Ser Pro Ile Ser Ser Pro His Ala Leu Ser Gly Ser Ser Thr Pro
 610 615 620
 Leu Thr Gly Cys Gly Gly Ala Ile Pro Phe His His Gln Arg Gln Thr
 625 630 635 640
 Thr Val Asn Phe Leu His Glu Gly Ile Gly Ser Ser Arg Ser Pro Gly
 645 650 655
 Ser Gly Gly Asn Phe Tyr Thr Asn Ser Phe Phe Gln Glu Pro Ser Arg
 660 665 670
 Gln Gln Asp Arg Ser Arg Ser Ser Pro Arg Thr Pro Pro His Val Phe
 675 680 685
 Trp Asp Asn Asn Gly Ser Ile Gln Pro Gly Tyr Asn Trp Asn Lys Asp
 690 695 700
 Asn Gln Pro Val Leu Ser Asp His Val Ser Gln Gln Leu Leu Ser Glu
 705 710 715 720
 His Leu Lys Leu Lys Ser Leu Asp Leu Arg Pro Gly Phe Ser Thr Pro
 725 730 735
 Gly Ser Thr Asn Arg Gly Pro
 740

<210> 73

ES 2 547 032 B1

<211> 63
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 1

Val Pro Ala Met Phe Lys Ile Gly Asn Ser Lys Glu Leu Pro Asp Ile
1 5 10 15

Pro Asp His Leu Ser Glu Glu Gly Lys Asp Phe Val Arg Lys Cys Leu
20 25 30

Gln Arg Asn Pro Ala Asn Arg Pro Thr Ala Ala Gln Leu Leu Asp His
35 40 45

Ala Phe Val Arg Asn Val Met Pro Met Glu Arg Pro Ile Val Ser
50 55 60



- ②① N.º solicitud: 201590055
 ②② Fecha de presentación de la solicitud: 18.12.2013
 ③② Fecha de prioridad: **18-12-2012**

INFORME SOBRE EL ESTADO DE LA TECNICA

⑤① Int. Cl.: Ver Hoja Adicional

DOCUMENTOS RELEVANTES

Categoría	⑤⑥ Documentos citados	Reivindicaciones afectadas
A	D.C.BERGMANN ET AL. Stomatal Development and Pattern Controlled by a MAPKK Kinase. <i>Science</i> .2004.Vol. 304, no. 5676, páginas 1494-1497, resumen.	1-25
A	LLORENTE FRANCISCO et al. ERECTA receptor-like kinase and heterotrimeric G protein from <i>Arabidopsis</i> are required for resistance to the necrotrophic fungus <i>Plectosphaerella cucumerina</i> . <i>The Plant Journal</i> . 2005. Vol.43, no.2, páginas 165-180, resumen.	1-25
A	SÁNCHEZ-RODRIGUEZ et al: The ERECTA Receptor-Like Kinase Regulates Cell Wall-Mediated Resistance to Pathogens in <i>Arabidopsis thaliana</i> . <i>Molecular Plant-Microbe Interactions</i> .2009.Vol.22, no 8, páginas 953-963, resumen.	1-25

Categoría de los documentos citados

X: de particular relevancia
 Y: de particular relevancia combinado con otro/s de la misma categoría
 A: refleja el estado de la técnica

O: referido a divulgación no escrita
 P: publicado entre la fecha de prioridad y la de presentación de la solicitud
 E: documento anterior, pero publicado después de la fecha de presentación de la solicitud

El presente informe ha sido realizado

para todas las reivindicaciones

para las reivindicaciones nº:

<p>Fecha de realización del informe 21.10.2015</p>	<p>Examinador I. Rueda Molíns</p>	<p>Página 1/4</p>
---	--	------------------------------

CLASIFICACIÓN OBJETO DE LA SOLICITUD

C12N15/82 (2006.01)

C12N9/12 (2006.01)

A01H5/00 (2006.01)

Documentación mínima buscada (sistema de clasificación seguido de los símbolos de clasificación)

C12N, A01H

Bases de datos electrónicas consultadas durante la búsqueda (nombre de la base de datos y, si es posible, términos de búsqueda utilizados)

INVENES, EPODOC, WPI, BIOSIS

Fecha de Realización de la Opinión Escrita: 21.10.2015

Declaración

Novedad (Art. 6.1 LP 11/1986)	Reivindicaciones 1-25	SI
	Reivindicaciones	NO
Actividad inventiva (Art. 8.1 LP11/1986)	Reivindicaciones 1-25	SI
	Reivindicaciones	NO

Se considera que la solicitud cumple con el requisito de aplicación industrial. Este requisito fue evaluado durante la fase de examen formal y técnico de la solicitud (Artículo 31.2 Ley 11/1986).

Base de la Opinión.-

La presente opinión se ha realizado sobre la base de la solicitud de patente tal y como se publica.

1. Documentos considerados.-

A continuación se relacionan los documentos pertenecientes al estado de la técnica tomados en consideración para la realización de esta opinión.

Documento	Número Publicación o Identificación	Fecha Publicación
D01	D.C.BERGMANN et al. Stomatal Development and Pattern Controlled by a MAPKK Kinase. <i>Science</i> .Vol. 304, no. 5676, páginas 1494-1497	2004
D02	LLORENTE FRANCISCO et al. ERECTA receptor-like kinase and heterotrimeric G protein from <i>Arabidopsis</i> are required for resistance to the necrotrophic fungus <i>Plectosphaerella cucumerina</i> . <i>The Plant Journal</i> .Vol.43, no.2, páginas 165-180,	2005
D03	SÁNCHEZ-RODRIGUEZ et al: The ERECTA Receptor-Like Kinase Regulates Cell Wall-Mediated Resistance to Pathogens in <i>Arabidopsis thaliana</i> . <i>Molecular Plant-Microbe Interactions</i> .Vol.22, no 8, páginas 953-963	2009

2. Declaración motivada según los artículos 29.6 y 29.7 del Reglamento de ejecución de la Ley 11/1986, de 20 de marzo, de Patentes sobre la novedad y la actividad inventiva; citas y explicaciones en apoyo de esta declaración**NOVEDAD Y ACTIVIDAD INVENTIVA (artículos 6 y 8 de la LP11/86)**

En las reivindicaciones 1-11 de la solicitud de patente se reivindica un método para aumentar la resistencia fúngica en una planta, una parte de la planta, o una célula de planta, caracterizado porque el método comprende la etapa de aumentar la expresión y/o actividad de una proteína de YODA en la planta, parte de la planta, o célula de planta en comparación con una planta de tipo salvaje, parte de la planta de tipo salvaje o célula de planta de tipo salvaje.

En las reivindicaciones 12-13 de la solicitud de patente se reivindica un casete de ADN recombinante que comprende una molécula de ácido nucleico empleada en el método anteriormente mencionado. En la reivindicación 14 de la solicitud de patente se reivindica un vector recombinante caracterizado porque comprende dicho casete.

En la reivindicación 15 de la solicitud de patente se reivindica una célula que comprende cualquiera de los elementos anteriormente reivindicados. Las reivindicaciones 16, 17, 19 y 21 de la solicitud de patente reivindican un organismo no humano transgénico caracterizado por comprender esos mismos elementos y en la reivindicación 22 de la solicitud de patente se reivindica un producto derivado del mismo.

En la reivindicación 18 de la solicitud de patente se reivindica un método para generar una planta transgénica que es resistente a oomicetos y/u hongos o patógenos bacterianos.

En la reivindicación 20 de la solicitud de patente se reivindica el uso de los diferentes elementos reivindicados con anterioridad para la transformación de una planta.

En las reivindicaciones 23-25 de la solicitud de patente se reivindica un método para la síntesis de un producto caracterizado porque comprende dos etapas: a) cultivar una planta que se puede obtener por el método objeto de la invención; b) síntesis del producto.

El documento D01 muestra los efectos resultantes como consecuencia de la alteración de YODA. El documento D02 refleja como elk2 está relacionado con la resistencia a hongos fitopatógenos. En el documento D03 se indica como ER tienen un papel mediador en *Arabidopsis thaliana* frente a la resistencia contra patógenos vegetales. En ninguno de los documentos citados se divulga el objeto de invención reivindicado en la solicitud de patente. A partir de la información contenida en cualquiera de los documentos D01, D02 o D03 no sería posible, para un experto en la materia, obtener la invención reivindicada en la solicitud de patente. Por tanto, las reivindicaciones 1-25 de la solicitud de patente presentan novedad y actividad inventiva, según lo establecido en los artículos 6 y 8 de la LP11/86.