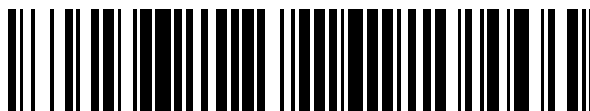


19



OFICINA ESPAÑOLA DE  
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



11 Número de publicación: **2 375 488**

51 Int. Cl.:  
**C12N 15/82** (2006.01)  
**A01H 5/00** (2006.01)

12

## TRADUCCIÓN DE PATENTE EUROPEA

T3

- 96 Número de solicitud europea: **05823594 .6**  
96 Fecha de presentación: **23.12.2005**  
97 Número de publicación de la solicitud: **1833971**  
97 Fecha de publicación de la solicitud: **19.09.2007**

54 Título: **PLANTAS QUE TIENEN RENDIMIENTO DE SEMILLAS AUMENTADO Y MÉTODO PARA PREPARAR LAS MISMAS.**

30 Prioridad:  
**24.12.2004 EP 04106985**  
**06.01.2005 US 641688 P**

45 Fecha de publicación de la mención BOPI:  
**01.03.2012**

45 Fecha de la publicación del folleto de la patente:  
**01.03.2012**

73 Titular/es:  
**CROPDESIGN N.V.**  
**TECHNOLOGIEPARK 3**  
**9052 ZWIJNAARDE, BE**

72 Inventor/es:  
**SANZ MOLINERO, Ana, Isabel**

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

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

ES 2 375 488 T3

## DESCRIPCIÓN

Plantas que tienen rendimiento de semillas aumentado y método para preparar las mismas.

La presente invención se refiere en general al campo de la biología molecular y se refiere a un método para aumentar el rendimiento de semillas, en plantas hechas crecer en condiciones de crecimiento normales con respecto a plantas control. Más específicamente, la presente invención se refiere a un método para aumentar el rendimiento de semillas en plantas hechas crecer en condiciones de crecimiento normales, que comprende

(i) transformar una planta, una parte de planta o una célula vegetal con un constructo que comprende un ácido nucleico de DnaJ de tipo I exógeno que codifica para un polipéptido DnaJ de tipo I que comprende un motivo CaaX en su extremo carboxilo terminal y comprende adicionalmente, desde el extremo amino terminal hasta el extremo carboxilo terminal: (i) un dominio J con referencia de InterPro IPR001623; (ii) una región de dominio G/F de aproximadamente 30 residuos de aminoácidos, rico en glicina (G) y fenilalanina (F); (iii) un dominio de dedo de zinc rico en Cys que contiene cuatro repeticiones de CXXCXGXG, en el que X representa un residuo cargado o polar (referencia de InterPro IPR001305); y (iv) un dominio carboxilo terminal (CTD; referencia de InterPro IPR002939),

(ii) expresar dicho ácido nucleico; y

(iii) en el que dicho polipéptido DnaJ de tipo I tiene una ubicación subcelular citosólica.

La presente invención también se refiere a plantas transgénicas que tienen preferentemente actividad aumentada en el citosol de un polipéptido similar a DnaJ de tipo I o un homólogo del mismo, plantas que tienen rendimiento de semillas aumentado cuando se hacen crecer en condiciones de crecimiento normales con respecto a plantas control hechas crecer en condiciones comparables y que comprenden el constructo según la reivindicación 8. La invención también proporciona constructos según la reivindicación 8 que son útiles en los métodos de la invención.

La población mundial en aumento constante y el suministro cada vez más limitado de la tierra cultivable disponible para la agricultura incentiva la investigación agrícola hacia la mejora de la eficiencia de la agricultura. Los medios convencionales para las mejoras en la horticultura y los cultivos utilizan técnicas de reproducción selectiva para identificar plantas que tengan características deseables. Sin embargo, tales técnicas de reproducción selectiva tienen varias desventajas, concretamente que estas técnicas normalmente requieren mucho trabajo y dan como resultado plantas que a menudo contienen componentes genéticos heterogéneos que no siempre pueden dar como resultado que se transmita el rasgo deseable desde las plantas progenitoras. Los avances en biología molecular han permitido a la humanidad modificar el germoplasma de animales y plantas. La ingeniería genética de plantas implica el aislamiento y la manipulación del material genético (normalmente en forma de ADN o ARN) y la posterior introducción de este material genético en una planta. Tal tecnología tiene la capacidad de suministrar cultivos o plantas que tienen diversos rasgos económicos, agronómicos u hortícolas mejorados. Un rasgo de interés económico particular es el rendimiento. El rendimiento se define normalmente como los productos medibles de valor económico de un cultivo. Esto puede definirse en cuanto a la cantidad y/o a la calidad. El rendimiento depende directamente de varios factores, por ejemplo, el número y el tamaño de los órganos, la arquitectura vegetal (por ejemplo, el número de ramas), la producción de semillas, etc. El desarrollo de la raíz, la captación de nutrientes y la tolerancia al estrés también pueden ser factores importantes en la determinación del rendimiento. La optimización de uno de los factores mencionados anteriormente puede por tanto aumentar el rendimiento del cultivo. Además, las semillas de plantas son una fuente importante de nutrición humana y animal. Cultivos tales como maíz, arroz, trigo, canola y soja representan más de la mitad de la ingestión calórica humana total, ya sea a través del consumo directo de las propias semillas o a través del consumo de productos cárnicos criados con semillas procesadas. También son fuente de azúcares, aceites y muchas clases de metabolitos usados en procesos industriales. Las semillas contienen un embrión, fuente de nuevos brotes y raíces tras la germinación, y un endospermo, fuente de nutrientes para el crecimiento del embrión, durante la germinación y crecimiento temprano de las plántulas. El desarrollo de una semilla implica muchos genes, y requiere la transferencia de metabolitos desde las raíces, las hojas y los tallos a la semilla en crecimiento. El endospermo, en particular, asimila los precursores metabólicos de polímeros de hidratos de carbono, aceite y proteínas y los sintetiza en macromoléculas de almacenamiento para rellenar el grano. La capacidad de aumentar el rendimiento de semillas de plantas, ya sea a través del índice de cosecha aumentado, peso de mil granos, número de semillas, biomasa de semillas, desarrollo de semillas, llenado de semillas aumentados o cualquier otro rasgo relacionado con las semillas tendría muchas aplicaciones en la agricultura, e incluso usos no agrícolas tales como en la producción biotecnológica de sustancias tales como productos farmacéuticos, anticuerpos o vacunas.

En la actualidad se ha encontrado que preferentemente el aumento de la actividad en el citosol de una célula vegetal de un polipéptido similar a DnaJ de tipo I proporciona plantas hechas crecer en condiciones de crecimiento normales con rendimiento de semillas aumentado con respecto a plantas control hechas crecer en condiciones comparables.

DnaJ es una co-chaperona molecular de la familia Hsp40 (proteína de choque térmico 40). Hsp40 actúa conjuntamente con la chaperona proteína de choque térmico 70 (Hsp70, también denominada DnaK) y la co-chaperona factor de intercambio de nucleótidos GrpE para facilitar diferentes aspectos del metabolismo celular de proteínas que incluyen ensamblaje en el ribosoma, translocación de proteínas, plegamiento y desplegamiento de

proteínas, supresión de la agregación de polipéptidos y señalización celular (Walid (2001) Curr Protein Peptide Sci 2: 227-244). DnaJ estimula que Hsp70 hidrolice el ATP, una etapa clave en la unión estable de un sustrato a Hsp70. Además, la propia DnaJ también tiene funciones moleculares de chaperona dado que se ha demostrado que se une a cadenas nascentes en sistemas de traducción *in vitro* y evita la agregación de polipéptido desnaturalizados (Laufen *et al.* (2001) Proc Natl Acad Sci USA 96: 5452-5457). Los miembros de la familia DnaJ se han identificado en una variedad de organismos (tanto en procariotas como en eucariotas) y en una variedad de compartimentos celulares, tales como citosol, mitocondria, peroxisoma, glioxisoma, retículo endoplasmático y estroma de cloroplasto. Dentro de un organismo, múltiples Hsp40 pueden interaccionar con una única Hsp70 para generar pares de Hsp70:Hsp40 lo que facilita numerosas reacciones en el metabolismo celular de proteínas.

Todas las proteínas DnaJ se definen por la presencia de un dominio denominado "J", dominio que consiste en aproximadamente 70 aminoácidos, ubicados habitualmente en el extremo amino terminal de la proteínas, y por la presencia del tripéptido HPD altamente conservado en el centro del dominio J (referencia de InterPro IPR001623; Zdobnov *et al.*, (2002) 18(8): 1149-50); El dominio "J", que consiste en cuatro hélices alfa, interacciona con las proteínas Hsp70. En el genoma de *Arabidopsis thaliana*, al menos se han identificado 89 proteínas que comprenden el dominio J (Miernyk (2001) Cell Stress & Chaperones). Hasta la fecha se han identificado 18 proteínas Hsp70.

Las proteínas DnaJ se han clasificado adicionalmente en tipo I, tipo II y tipo III.

Las proteínas de dominio DnaJ (o proteínas DnaJ) de tipo I (hasta la fecha son al menos 8 en *Arabidopsis*; Miernyk (2001) Cell Stress & Chaperone 6(3): 209-218), comprenden (desde el extremo amino terminal hasta el extremo carboxilo terminal) los dominios identificados dentro de la proteína DnaJ arquetipo tal como se caracterizó primero en *Escherichia coli*:

- 1) una región de dominio G/F de aproximadamente 30 residuos de aminoácidos, rico en glicina (G) y fenilalanina (F), que se ha propuesto que regula la especificidad por el polipéptido diana;
- 2) un dominio de dedo de zinc rico en Cys que contiene cuatro repeticiones de CXXCXGXG, en el que X representa un residuo cargado o polar; estas cuatro repeticiones funcionan en pares para formar el dominio I y II de unión a zinc (referencia de InterPro IPR001305; Linke *et al.* (2003) J Biol Chem 278(45): 44457-44466); se piensa que el dominio de dedo de zinc media interacciones proteína:proteína directas y más específicamente que se une a polipéptidos no nativos que van a suministrarse a Hsp70;
- 3) un dominio carboxilo terminal (CTD; referencia de InterPro IPR002939).

Las proteínas de dominio DnaJ de tipo II (hasta la fecha son al menos 35 en *Arabidopsis*) comprenden el dominio J ubicado en el extremo amino terminal de la proteína, o bien el dominio G/F o bien el dominio de dedo de zinc y un CTD. Las proteínas de dominio DnaJ de tipo III (hasta la fecha son al menos 45 en *Arabidopsis*) comprenden sólo el dominio J, que puede estar ubicado en cualquier parte dentro de la proteína.

En su forma nativa, las proteínas DnaJ pueden dirigirse a una variedad de compartimentos subcelulares, o bien en forma soluble o bien en forma unida a la membrana. Ejemplos de tales compartimentos subcelulares en plantas incluyen mitocondrias, cloroplastos, peroxisomas, núcleo, citoplasma y rutas secretoras. Las secuencias señal y los péptidos de tránsito, habitualmente ubicados en el extremo amino terminal de las proteínas DnaJ codificadas en el núcleo, son responsables del direccionamiento de estas proteínas a compartimentos subcelulares específicos.

Ejemplos de membranas celulares a las que pueden dirigirse proteínas DnaJ en circunstancias específicas incluyen la membrana externa de mitocondria, la membrana externa de cloroplasto, la membrana de peroxisoma, la membrana nuclear, el retículo endoplasmático (RE) y la propia membrana celular (Miernyk (2001) Cell Stress & Chaperone 6(3): 209-218). Un tipo de asociación a membrana de una proteína DnaJ se produce tras la modificación postraduccional de la proteína, es decir, tras la isoprenilación. Un grupo isoprenoide se une a la cisteína del motivo CaaX de farnesilación (en el que C es Cys, un residuo de aminoácido alifático y X cualquier aminoácido) ubicado en el extremo carboxilo terminal de la proteína. Se ha demostrado que esta farnesilación da como resultado una actividad biológica y asociación a la membrana mayores de la proteína DnaJ, especialmente a temperaturas elevadas (Zhu J-K *et al.*, (1993) The Plant Cell 5:341-9).

Se ha sugerido que las proteínas DnaJ desempeñan un papel (junto con HSP70) en conferir tolerancia al estrés térmico en plantas. Aunque DnaJ puede tener un papel protector que desempeñar en plantas sometidas a estrés térmico, no queda claro si podría haber alguna ventaja adicional en el aumento de los niveles y/o la actividad de DnaJ en plantas no sometidas a estrés térmico.

Por tanto fue sorprendente encontrar que un polipéptido similar a DnaJ de tipo I podía usarse en condiciones de crecimiento normales para proporcionar plantas que tienen rendimiento de semillas aumentado en relación con el rendimiento de semillas en plantas control hechas crecer en condiciones comparables.

Por tanto, según una realización de la presente invención, se proporciona un método para aumentar el rendimiento de semillas en plantas hechas crecer en condiciones de crecimiento normales, que comprende

- (i) transformar una planta, una parte de planta o una célula vegetal con un constructo que comprende un ácido nucleico de DnaJ de tipo I exógeno que codifica para un polipéptido DnaJ de tipo I que comprende un motivo CaaX en su extremo carboxilo terminal y comprende adicionalmente, desde el extremo amino terminal hasta el extremo carboxilo terminal: (i) un dominio J con referencia de InterPro IPR001623; (ii) una región de dominio G/F de aproximadamente 30 residuos de aminoácidos, rico en glicina (G) y fenilalanina (F); (iii) un dominio de dedo de zinc rico en Cys que contiene cuatro repeticiones de CXXCXGXG, en el que X representa un residuo cargado o polar (referencia de InterPro IPR001305); y (iv) un dominio carboxilo terminal (CTD; referencia de InterPro IPR002939),

(ii) expresar dicho ácido nucleico; y

- (iii) en el que dicho polipéptido DnaJ de tipo I tiene una ubicación subcelular citosólica.

El término "citosol" se refiere a la ubicación subcelular de la proteína DnaJ útil en los métodos de la invención. Mediante el término citosol se abarca una asociación transitoria o prolongada de la proteína DnaJ con la superficie externa de mitocondrias, cloroplastos, peroxisoma, núcleo, RE o con la membrana celular.

Un experto en la técnica puede identificar fácilmente el "extremo carboxilo terminal" de una proteína.

- La referencia en el presente documento a "plantas de tipo natural correspondientes" se considera que significa cualquier planta o plantas control, cuya elección estaría dentro de las capacidades de un experto en la técnica y pueden incluir, por ejemplo, plantas de tipo natural correspondientes o plantas correspondientes sin el gen de interés. Una "planta control" tal como se usa en el presente documento no sólo se refiere a plantas completas, sino también a partes de planta, (incluyendo semillas y partes de semilla).

- La referencia en el presente documento a "condiciones (de crecimiento) sin estrés" se considera que significa crecimiento/cultivo de una planta a cualquier estadio en su ciclo de vida (desde semilla hasta planta madura y de vuelta a semilla de nuevo) en condiciones de crecimiento normales, que incluye el estrés leve diario con que se encuentra cada planta, pero que no incluye estrés grave. Un ejemplo de un estrés grave es el estrés térmico, cuya aparición se conocería bien en la técnica, y que dependería de diversos factores, tales como la región en la que se hace crecer la planta y que dependería de la propia planta.

- La expresión "rendimiento de semillas aumentado" tal como se define en el presente documento se considera que significa un aumento en uno cualquiera o más de lo siguiente, cada uno con respecto a plantas control: (i) rendimiento de semillas aumentado, que incluye un aumento en la biomasa de las semillas (peso de las semillas) y que puede ser un aumento en el peso de las semillas por planta o basándose en una semilla individual; (ii) número aumentado de semillas (llenadas); (iii) tasa de llenado aumentada (que es el número de semillas llenadas dividido por el número total de semillas y multiplicado por 100); (iv) tamaño de semillas aumentado, que también puede influir en la composición de las semillas; (v) volumen de semillas aumentado, que también puede influir en la composición de las semillas; (vi) índice de cosecha aumentado, que se expresa como una razón del rendimiento de las partes que puede cosecharse, tales como semillas, con respecto a la biomasa total; y (vii) peso de mil granos aumentado (TKW), que se extrapola del número de semillas llenadas contadas y su peso total. Un TKW aumentado puede resultar de un tamaño de semillas y/o peso de semillas aumentado.

- Tomando el maíz como ejemplo, un aumento del rendimiento de semillas puede manifestarse como uno o más de lo siguiente: un aumento en el número de espigas por planta, un aumento en el número de filas, número de granos por fila, peso del grano, peso de mil granos, longitud/diámetro de la espiga, entre otros. Tomando el arroz como ejemplo, un aumento del rendimiento de semillas puede manifestarse como un aumento en uno o más de lo siguiente: número de panojas por planta, número de espiguillas por panoja, número de flores por panoja, aumento en la tasa de llenado de las semillas, aumento en el peso de mil granos, entre otros. Según la presente invención, se proporciona un método para aumentar el rendimiento de semillas de planta en plantas hechas crecer en condiciones de crecimiento normales, comprendiendo el método

- (i) transformar una planta, una parte de planta o una célula vegetal con un constructo que comprende un ácido nucleico de DnaJ de tipo I exógeno que codifica para un polipéptido DnaJ de tipo I que comprende un motivo CaaX en su extremo carboxilo terminal y comprende adicionalmente, desde el extremo amino terminal hasta el extremo carboxilo terminal: (i) un dominio J con referencia de InterPro IPR001623; (ii) una región de dominio G/F de aproximadamente 30 residuos de aminoácidos, rico en glicina (G) y fenilalanina (F); (iii) un dominio de dedo de zinc rico en Cys que contiene cuatro repeticiones de CXXCXGXG, en el que X representa un residuo cargado o polar (referencia de InterPro IPR001305); y (iv) un dominio carboxilo terminal (CTD; referencia de InterPro IPR002939),

(ii) expresar dicho ácido nucleico; y

(iii) en el que dicho polipéptido DnaJ de tipo I tiene una ubicación subcelular citosólica.

- Preferiblemente además, el rendimiento de semillas aumentado se manifiesta como un aumento en el índice de cosecha con relación a las plantas de tipo natural correspondientes. Por tanto, según la presente invención, se



proporciona un método para aumentar el índice de cosecha en plantas hechas crecer en condiciones de crecimiento normales, comprendiendo el método

- (i) transformar una planta, una parte de planta o una célula vegetal con un constructo que comprende un ácido nucleico de DnaJ de tipo I exógeno que codifica para un polipéptido DnaJ de tipo I que comprende un motivo CaaX en su extremo carboxilo terminal y comprende adicionalmente, desde el extremo amino terminal hasta el extremo carboxilo terminal: (i) un dominio J con referencia de InterPro IPR001623; (ii) una región de dominio G/F de aproximadamente 30 residuos de aminoácidos, rico en glicina (G) y fenilalanina (F); (iii) un dominio de dedo de zinc rico en Cys que contiene cuatro repeticiones de CXXCXGXXG, en el que X representa un residuo cargado o polar (referencia de InterPro IPR001305); y (iv) un dominio carboxilo terminal (CTD; referencia de InterPro IPR002939),
- (ii) expresar dicho ácido nucleico; y
- (iii) en el que dicho polipéptido DnaJ de tipo I tiene una ubicación subcelular citosólica.

Dado que las plantas transgénicas según la presente invención y tal como se definen por las reivindicaciones 9 y 10 tienen rendimiento aumentado, es probable que estas plantas presenten una tasa de crecimiento aumentada (durante al menos parte de su ciclo de vida), en relación con la tasa de crecimiento de plantas de tipo natural correspondientes en un estadio correspondiente en su ciclo de vida. La tasa de crecimiento aumentada puede ser específica para una o más partes de una planta (incluyendo semillas), o puede ser sustancialmente en toda la planta completa. Una planta que tiene una tasa de crecimiento aumentada puede incluso presentar floración temprana. El aumento en la tasa de crecimiento puede tener lugar en uno o más estadios en el ciclo de vida de una planta o sustancialmente durante todo el ciclo de vida de la planta. La tasa de crecimiento aumentada durante los estadios tempranos en el ciclo de vida de una planta puede reflejar vigor potenciado. El aumento en la tasa de crecimiento puede alterar el ciclo de cosecha de una planta permitiendo que se siembren plantas más tarde y/o se cosechen más pronto de lo que sería posible de otro modo. Si se aumenta de manera suficiente la tasa de crecimiento, puede permitir la siembra adicional de semillas de la misma especie de planta (por ejemplo siembra y cosecha de plantas de arroz seguido por siembra y cosecha de plantas de arroz adicionales todo dentro de un periodo de cultivo convencional). De manera similar, si se aumenta de manera suficiente la tasa de crecimiento, puede permitir la siembra adicional de semillas de diferentes especies de plantas (por ejemplo la siembra y cosecha de plantas de arroz seguido por, por ejemplo, la siembra y la cosecha opcional de soja, patata o cualquier cultivo de planta adecuado). En el caso de algunas plantas también pueden ser posibles momentos adicionales de cosecha del mismo rizoma. La alteración del ciclo de cosecha de una planta puede conducir a un aumento en la producción de biomasa anual por acre (debido al aumento en el número de veces (pongamos en un año) que cualquier planta particular puede hacerse crecer y cosecharse). Un aumento en la tasa de crecimiento también puede permitir el cultivo de plantas transgénicas en una zona geográfica más amplia que sus homólogas de tipo natural, dado que las limitaciones territoriales para el crecimiento de un cultivo a menudo vienen determinadas por condiciones medioambientales adversas o bien en el momento de la siembra (estación temprana) o bien en el momento de la cosecha (estación tardía). Tales condiciones adversas pueden evitarse si se acorta el ciclo de cosecha. La tasa de crecimiento puede determinarse derivando diversos parámetros a partir de curvas de crecimiento, tales parámetros pueden ser: T-Mid (el tiempo que tardan las plantas en alcanzar el 50% de su tamaño máximo) y T-90 (el tiempo que tardan las plantas en alcanzar el 90% de su tamaño máximo), entre otros.

Las características de crecimiento mencionadas anteriormente pueden modificarse de manera ventajosa en cualquier planta.

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

Las plantas que son particularmente útiles en los métodos de la invención incluyen todas las plantas que pertenecen a la superfamilia *Viridiplantae*, en particular plantas monocotiledóneas y dicotiledóneas incluyendo forraje o legumbres forrajeras, plantas ornamentales, cultivos alimenticios, árboles o arbustos seleccionados de la lista que comprende *Acacia spp.*, *Acer spp.*, *Actinidia spp.*, *Aesculus spp.*, *Agathis australis*, *Albizia amara*, *Alsophila tricolor*, *Andropogon spp.*, *Arachis spp.*, *Areca catechu*, *Astelia fragrans*, *Astragalus cicer*, *Baikiaea plurijuga*, *Betula spp.*, *Brassica spp.*, *Bruguiera gymnorhiza*, *Burkea africana*, *Butea frondosa*, *Cadaba farinosa*, *Calliandra spp.*, *Camellia sinensis*, *Canna indica*, *Capsicum spp.*, *Cassia spp.*, *Centroema pubescens*, *Chaenomeles spp.*, *Cinnamomum cassia*, *Coffea arabica*, *Colophospermum mopane*, *Coronillia varia*, *Cotoneaster serotina*, *Crataegus spp.*, *Cucumis spp.*, *Cupressus spp.*, *Cyathea dealbata*, *Cydonia oblonga*, *Cryptomeria japonica*, *Cymbopogon spp.*, *Cynthea dealbata*, *Cydonia oblonga*, *Dalbergia monetaria*, *Davallia divaricata*, *Desmodium spp.*, *Dicksonia squarosa*, *Diheteropogon amplexans*, *Dioclea spp.*, *Dolichos spp.*, *Dorycnium rectum*, *Echinochloa pyramidalis*, *Ehrhartia spp.*, *Eleusine coracana*, *Eragrostis spp.*, *Erythrina spp.*, *Eucalyptus spp.*, *Euclea schimperi*, *Eulalia villosa*, *Fagopyrum spp.*, *Feijoa sellowiana*, *Fragaria spp.*, *Flemingia spp.*, *Freycinetia banksii*, *Geranium thunbergii*, *Ginkgo biloba*,

*Glycine javanica*, *Gliricidia* spp., *Gossypium hirsutum*, *Grevillea* spp., *Guibourtia coleosperma*, *Hedysarum* spp., *Hemarthra altissima*, *Heteropogon contortus*, *Hordeum vulgare*, *Hyparrhenia rufa*, *Hypericum erectum*, *Hyperthelia dissoluta*, *Indigo incamata*, *Iris* spp., *Leptarrhena pyrolifolia*, *Lespedeza* spp., *Lettuca* spp., *Leucaena leucocephala*, *Loudetia simplex*, *Lotonus bainesii*, *Lotus* spp., *Macrotyloma axillare*, *Malus* spp., *Manihot esculenta*, *Medicago sativa*, *Metasequoia glyptostroboides*, *Musa sapientum*, *Nicotianum* spp., *Onobrychis* spp., *Ornithopus* spp., *Oryza* spp., *Peltophorum africanum*, *Pennisetum* spp., *Persea gratissima*, *Petunia* spp., *Phaseolus* spp., *Phoenix canariensis*, *Phormium cookianum*, *Photinia* spp., *Picea glauca*, *Pinus* spp., *Pisum sativum*, *Podocarpus totara*, *Pogonarthra fleckii*, *Pogonarthra squarrosa*, *Populus* spp., *Prosopis cineraria*, *Pseudotsuga menziesii*, *Pterolobium stellatum*, *Pyrus communis*, *Quercus* spp., *Rhaphiolepis umbellata*, *Rhopalostylis sapida*, *Rhus natalensis*, *Ribes grossularia*, *Ribes* spp., *Robinia pseudoacacia*, *Rosa* spp., *Rubus* spp., *Salix* spp., *Schyzachyrium sanguineum*, *Sciadopitys verticillata*, *Sequoia sempervirens*, *Sequoiadendron giganteum*, *Sorgo bicolor*, *Spinacia* spp., *Sporobolus fimbriatus*, *Stiburus alopecuroides*, *Stylosanthos humilis*, *Tadehagi* spp., *Taxodium distichum*, *Themeda triandra*, *Trifolium* spp., *Triticum* spp., *Tsuga heterophylla*, *Vaccinium* spp., *Vicia* spp., *Vitis vinifera*, *Watsonia pyramidata*, *Zantedeschia aethiopica*, *Zea mays*, amaranto, alcachofa, espárrago, brócoli, coles de Bruselas, repollo, canola, zanahoria, coliflor, apio, berza, lino, col rizada, lenteja, colza, quimbongó, cebolla, patata, arroz, soja, fresa, remolacha azucarera, caña de azúcar, girasol, tomate, calabaza, té y algas, entre otros.

Preferiblemente, la planta es una planta de cultivo tal como soja, girasol, canola, alfalfa, colza, algodón, tomate, patata o tabaco. Preferiblemente además, la planta es una planta monocotiledónea, tal como caña de azúcar. Más preferiblemente la planta es un cereal, tal como arroz, maíz, trigo, cebada, mijo, centeno, sorgo o avena.

Común a todas las proteínas DnaJ es la presencia de un dominio J, que consiste en aproximadamente 70 aminoácidos (habitualmente ubicados en el extremo amino terminal de la proteína) y que comprende el tripéptido HPD altamente conservado en su centro (referencia de InterPro IPR001623; Zdobnov *et al.*, (2002) 18(8): 1149-50); el dominio "J", que consiste en cuatro hélices alfa, interacciona con proteínas Hsp70. En el genoma de *Arabidopsis thaliana*, se han identificado al menos 89 proteínas que comprenden el dominio J (Miernyk (2001) Cell Stress & Chaperones). Hasta la fecha, se han identificado 18 proteínas Hsp70.

Las proteínas con dominio DnaJ de tipo I (o proteínas DnaJ) comprenden un motivo CaaX en su extremo carboxilo terminal y se caracterizan además por la presencia de lo siguiente desde el extremo amino terminal hasta el extremo carboxilo terminal:

- una región de dominio G/F de aproximadamente 30 residuos de aminoácidos, rico en glicina (G) y fenilalanina (F), que se ha propuesto que regula la especificidad de polipéptido diana; y
- un dominio de dedo de zinc rico en Cys que contiene cuatro repeticiones de CXXCXGXG, en el que X representa un residuo cargado o polar; estas cuatro repeticiones funcionan en pares para formar el dominio I y II de unión a zinc (referencia de InterPro IPR001305; Linke *et al.* (2003) J Biol Chem 278(45): 44457-44466); se piensa que el dominio de dedo de zinc media interacciones proteína:proteína directas y más específicamente que se une a polipéptidos no nativos que va a suministrarse a Hsp70; y
- un dominio carboxilo terminal (CTD; referencia de InterPro IPR002939).

En su forma nativa, las proteínas DnaJ pueden dirigirse a una variedad de compartimentos subcelulares, o bien en forma soluble o bien en forma unida a membrana. Las proteínas DnaJ útiles en los métodos de la invención son aquellas sin una secuencia señal o un péptido de tránsito, y por tanto se ubican principalmente en el citosol de una célula vegetal.

Las proteínas DnaJ útiles en los métodos de la invención son las que comprenden un motivo CaaX en su extremo carboxilo terminal. Por tanto, este polipéptido está presente o bien en una forma soluble o bien en una forma unida a membrana, siendo reversible la existencia en cualquier forma.

Un "polipéptido similar a DnaJ de tipo I" puede identificarse fácilmente usando técnicas rutinarias bien conocidas en la técnica. Por ejemplo, la estimulación de la actividad ATPasa de DnaK por DnaJ puede determinarse fácilmente *in vitro* tal como en Zhou *et al.*, (2000), Protein Expression & Purification 19: 253-258. La capacidad de DnaJ para promover la formación de complejo entre DnaK y polipéptidos no nativos, tales como luciferasa desnaturalizada, puede determinarse mediante ELISA (Fan *et al.*, (2004) Molec. Biol. Cell 15: 761-773).

Un "polipéptido similar a DnaJ de tipo I" puede identificarse fácilmente usando alineación de secuencias. Los métodos para la alineación de secuencias para comparación se conocen bien en la técnica, incluyendo tales métodos GAP, BESTFIT, BLAST, FASTA y TFASTA. GAP usa el algoritmo de Needleman y Wunsch ((1970) J Mol Biol 48: 443-453) para encontrar la alineación de dos secuencias completas que maximiza el número de apareamientos y minimiza el número de huecos. El algoritmo BLAST (Altschul *et al.*, (1990) J Mol Biol 215: 403-10) calcula el porcentaje de identidad de secuencia y realiza un análisis estadístico de la similitud entre dos secuencias. El software para realizar el análisis BLAST está disponible al público a través del National Centre for Biotechnology Information. Los homólogos de polipéptidos similares a DnaJ de tipo I y su porcentaje de identidad con respecto a la secuencia de aminoácidos similar a DnaJ de tipo I útiles en los métodos de la invención, tal como se representan mediante SEQ ID NO: 2, pueden identificarse fácilmente usando, por ejemplo, el programa de alineación múltiple

VNTI AlignX, basado en un algoritmo ClustalW modificado (InforMax, Bethesda, MD, <http://www.informaxinc.com>), con parámetros por defecto para la penalización de apertura de hueco y extensión de hueco. Preferiblemente, los polipéptidos similares a DnaJ de tipo I u homólogos de los mismos que comprenden un motivo CaaX en su extremo carboxilo terminal, y que son útiles en los métodos de la invención, son los que tienen en orden creciente de preferencia una identidad de al menos el 35%, 40%, 45%, 50%, 55%, 60%, 65%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90% o 95% con respecto a la SEQ ID NO: 2.

Ejemplos de polipéptidos cubiertos por la expresión "polipéptido similar a DnaJ de tipo I" se enumeran en la tabla 1 como SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 38, SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 42, SECT ID NO: 44, SEO ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 52, SEPA ID NO: 54 y SEQ ID NO: 56. La secuencia de polipéptido similar a DnaJ de tipo I usada para mostrar a modo de ejemplo la invención es tal como se representa en SEQ ID NO: 2.

Tabla 1: Ejemplos de ácidos nucleicos (ID de SEQ de ADN) de diferentes organismos que codifican para polipéptidos similares a DnaJ de tipo I (ID de SEQ de proteína)

Nombre del gen	Número de registro de ADN	ID de SEQ de ADN	Número de registro de proteína	ID de SEQ de proteína	Fuente
CDS1877 DnaJ	AK066420.1	SEQ ID NO: 1	VT	SEQ ID NO: 2	<i>Oryza sativa</i>
Orysa_DNAJ II CAAX	AK10195	SEQ ID NO: 3	VT	SEQ ID NO: 4	<i>Oryza sativa</i>
Orysa_DNAJ III CAAX	AK105028	SEQ ID NO: 5	VT	SEQ ID NO: 6	<i>Oryza sativa</i>
Orysa_DNAJ IV CAAX	AK104315	SEQ ID NO: 7	VT	SEQ ID NO: 8	<i>Oryza sativa</i>
Zeama_ZMD J1	BT016805*	SEQ ID NO: 9	T01643	SEQ ID NO: 10	<i>Zea mays</i>
Zeama_DNA JI CAAX	AY103727.1	SEQ ID NO: 11	VT	SEQ ID NO: 12	<i>Zea mays</i>
Zeama_DNA J II CAAX	AY108160.1	SEQ ID NO: 13	VT	SEQ ID NO: 14	<i>Zea mays</i>
Triae_DNAJ	BT008914.1	SEQ ID NO: 15	VT	SEQ ID NO: 16	<i>Triticum aestivum</i>

(continuación)

Nombre del gen	Número de registro de ADN	ID de SEQ de ADN	Número de registro de proteína	ID de SEQ de proteína	Fuente
At5g22060 AtJ2 CAAX	L36113	SEQ ID NO: 17	AAB8679	SEQ ID NO: 18	<i>Arabidopsis thaliana</i>
At3g44110 AtJ3 CAAX	NM_11427 9	SEQ ID NO: 19	S71199	SEQ ID NO: 20	<i>Arabidopsis thaliana</i>
Atrnu_DNAJ	L09124	SEQ ID NO: 21	VT	SEQ ID NO: 22	<i>Atriplex nummularia</i>
Cucsa_DNAJ -1	X67695	SEQ ID NO: 23	VT	SEQ ID NO: 24	<i>Cucumis sativus</i>
Dauca_J1P	AF308737	SEQ ID NO: 25	VT	SEQ ID NO: 26	<i>Daucus carota</i>
Glyma_pm37 DNAJ	AF169022	SEQ ID NO: 27	VT	SEQ ID NO: 28	<i>Glycine max</i>
Hevbr_DNAJ	AF085275	SEQ ID NO: 29	AAD1205	SEQ ID NO: 30	<i>Hevea brasiliensis</i>
Lyces_DNAJ	AF124139	SEQ ID NO: 31	AAF2838	SEQ ID NO: 32	<i>Lycopersicon esculentum</i>
Medsa_DNA J	AJ000995	SEQ ID NO: 33	CAA0444	SEQ ID NO: 34	<i>Medicago sativa</i>
Nicta_DNAJ	AJ299254	SEQ ID NO: 35	CAC1282	SEQ ID NO: 36	<i>Nicotiana tabacum</i>
sajg;_DNAJ2	AB003137	SEQ ID NO: 37	BAA7688	SEQ ID NO: 38	<i>Salix gilgiana</i>
Salgi_DNAJ	AB015601	SEQ ID NO: 39	BAA3512	SEQ ID NO: 40	<i>Salix gilgiana</i>
Solto_DNAJ	X94301	SEQ ID NO: 41	CAA6396	SEQ ID NO: 42	<i>Solanum tuberosum</i>
Orysa_DNAJ CASQ	AK110691	SEQ ID NO: 43	VT	SEQ ID NO: 44	<i>Oryza sativa</i>
Triae_DNAJ 11 CASQ	BT009366	SEQ ID NO: 45	VT	SEQ ID NO: 46	<i>Triticum aestivum</i>
Ceael_DNaJ	NM_07205 1	SEQ ID NO: 47	NP_5044 2	SEQ ID NO: 48	<i>Caenorhabditis elegans</i>
Homsa_HsJ2	D13388	SEQ ID NO: 49	P31689	SEQ ID NO: 50	<i>Homo sapiens</i>
Sacce_YDJ1	NC_001146	SEQ ID NO: 51	NP_0143 5	SEQ ID NO: 52	<i>Saccharomyces cerevisiae</i>
Homsa_DNA JA2	NM_00588 0	SEQ ID NO: 53	NP_0058	SEQ ID NO: 54	<i>Homo sapiens</i>
Musmu_mDj 3	NM_019794	SEQ ID NO: 55	Q9QYJ0	SEQ ID NO: 56	<i>Mus musculus</i>
VT= traducción virtual; con correcciones minoritarias					

5 Ha de entenderse que las secuencias que caen bajo la definición de "polipéptido similar a DnaJ de tipo I" no han de limitarse a SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 38, SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 52, SEQ ID NO: 54 y SEQ ID

NO: 56 enumeradas en la tabla 1, sino que cualquier polipéptido similar a DnaJ de tipo I que comprende un motivo CaaX en su extremo carboxilo terminal y comprende adicionalmente, desde el extremo amino terminal hasta el extremo carboxilo terminal: (i) un dominio J con referencia de InterPro IPR001623; (ii) una región de dominio G/F de aproximadamente 30 residuos de aminoácidos, rico en glicina (G) y fenilalanina (F); (iii) un dominio de dedo de zinc rico en Cys que contiene cuatro repeticiones de CXXCXGXG, en el que X representa un residuo cargado o polar (referencia de InterPro IPR001305); y (iv) un dominio carboxilo terminal (CTD; referencia de InterPro IPR002939), puede ser adecuado para su uso en los métodos de la invención.

El ácido nucleico que codifica para un polipéptido similar a DnaJ de tipo I puede ser cualquier ácido nucleico natural o sintético. Por tanto, la expresión "gen/ácido nucleico similar a DnaJ de tipo I" tal como se define en el presente documento es cualquier ácido nucleico/gen que codifica para un polipéptido similar a DnaJ de tipo I tal como se definió anteriormente en el presente documento. Ejemplos de ácidos nucleicos similares a DnaJ de tipo I incluyen los enumerados en la tabla 1 como SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51 SEQ ID NO: 53 y SEQ ID NO: 55. Los ácidos nucleicos/genes similares a DnaJ de tipo I y las variantes de los mismos pueden ser adecuados en la puesta en práctica de los métodos de la invención. En la presente invención se describen ácidos nucleicos/genes similares a DnaJ de tipo I variantes que incluye partes de un ácido nucleico/gen y/o ácidos nucleicos similares a DnaJ de tipo I que pueden hibridar con un ácido nucleico/gen similar a DnaJ de tipo I.

El término parte tal como se define en el presente documento se refiere a un pedazo de ADN que comprende al menos 600 nucleótidos, parte que codifica para un polipéptido de al menos 200 aminoácidos, que comprende desde el extremo amino terminal hasta el extremo carboxilo terminal, un dominio DnaJ, un dominio rico en G/F y un dominio de dedo de zinc rico en Cys, un dominio CTD y un motivo CaaX. Preferiblemente, la parte comprende al menos 1050 nucleótidos, parte que codifica para un polipéptido de al menos 350 aminoácidos que comprende desde el extremo amino terminal hasta el extremo carboxilo terminal, un dominio DnaJ, un dominio rico en G/F, un dominio de dedo de zinc rico en Cys, un dominio CTD y un motivo CaaX. Preferiblemente además, una parte tal como se definió anteriormente es una parte de un ácido nucleico tal como se representa mediante una cualquiera de SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51 SEQ ID NO: 53 o SEQ ID NO: 55 de la tabla 1.

Puede prepararse una parte, por ejemplo, realizando una o más deleciones a un ácido nucleico similar a DnaJ de tipo I. Un ejemplo consiste en eliminar las secuencias de polinucleótido que codifican para secuencias de direccionamiento subcelular específicas, tales como secuencias de direccionamiento a mitocondrias o plastidios. Las partes pueden usarse en forma aislada o pueden fusionarse a otras secuencias codificantes (o no codificantes) con el fin de, por ejemplo, producir una proteína que combina varias actividades. Cuando se fusionan a otras secuencias codificantes, el polipéptido resultante producido tras la traducción podría ser más grande que el predicho para el fragmento similar a DnaJ de tipo I. Por ejemplo, un oligonucleótido que codifica para un motivo de farnesilación podría fusionarse a una secuencia de polinucleótido similar a DnaJ de tipo I que codifica para un polipéptido similar a DnaJ de tipo I que originariamente carece de este motivo. La parte puede fusionarse a otra parte de una secuencia codificante de otro miembro de la familia de DnaJ de tipo I sustituyendo de ese modo los dominios entre los dos polipéptidos similares a DnaJ de tipo I originales. Por ejemplo el dominio CTD de un polipéptido similar a DnaJ de tipo I puede intercambiarse por el dominio CTD de otro polipéptido similar a DnaJ de tipo I.

Otra variante de un ácido nucleico/gen similar a DnaJ de tipo I es un ácido nucleico que puede hibridar en condiciones de rigurosidad reducidas, preferiblemente en condiciones de rigurosidad, con un ácido nucleico/gen similar a DnaJ de tipo I tal como se definió anteriormente en el presente documento, secuencia de hibridación que codifica para al menos el dominio J y el dominio de dedo de zinc rico en Cys de un polipéptido similar a DnaJ de tipo I. Una variante de este tipo comprende todos los dominios que caracterizan los polipéptidos similares a DnaJ de tipo I, desde el extremo amino terminal hasta el extremo carboxilo terminal, un dominio DnaJ, un dominio rico en G/F, un dominio de dedo de zinc rico en Cys y un dominio CTD, y adicionalmente un motivo CaaX.

Preferiblemente, la secuencia de hibridación es una que puede hibridar con un ácido nucleico tal como se representa por una cualquiera de SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51 SEQ ID NO: 53 o SEQ ID NO: 55 de la tabla 1 o con una parte de cualquier de las secuencias mencionadas anteriormente tal como se definió anteriormente en el presente documento.

El término "hibridación" tal como se define en el presente documento es un proceso en el que secuencias de nucleótidos sustancialmente homólogas se aparean entre sí. El proceso de hibridación puede producirse completamente en disolución, es decir ambos ácidos nucleicos complementarios están en disolución. El proceso de

hibridación también puede producirse con uno de los ácidos nucleicos complementarios inmovilizados en una matriz tal como perlas magnéticas, perlas de Sepharose o cualquier otra resina. El proceso de hibridación puede producirse además con uno de los ácidos nucleicos complementarios inmovilizado en un soporte sólido tal como una membrana de nitrocelulosa o nailon o inmovilizado mediante por ejemplo fotolitografía en, por ejemplo, un soporte de vidrio síliceo (conocido este último como matrices o micromatrices de ácidos nucleicos o como chips de ácidos nucleicos). Con el fin de permitir que se produzca la hibridación, las moléculas de ácido nucleico se desnaturalizan generalmente de forma térmica o química para fundir una doble cadena en dos cadenas sencillas y/o eliminar horquillas u otras estructuras secundarias de los ácidos nucleicos monocatenarios. La rigurosidad de la hibridación se ve influida por condiciones tales como temperatura, concentración salina, fuerza iónica y composición del tampón de hibridación.

Las “condiciones de hibridación rigurosas” y “condiciones de lavado de hibridación rigurosas” en el contexto de los experimentos de hibridación de ácidos nucleicos tales como hibridaciones de tipo Southern y Northern dependen de la secuencia y son diferentes en diferentes parámetros ambientales. El experto es consciente de que pueden alterarse diversos parámetros durante la hibridación y el lavado y que o bien se mantendrán o bien cambiarán las condiciones de rigurosidad.

La  $T_m$  es la temperatura a la fuerza iónica y el pH definidos, en la que el 50% de la secuencia diana hibrida con una sonda perfectamente apareada. La  $T_m$  depende las condiciones de disolución y la composición de base y la longitud de la sonda. Por ejemplo, las secuencias más largas hibridan específicamente a temperaturas superiores. La tasa de hibridación máxima se obtiene desde aproximadamente 16°C hasta 32°C por debajo de la  $T_m$ . La presencia de cationes monovalentes en la disolución de hibridación reduce la repulsión electrostática entre las dos cadenas de ácido nucleico promoviendo de ese modo la formación del híbrido; este efecto es visible para concentraciones de sodio de hasta 0,4 M. La formamida reduce la temperatura de fusión de dúplex ADN-ADN y ADN-ARN con de 0,6 a 0,7°C por cada porcentaje de formamida, y la adición de un 50% de formamida permite que se realice la hibridación a de 30 a 45°C, aunque se reducirá la tasa de hibridación. Los apareamientos erróneos de pares de base reducen la tasa de hibridación y la estabilidad térmica de los dúplex. En promedio y para sondas grandes, la  $T_m$  disminuye en aproximadamente 1°C por % de apareamiento erróneo de base. La  $T_m$  puede calcularse usando las siguientes ecuaciones, dependiendo de los tipos de híbridos:

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

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

2. Híbridos de ADN-ARN o ARN-ARN:

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

3. Híbridos de oligo-ADN u oligo-RNA<sup>d</sup>:

Para <20 nucleótidos:  $T_m = 2 (I_n)$

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

<sup>a</sup> o para otro catión monovalente, pero sólo preciso en el intervalo de 0,01-0,4 M.

<sup>b</sup> sólo preciso para el % de GC en el intervalo del 30% al 75%.

<sup>c</sup> L = longitud de dúplex en pares de base.

<sup>d</sup> Oligo, oligonucleótido;  $I_n$ , longitud eficaz de cebador =  $2X(n.^{\circ} \text{ de G/C}) + (n.^{\circ} \text{ de A/T})$ .

Nota: para cada 1% de formamida, la  $T_m$  se reduce en aproximadamente de 0,6 a 0,7°C, mientras que la presencia de urea 6 M reduce la  $T_m$  en aproximadamente 30°C.

La especificidad de hibridación es normalmente la función de lavados tras la hibridación. Para eliminar el fondo que resulta de la hibridación no específica, se lavan las muestras con soluciones salinas diluidas. Los factores críticos de tales lavados incluyen la fuerza iónica y la temperatura de la disolución de lavado final: cuanto más baja sea la concentración salina y más alta sea la temperatura de lavado, más alta será la rigurosidad del lavado. Las condiciones de lavado se llevan a cabo normalmente a o por debajo de la rigurosidad de hibridación. Generalmente, las condiciones de rigurosidad adecuadas para ensayos de hibridación de ácidos nucleicos o procedimientos de detección de amplificación génica son tal como se expusieron anteriormente. También pueden seleccionarse condiciones de rigurosidad superiores o inferiores. Generalmente, se seleccionan condiciones de rigurosidad bajas que son de aproximadamente 50°C menos que el punto de fusión térmico ( $T_m$ ) para la secuencia específica a una fuerza iónica y pH definidos. Las condiciones de rigurosidad medias son cuando la temperatura es de 20°C por debajo de la  $T_m$ , y las condiciones de rigurosidad altas son cuando la temperatura es de 10°C por debajo de la  $T_m$ . Por ejemplo, condiciones rigurosas son aquellas que son al menos tan rigurosas como, por ejemplo, las condiciones A-L; y condiciones de rigurosidad reducidas son al menos tan rigurosas como, por ejemplo, condiciones M-R. Puede controlarse la unión no específica usando una cualquiera de varias técnicas conocidas tales como, por ejemplo,

bloqueo de la membrana con disoluciones que contienen proteína, adiciones de ARN, ADN heterólogo, y SDS al tampón de hibridación, y el tratamiento con RNasa. A continuación se enumeran ejemplos de condiciones de lavado e hibridación en la tabla 2.

Tabla 2: Ejemplos de condiciones de hibridación y lavado

Condición de rigurosidad	Híbrido de polinucleótido <sup>±</sup>	Longitud de híbrido (pb) <sup>‡</sup>	Temperatura de hibridación y tampón <sup>†</sup>	Temperatura de lavado y tampón <sup>†</sup>
A	ADN:ADN	> o igual a 50	65°C 1 X SSC; o 42°C, 1 X SSC y 50% de formamida	65°C; 0,3 X SSC
B	ADN:ADN	<50	Tb*; 1 X SSC	Tb*; 1 X SSC
C	ADN:ARN	> o igual a 50	67°C 1 X SSC; o 45°C, 1 X SSC y 50% de formamida	67°C; 0,3 X SSC
D	ADN:ARN	<50	Td*; 1 X SSC	Td*; 1 X SSC
E	ARN:ARN	> o igual a 50	70°C 1 X SSC; o 50°C, 1 X SSC y 50% de formamida	70°C; 0,3 X SSC
F	ARN:ARN	<50	Tf*; 1 X SSC	Tf*; 1 X SSC
G	ADN:ADN	> o igual a 50	65°C o 45°C, 4 X SSC; o 4 X SSC y 50% de formamida	65°C; 1 X SSC
H	ADN:ADN	<50	Th*; 4 X SSC	Th*; 4 X SSC
I	ADN:ARN	> o igual a 50	67°C 4 X SSC; o 45°C, 4 X SSC y 50% de formamida	67°C; 1 X SSC
J	ADN:ARN	<50	Tj*; 4 X SSC	Tj*; 4 X SSC
K	ARN:ARN	> o igual a 50	70°C 4 X SSC; 40°C, 6 X SSC y 50% de formamida	67°C 1 X SSC
L	ARN:ARN	<50	T1*; 2 X SSC	T1*; 2 X SSC
M	ADN:ADN	> o igual a 50	50°C 4 X SSC; o 40°C, 6 X SSC y 50% de formamida	50°C; 2 X SSC
N	ADN:ADN	<50	Tn*; 6 X SSC	Tn*; 6 X SSC
O	ADN:ARN	> o igual a 50	55°C 4 X SSC; o 42°C, 6 X SSC y 50% de formamida	55°C; 2 X SSC

(continuación)

Condición de rigurosidad	Híbrido de polinucleótido <sup>±</sup>	Longitud de híbrido (pb) <sup>±</sup>	Temperatura de hibridación y tampón <sup>†</sup>	Temperatura de lavado y tampón <sup>†</sup>
P	ADN:ARN	<50	Tp*; 6 X SSC	Tp*; 6 X SSC
Q	ARN:ARN	> o igual a 50	60°C 4 X SSC; o 45°C, 6 X SSC y 50% de formamida	60°C.; 2 X SSC
R	ARN:ARN	<50	Tr*; 6 X SSC	Tr*; 4 X SSC

<sup>±</sup> La "longitud del híbrido" es la longitud prevista para el ácido nucleico de hibridación. Cuando se hibridan ácidos nucleicos de secuencia conocida, la longitud del híbrido puede determinarse alineando las secuencias e identificando las regiones conservadas descritas en el presente documento.

<sup>†</sup> SSPE (1 X SSPE es NaCl 0,15 M, NaH<sub>2</sub>PO<sub>4</sub> 10 mM, y EDTA 1,25 mM, pH 7,4) puede sustituir a SSC (1 X SSC es NaCl 0,15 M y citrato de sodio 15 mM) en los tampones de hibridación y lavado; los lavados se realizan durante 15 minutos tras completarse la hibridación. Las hibridaciones y lavados pueden incluir adicionalmente 5 X reactivo de Denhardt, 0,5-1,0% de SDS, 100 µg/ml DE ADN de esperma de salmón fragmentado desnaturalizado, 0,5% de pirofosfato de sodio y hasta el 50% de formamida.

\* Tb-Tr: la temperatura de hibridación para los híbridos que se prevé que van a ser inferiores a 50 pares de base de longitud debe ser de 5-10°C menos que la temperatura de fusión T<sub>m</sub> de los híbridos; la T<sub>m</sub> se determina según las ecuaciones mencionadas anteriormente. La presente invención también abarca la sustitución de una cualquiera, o más parejas de híbridos de ADN o ARN con o bien un PNA, o bien un ácido nucleico modificado.

5 Para los fines de definición del nivel de rigurosidad, puede hacerse referencia a Sambrook *et al.*, (2001) Molecular Cloning: a laboratory manual, 3ª edición Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, Nueva York o a Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, N.Y. (1989).

10 Un ácido nucleico similar a DnaJ de tipo I puede derivarse de cualquier fuente natural o artificial. Este ácido nucleico puede modificarse con respecto a su forma nativa en composición y/o entorno genómico mediante manipulación humana deliberada. El ácido nucleico es o bien de origen procariota o bien eucariota, procede de una fuente microbiana, tal como levaduras u hongos, o procede de una fuente vegetal, de algas o animal (incluyendo el ser humano). Preferiblemente, el ácido nucleico es de origen eucariota. El ácido nucleico es preferiblemente además de origen vegetal, ya sea de la misma especie de planta (por ejemplo la misma que en la que se va introducir) o de una especie de planta diferente. El ácido nucleico puede aislarse de una especie monocotiledónea, preferiblemente de la familia *Poaceae*, preferiblemente además de *Oryza sativa*. Más preferiblemente, el ácido nucleico similar a DnaJ de tipo I aislado de *Oryza sativa* está representado por SEQ ID NO: 1 y la secuencia de aminoácidos similar a DnaJ de tipo I es tal como se representa por SEQ ID NO: 2.

15 Puede además aumentarse la actividad de un polipéptido similar a DnaJ de tipo I o un homólogo del mismo introduciendo una modificación genética (preferiblemente en el locus de un gen similar a DnaJ de tipo I). El locus de un gen tal como se define en el presente documento quiere decir una región genómica, que incluye el gen de interés y 10KB en el sentido de 5' ó 3' de la región codificante.

20 La modificación genética puede introducirse, por ejemplo, mediante uno cualquiera (o más) de los siguientes métodos: activación por T-ADN, TILLING, mutagénesis dirigida al sitio, evolución dirigida y recombinación homóloga. Tras la introducción de la modificación genética, sigue una etapa opcional de selección de actividad aumentada en el citosol de una célula vegetal de un polipéptido similar a DnaJ de tipo I, aumento en actividad que proporciona plantas que tienen un rendimiento vegetal aumentado en condiciones sin estrés.

25 El marcado de la activación por T-ADN (Hayashi *et al.*, Science (1992) 1350-1353) implica la inserción de T-ADN que contiene habitualmente un promotor (también puede ser un potenciador de la traducción o un intrón), en la región genómica del gen de interés o 10 KB en el sentido de 5' ó 3' de la región codificante de un gen en una configuración tal que el promotor dirija la expresión del gen seleccionado como diana. Normalmente, la regulación de la expresión del gen seleccionado como diana mediante su promotor natural se ve alterada y el gen cae bajo el control del promotor recién introducido. El promotor normalmente está incluido en un T-ADN. Este T-ADN se inserta al azar en el genoma vegetal, por ejemplo, mediante infección por *Agrobacterium* y conduce a la sobreexpresión de genes cercanos al T-ADN insertado. Las plantas transgénicas resultantes muestran fenotipos dominantes debido a la sobreexpresión de genes próximos al promotor introducido. El promotor que va introducirse puede ser cualquier promotor que puede dirigir la expresión de un gen en el organismo deseado, en este caso una planta. Por ejemplo, los promotores constitutivos, específicos de tejido, específicos de tipo celular e inducibles son todos adecuados para



su uso en la activación por T-ADN. Preferiblemente, el promotor es uno que puede dirigir la expresión del gen en tejido de semilla vegetal.

También puede introducirse una modificación genética en el locus de un gen similar a DnaJ de tipo I usando la técnica de TILLING (de sus siglas en inglés "*Targeted Induced Local Lesions in Genomes*", detección de lesiones locales inducidas en genomas). Se trata de una tecnología de mutagénesis útil para generar y/o identificar, y para aislar finalmente variantes sometidas a mutagénesis aisladas de un ácido nucleico similar a DnaJ de tipo I que puede presentar actividad similar a DnaJ. TILLING también permite la selección de plantas que llevan tales variantes mutantes. Estas variantes mutantes pueden presentar incluso actividad similar a DnaJ superior que la presentada por el gen en su forma natural. TILLING combina la mutagénesis de alta densidad con métodos de selección de alto rendimiento. Las etapas seguidas normalmente en TILLING son: (a) mutagénesis con EMS (Redei GP y Koncz C (1992) en *Methods in Arabidopsis Research*, Koncz C, Chua NH, Schell J, eds. Singapur, World Scientific Publishing Co, págs. 16-82; Feldmann *et al.*, (1994) en Meyerowitz EM, Somerville CR, eds, *Arabidopsis*. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, págs. 137-172; Lightner J y Caspar T (1998) en J Martinez-Zapater, J Salinas, eds, *Methods in Molecular Biology*, vol. 82. Human Press, Totowa, NJ, págs. 91-104); (b) preparación del ADN y reunión de moléculas individuales; (c) amplificación por PCR de una región de interés; (d) desnaturalización y apareamiento para permitir la formación de heterodúplex; (e) DHPLC, en el que se detecta la presencia de un heterodúplex en un conjunto como un pico extra en el cromatograma; (f) identificación de la molécula individual mutante; y (g) secuenciación del producto de PCR mutante. En la técnica se conocen bien los métodos para TILLING (McCallum *et al.*, (2000) *Nat Biotechnol* 18: 455-457; revisado por Stemple (2004) *Nat Rev Genet* 5(2): 145-50).

Puede usarse mutagénesis dirigida al sitio para generar variantes de ácidos nucleicos similares a DnaJ de tipo I o partes de los mismos. Varios métodos están disponibles para lograr la mutagénesis dirigida al sitio, siendo los más comunes los métodos basados en PCR (Current Protocols in Molecular Biology. Wiley Eds. <http://www.4ulr.com/products/currentprotocols/index.html>).

Puede usarse evolución dirigida que consiste en repeticiones de transposiciones de ADN seguido por detección y/o selección apropiadas para generar variantes de ácidos nucleicos similares a DnaJ de tipo I o partes de los mismos que codifican para polipéptidos similares a DnaJ de tipo I tal como se describió anteriormente que tienen una actividad biológica aumentada (Castle *et al.*, (2004) *Science* 304(5674): 1151-4; patentes estadounidenses 5.811.238 y 6.395.547).

La activación por T-ADN, TILLING, la mutagénesis dirigida al sitio y la evolución dirigida son ejemplos de tecnologías que permiten la generación de alelos y variantes similares a DnaJ de tipo I novedosos.

La recombinación homóloga permite la introducción en un genoma de un ácido nucleico seleccionado en una posición seleccionada definida. La recombinación homóloga es una tecnología convencional usada de manera rutinaria en ciencias biológicas para organismos inferiores tales como levadura y el musgo *Physcomitrella*. Se han descrito métodos para realizar recombinación homóloga en plantas no sólo para plantas modelo (Offringa *et al.*, (1990) *EMBO J* 9(10): 3077-84) sino también para plantas de cultivo, por ejemplo arroz (Terada *et al.*, (2002) *Nat Biotech* 20(10): 1030-4; Iida y Terada (2004) *Curr Opin Biotech* 15(2):132-8). El ácido nucleico que va a dirigirse (que puede ser un ácido nucleico similar a DnaJ de tipo I o variante del mismo tal como se definió anteriormente en el presente documento) se dirige al locus de un gen similar a DnaJ de tipo I. El ácido nucleico que va a dirigirse puede ser un alelo mejorado usado para sustituir el gen endógeno o puede introducirse además del gen endógeno.

Según la presente invención, se aumenta el rendimiento de semillas de plantas transformando una planta con un constructo que comprende un ácido nucleico exógeno que codifica para un polipéptido similar a DnaJ de tipo I tal como se define en la reivindicación 1 y que expresa dicho ácido nucleico. El ácido nucleico que va a introducirse en una planta puede ser un ácido nucleico de longitud completa o puede ser una parte o una secuencia de hibridación tal como se definió anteriormente en el presente documento.

El término "exógeno" tal como se define en el presente documento se refiere a un gen/ácido nucleico aislado, que puede provenir de especies de plantas iguales o diferentes, por ejemplo un gen/ácido nucleico de arroz aislado introducido y/o expresado en una planta de arroz es "exógeno" según la definición anterior.

Los "homólogos" de una proteína abarcan péptidos, oligopéptidos, polipéptidos, proteínas y enzimas que tienen sustituciones, deleciones y/o inserciones de aminoácidos con respecto a la proteína no modificada en cuestión y tienen actividad biológica y funcional similar como la proteína no modificada de la cual derivan. Para producir tales homólogos, pueden sustituirse los aminoácidos de la proteína por otros aminoácidos que tienen propiedades similares (tal como hidrofobicidad, hidrofiliidad, antigenicidad, propensión a formar o romper estructuras de  $\alpha$ -hélice o estructuras de láminas  $\beta$  similares). En la técnica se conocen bien las tablas de sustitución conservativa (véase por ejemplo Creighton (1984) *Proteins*. W.H. Freeman and Company). La tabla 3 a continuación proporciona ejemplos de sustituciones de aminoácidos conservados.

Tabla 3: Ejemplos de sustituciones de aminoácidos conservadas

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

Los homólogos incluyen ortólogos y parálogos, que abarcan conceptos evolutivos usados para describir relaciones ancestrales de genes. Los parálogos son genes dentro de la misma especie que se han originado mediante la duplicación de un gen ancestral y los ortólogos son genes procedentes de diferentes organismos que se han originado mediante especiación.

Los ortólogos en, por ejemplo, especies de plantas monocotiledóneas puede encontrarse fácilmente realizando una denominada búsqueda en blast recíproca. Esto puede realizarse mediante un primer blast que implica una secuencia de consulta (por ejemplo, SEQ ID NO: 1 o SEQ ID NO: 2) frente a cualquier base de datos de secuencias, tal como la base de datos de NCBI disponible al público que puede encontrarse en: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>. Puede usarse BLASTN o TBLASTX (usando valores por defecto convencionales) cuando se empiece a partir de una secuencia de nucleótidos y puede usarse BLASTP o TBLASTN (usando valores por defecto convencionales) cuando se empiece a partir de una secuencia proteica. Opcionalmente pueden filtrarse los resultados de BLAST. Entonces se someten a BLAST nuevamente (segundo BLAST) las secuencias de longitud completa de o bien los resultados filtrados o bien los no filtrados frente a las secuencias del organismo de la cual se deriva la secuencia de consulta (siendo la secuencia de consulta SEQ ID NO: 1 o SEQ ID NO: 2, por tanto el segundo blast estaría frente a las secuencias de arroz). Entonces se comparan los resultados del BLAST primero y segundo. Se identifica un parálogo si una coincidencia de alto impacto del segundo blast proviene de la misma especie de la que se deriva la secuencia de consulta; se identifica un ortólogo si una coincidencia de alto impacto no proviene de la misma especie de la que se deriva la secuencia de consulta. Coincidencias de alto impacto son las que tienen un valor de E bajo. Cuanto más bajo sea el valor de E, más significativa es la puntuación (o en otras palabras, menor es la posibilidad de que se encuentre la coincidencia por casualidad). Se conoce bien en la técnica el cálculo del valor de E. En el caso de familias grandes, puede usarse ClustalW, seguido por un árbol de unión por proximidad, para ayudar a visualizar el agrupamiento de genes relacionados y para identificar ortólogos y parálogos.

Un homólogo puede estar en la forma de una “variante de sustitución” de una proteína, es decir en el que se ha eliminado al menos un residuo en una secuencia de aminoácidos y se ha insertado un residuo diferente en su lugar. Normalmente las sustituciones de aminoácidos son de residuos individuales, pero pueden agruparse dependiendo de las limitaciones funcionales del polipéptido; las inserciones habitualmente serán del orden de aproximadamente 1 a 10 residuos de aminoácidos. Preferiblemente, las sustituciones de aminoácidos comprenden sustituciones de aminoácidos conservativas (véase la tabla 3 anterior).

Un homólogo también puede estar en la forma de una “variante de inserción” de una proteína, es decir en el que se introducen uno o más residuos de aminoácidos en un sitio predeterminado en una proteína. Las inserciones pueden comprender fusiones de extremo amino terminal y/o extremo carboxilo terminal así como inserciones dentro de una secuencia de un único o múltiples aminoácidos. Generalmente, las inserciones dentro de las secuencias de aminoácidos serán más pequeñas que las fusiones de extremo amino o extremo carboxilo terminal, del orden de aproximadamente 1 a 10 residuos. Ejemplos de proteínas o péptidos de fusión de extremo amino o extremo carboxilo terminal incluyen el dominio de unión o el dominio de activación de un activador de la transcripción tal como se usa en el sistema de dos híbridos de levadura, proteínas de la envuelta de fagos, cola de 6 (histidinas), cola de glutatión S-transferasa, proteína A, proteína de unión a maltosa, dihidrofolato reductasa, epítipo de Tag-100,

epítipo de c-myc, epítipo de FLAG®, lacZ, CMP (péptido de unión a calmodulina), epítipo de HA, epítipo de proteína C y epítipo de VSV.

Los homólogos en la forma de “variantes de delección” de una proteína se caracterizan por la eliminación de uno o más aminoácidos de una proteína. Un ejemplo de una variante de delección de este tipo es eliminar las secuencias de direccionamiento a mitocondrias o plastidios de las proteínas similares a DnaJ de tipo I dirigidas de otro modo a estos orgánulos.

Las variantes de aminoácidos de una proteína pueden prepararse fácilmente usando técnicas de síntesis de péptidos bien conocidas en la técnica, tales como síntesis de péptidos en fase sólida y similares, o mediante manipulación de ADN recombinante. En la técnica se conocen bien los métodos para la manipulación de secuencias de ADN para producir variantes de sustitución, inserción o delección de una proteína. Por ejemplo, los expertos en la técnica conocen bien las técnicas para realizar mutaciones por sustitución en sitios predeterminados en el ADN e incluyen mutagénesis de M13, mutagénesis *in vitro* del gen de T7 (USB, Cleveland, OH), mutagénesis dirigida al sitio QuickChange (Stratagene, San Diego, CA), mutagénesis dirigida al sitio mediada por PCR u otros protocolos de mutagénesis dirigida al sitio.

El polipéptido similar a DnaJ de tipo I puede ser un derivado. Los “derivados” incluyen péptidos, oligopéptidos, polipéptidos, proteínas y enzimas que pueden comprender sustituciones, delecciones o adiciones de residuos de aminoácidos que se producen de forma natural o no natural en comparación con la secuencia de aminoácidos de una forma de la proteína que se produce de forma natural, por ejemplo, tal como se presenta en SEQ ID NO: 2. Los “derivados” de una proteína abarcan péptidos, oligopéptidos, polipéptidos y enzimas que pueden comprender residuos de aminoácidos alterados, glicosilados, acilados, prenilados que se producen de forma natural o que no se producen de forma natural en comparación con la secuencia de aminoácidos de una forma del polipéptido que se produce de forma natural. Un derivado también puede comprender uno o más sustituyentes de aminoácidos en comparación con la secuencia de aminoácidos de la que se deriva, por ejemplo una molécula indicadora u otro ligando, unido covalente o no covalentemente a la secuencia de aminoácidos, tal como una molécula indicadora que se une para facilitar su detección, y residuos de aminoácidos que no se producen de forma natural con respecto a la secuencia de aminoácidos de una proteína que no se produce de forma natural.

El polipéptido similar a DnaJ de tipo I puede estar codificado por una variante de corte y empalme alternativa de un ácido nucleico/gen similar a DnaJ de tipo I. La expresión “variante de corte y empalme alternativa” tal como se usa en el presente documento abarca variantes de una secuencia de ácido nucleico en la que se han escindido, sustituido o añadido intrones y/o exones seleccionados, o en la que se han acortado o alargado intrones. Tales variantes serán unas en las que se conserva la actividad biológica de la proteína, lo que puede lograrse conservando selectivamente segmentos funcionales de la proteína. Tales variantes de corte y empalme pueden encontrarse en la naturaleza o pueden prepararse por el hombre. Los métodos para preparar tales variantes de corte y empalme se conocen bien en la técnica. Debe entenderse que las variantes de corte y empalme que codifican para un polipéptido que es un polipéptido similar a DnaJ de tipo I comprenden un motivo CaaX en su extremo carboxilo terminal y comprenden adicionalmente, desde el extremo amino terminal hasta el extremo carboxilo terminal, (i) un dominio J con referencia de InterPro IPR001623; (ii) una región de dominio G/F de aproximadamente 30 residuos de aminoácidos, rico en glicina (G) y fenilalanina (F); (iii) un dominio de dedo de zinc rico en Cys que contiene cuatro repeticiones de CXXCXGXG, en el que X representa un residuo cargado o polar (referencia de InterPro IPR001305); y (iv) un dominio carboxilo terminal (CTD; referencia de InterPro IPR002939).

El homólogo también puede estar codificado por una variante alélica de un ácido nucleico que codifica para un polipéptido similar a DnaJ de tipo I o un homólogo del mismo, preferiblemente una variante alélica del ácido nucleico representada por SEQ ID NO: 1. Preferiblemente además, el polipéptido codificado por la variante alélica es un polipéptido similar a DnaJ de tipo I, comprendiendo el polipéptido similar a DnaJ de tipo I un motivo CaaX en su extremo carboxilo terminal y comprendiendo adicionalmente, desde el extremo amino terminal hasta el extremo carboxilo terminal, (i) un dominio J con referencia de InterPro IPR001623; (ii) una región de dominio G/F de aproximadamente 30 residuos de aminoácidos, rico en glicina (G) y fenilalanina (F); (iii) un dominio de dedo de zinc rico en Cys que contiene cuatro repeticiones de CXXCXGXG, en el que X representa un residuo cargado o polar (referencia de InterPro IPR001305); y (iv) un dominio carboxilo terminal (CTD; referencia de InterPro IPR002939).

Las variantes alélicas existen en la naturaleza, y dentro de los métodos de la presente invención se abarca el uso de estos alelos naturales. Las variantes alélicas abarcan polimorfismos de un solo nucleótido (SNP), así como polimorfismos pequeños de inserción/delección (INDEL). El tamaño de los INDEL es habitualmente inferior a 100 pb. Los SNP y los INDEL forman el conjunto más grande de variantes de secuencia en cepas polimórficas que se producen de forma natural en la mayoría de organismos.

Según un aspecto preferido de la presente invención, se prevé la expresión potenciada o aumentada del ácido nucleico similar a DnaJ de tipo I o variante del mismo. Los métodos para obtener la expresión potenciada o aumentada de genes o productos génicos están bien documentados en la técnica e incluyen, por ejemplo, la sobreexpresión dirigida por promotores apropiados, el uso de potenciadores de la transcripción o potenciadores de la traducción. Los ácidos nucleicos aislados que sirven como elementos promotores o potenciadores pueden introducirse en una posición apropiada (normalmente en el sentido de 5') de una forma no heteróloga de un

polinucleótido de modo que se regule por aumento la expresión de un ácido nucleico similar a DnaJ de tipo I o variante del mismo. Por ejemplo, pueden alterarse *in vivo* promotores endógenos por mutación, delección y/o sustitución (véase, Kmiec, patente estadounidense n.º 5.565.350; Zarling *et al.*, documento PCT/US93/03868), o pueden introducirse promotores aislados en una célula vegetal en la orientación y distancia apropiadas de un gen de la presente invención de modo que se controle la expresión del gen.

Si se desea la expresión del polipéptido, generalmente es deseable que incluya una región de poliadenilación en el extremo 3' de una región codificante del polinucleótido. La región de poliadenilación puede derivarse del gen natural, de una variedad de otros genes vegetales o de T-ADN. La secuencia de extremo 3' que va a añadirse puede derivarse de, por ejemplo, los genes de nopalina sintasa u octopina sintasa, o alternativamente de otro gen vegetal, o menos preferiblemente de cualquier otro gen eucariota.

También puede añadirse una secuencia intrónica a la región no traducida en 5' o a la secuencia codificante de la secuencia codificante parcial para aumentar la cantidad del mensaje maduro que se acumula en el citosol. Se ha demostrado que la inclusión de un intrón que puede experimentar corte y empalme en la unidad de transcripción tanto en constructos de expresión de plantas como de animales aumenta la expresión génica tanto en los niveles de ARNm como de proteína hasta 1000 veces, Buchman y Berg, *Mol. Cell Biol.* 8:4395-4405 (1988); Callis *et al.*, *Genes Dev.* 1:1183-1200 (1987). Tal potenciación intrónica de la expresión génica normalmente es superior cuando se coloca cerca del extremo 5' de la unidad de transcripción. En la técnica se conoce el uso de los intrones del maíz intrón Adh1-S 1, 2 y 6, el intrón Bronze-1. Véase generalmente, *The maize Handbook*, capítulo 116, Freeling y Walbot, Eds., Springer, N.Y. (1994).

La invención también proporciona un constructo génico que comprende:

- (i) un ácido nucleico o variante del mismo que codifica para un polipéptido similar a DnaJ de tipo I, comprendiendo el polipéptido similar a DnaJ de tipo I u homólogo del mismo un motivo CaaX en su extremo carboxilo terminal y comprendiendo adicionalmente, desde el extremo amino terminal hasta el extremo carboxilo terminal, (i) un dominio J con referencia de InterPro IPR001623; (ii) una región de dominio G/F de aproximadamente 30 residuos de aminoácidos, rico en glicina (G) y fenilalanina (F); (iii) un dominio de dedo de zinc rico en Cys que contiene cuatro repeticiones de CXXCXGXG, en el que X representa un residuo cargado o polar (referencia de InterPro IPR001305); y (iv) un dominio carboxilo terminal (CTD; referencia de InterPro IPR002939); y
- (ii) una o más secuencias de control que pueden dirigir la expresión de la secuencia de ácido nucleico de (i) en una semilla de planta y que comprenden un promotor RP6 de prolamina de arroz; y opcionalmente
- (iii) una secuencia de terminación de la transcripción.

Los constructos útiles en los métodos según la presente invención pueden construirse usando tecnología de ADN recombinante bien conocida por los expertos en la técnica. Los constructos génicos pueden insertarse en vectores, que pueden estar disponibles comercialmente, ser adecuados para transformar en plantas y adecuados para la expresión del gen de interés en las células transformadas.

Las plantas se transforman con un vector que comprende la secuencia de interés (es decir, ácido nucleico o variante del mismo que codifica para un polipéptido similar a DnaJ de tipo I u homólogo del mismo que comprende un motivo CaaX en su extremo carboxilo terminal). La secuencia de interés está operativamente unida a una o más secuencias de control (al menos a un promotor). Las expresiones "elemento regulador", "secuencia de control" y "promotor" se usan todas de forma intercambiable en el presente documento y han de considerarse en un contexto amplio para hacer referencia a secuencias de ácido nucleico reguladoras que pueden llevar a cabo la expresión de las secuencias a las que se unen. Las expresiones mencionadas anteriormente abarcan secuencias reguladoras de la transcripción derivadas de un gen genómico eucariota (que incluyen la caja TATA que se requiere para el inicio preciso de la transcripción, con o sin una secuencia de caja CCAAT) y elementos reguladores adicionales (es decir silenciadores, potenciadores y secuencias de activación en el sentido de 5') que alteran la expresión génica en respuesta a estímulos de desarrollo y/o externos, o de una manera específica de tejido. También se incluye dentro de la expresión una secuencia reguladora de la transcripción de un gen procariota clásico, en cuyo caso puede incluir una secuencia de caja -35 y/o secuencias reguladoras de la transcripción de caja -10. La expresión "elemento regulador" también abarca una molécula de fusión sintética o derivado que confiere, activa o potencia la expresión de una molécula de ácido nucleico en una célula, tejido u órgano. La expresión "operativamente unido" tal como se usa en el presente documento se refiere a un ligamiento funcional entre la secuencia promotora y el gen de interés, de modo que la secuencia promotora puede iniciar la transcripción del gen de interés.

De manera ventajosa, puede usarse cualquier tipo de promotor, ya sea natural o sintético, para dirigir la expresión de la secuencia del ácido nucleico. Preferiblemente, el promotor es un promotor específico de tejido, es decir uno que puede iniciar preferentemente la transcripción en determinados tejidos, tales como las hojas, las raíces, tejido de semilla, etc. Particularmente se prefieren los promotores derivados de plantas, especialmente promotores específicos de tejido derivados de planta. La expresión "específico de tejido" tal como se define en el presente documento se refiere a un promotor que se expresa predominantemente en al menos un tejido u órgano vegetal, pero que puede tener expresión residual en cualquier parte de la planta debido a la expresión con pérdidas del

promotor. Preferiblemente además, el promotor específico de tejido es un promotor específico de semilla, más particularmente un promotor aislado de un gen que codifica para una proteína de almacenamiento en semillas, especialmente un promotor específico de endospermo. Lo más preferiblemente se aísla el promotor específico de endospermo de un gen de prolamina, tal como un promotor de prolamina de arroz RP6 (Wen *et al.*, (1993) Plant Physiol 101(3): 1115-6) tal como se representa por SEQ ID NO: 57, o un promotor de potencia similar y/o un promotor con un patrón de expresión similar que el promotor de prolamina de arroz. Puede analizarse la potencia similar y/o el patrón de expresión similar, por ejemplo, acoplando los promotores a un gen indicador y comprobando la función el gen indicador en los tejidos de la planta. Un gen indicador bien conocido es beta-glucuronidasa y la tinción colorimétrica GUS usada para visualizar la actividad beta-glucuronidasa en tejido vegetal. Debe quedar claro que no se restringe la aplicabilidad de la presente invención al ácido nucleico similar a DnaJ de tipo I representado por SEQ ID NO: 1, ni se restringe la aplicabilidad de la invención a la expresión de un ácido nucleico similar a DnaJ de tipo I cuando se activa mediante un promotor de prolamina.

Ejemplos de promotores específicos de semillas se presentan en la tabla 4, cuyos promotores y derivados de los mismos son útiles en la realización de los métodos tal como se dan a conocer en el presente documento. Debe entenderse que la lista a continuación no es exhaustiva.

Tabla 4: Ejemplos de promotores específicos de semillas para su uso en la presente invención

FUENTE DEL GEN	PATRÓN DE EXPRESIÓN	REFERENCIA
genes específicos de semillas	semilla	Simon, <i>et al.</i> , Plant Mol. Biol. 5: 191, 1985; Scofield, <i>et al.</i> , J. Biol. Chem. 262: 12202, 1987; Baszczynski, <i>et al.</i> , Plant Mol. Biol. 14: 633, 1990.
albúmina de nuez de Brasil	semilla	Pearson, <i>et al.</i> , Plant Mol. Biol. 18: 235-245, 1992.
legúmina	semilla	Ellis, <i>et al.</i> , Plant Mol. Biol. 10: 203-214, 1988.
glutelina (arroz)	semilla	Takaiwa, <i>et al.</i> , Mol. Gen. Genet. 208: 15-22, 1986; Takaiwa, <i>et al.</i> , FEBS Letts. 221: 43-47, 1987.
zeína	semilla	Matzke <i>et al.</i> , Plant Mol Biol, 14(3): 323-32, 1990.
napA	semilla	Stalberg, <i>et al.</i> , Planta 199: 515- 519 , 1996.
glutenina-1 de AMP y BMP de trigo	endospermo	Mol Gen Genet 216:81-90, 1989; NAR 17: 461-2, 1989.
SPA de trigo	semilla	Albani <i>et al.</i> , Plant Cell, 9: 171-184, 1997.
$\alpha,\beta,\gamma$ -gliadinas de trigo	endospermo	EMBO 3:1409-15, 1984.
promotor de <i>ltr1</i> de cebada	endospermo	

(continuación)

FUENTE DEL GEN	PATRÓN DE EXPRESIÓN	REFERENCIA
hordeína B1, C, D, de cebada	endospermo	Theor Appl Gen 98:1253-62, 1999; Plant J 4: 343-55, 1993; Mol Gen Genet 250:750-60, 1996.
DOF de cebada	endospermo	Mena <i>et al.</i> , The Plant Journal, 116(1): 53-62, 1998.
<i>blz2</i>	endospermo	Documento EP99106056.7
promotor sintético	endospermo	Vicente-Carbajosa <i>et al.</i> , Plant J. 13: 629-640, 1998.
prolamina NRP33 de arroz	endospermo	Wu <i>et al.</i> , Plant Cell Physiology 39(8) 885-889, 1998.
$\alpha$ -globulina de arroz Glb-1	endospermo	Wu <i>et al.</i> , Plant Cell Physiology 39(8) 885-889, 1998.
OSH1 de arroz	embrión	Sato <i>et al.</i> , Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 93: 8117-8122, 1996.
$\alpha$ -globulina de arroz REB/OHP-1	endospermo	Nakase <i>et al.</i> , Plant Mol. Biol. 33: 513-522, 1997.
ADP-glucosa de arroz PP	endospermo	Trans Res 6:157-68, 1997.
familia génica ESR de maíz	endospermo	Plant J 12:235-46, 1997.
$\gamma$ -kafirina de sorgo	endospermo	PMB 32:1029-35, 1996.
KNOX	embrión	Postma-Haarsma <i>et al.</i> , Plant Mol. Biol. 39: 257-71, 1999.
oleosina de arroz	embrión y aleurona	Wu <i>et al.</i> , J. Biochem., 123:386, 1998.
oleosina de girasol	semilla (embrión y semilla seca)	Cummins <i>et al.</i> , Plant Mol. Biol. 19: 873-876, 1992.

Opcionalmente, también pueden usarse una o más secuencias terminadoras en el constructo introducido en una planta. El término "terminador" abarca una secuencia de control que es una secuencia de ADN en el extremo de una unidad de transcripción que señala procesamiento en 3' y poliadenilación de un transcrito primario y terminación de la transcripción. Elementos reguladores adicionales pueden incluir también potenciadores de la transcripción y de la traducción. Los expertos en la técnica conocen las secuencias terminadoras y potenciadoras que pueden ser adecuadas en la realización de la invención. Un experto en la técnica conocería tales secuencias o podría obtenerlas fácilmente.

Los constructos genéticos tal como se dan a conocer en el presente documento pueden incluir adicionalmente una secuencia de origen de replicación que se requiere para el mantenimiento y/o la replicación en un tipo de célula específico. Un ejemplo es cuando se requiere un constructo genético que va a mantenerse en una célula bacteriana como un elemento genético episómico (por ejemplo molécula de plásmido o cósmido). Los orígenes de replicación preferidos incluyen, pero no se limitan a, el f1-ori y colE1.

El constructo genético puede comprender opcionalmente un gen marcador seleccionable. Tal como se usa en el presente documento, la expresión "gen marcador seleccionable" incluye cualquier gen que confiere un fenotipo en una célula en la que éste se expresa para facilitar la identificación y/o selección de células que se transfectan o transforman con un constructo de ácido nucleico de la invención. Pueden seleccionarse marcadores adecuados a partir de marcadores que confieren resistencia a antibióticos o a herbicidas, que introducen un nuevo rasgo metabólico o que permiten la selección visual. Ejemplos de genes marcadores seleccionables incluyen genes que confieren resistencia a antibióticos (tal como nptII que fosforila la neomicina y la kanamicina, o hptII, que fosforila la higromicina), a herbicidas (por ejemplo bar que proporciona resistencia a Basta; aroA o gox que proporciona resistencia a glifosato), o los genes que proporcionan un rasgo metabólico (tal como manA que permite que las plantas usen manosa como única fuente de carbono). Los genes marcadores visuales dan como resultado la formación de color (por ejemplo  $\beta$ -glucuronidasa, GUS), luminiscencia (tal como luciferasa) o fluorescencia (proteína

fluorescente verde, GFP, y derivados de la misma).

La presente invención también abarca plantas tal como se define en las reivindicaciones 9 y 10.

La invención también proporciona un método para la producción de plantas transgénicas que tienen rendimiento de semillas aumentado cuando se hacen crecer en condiciones de crecimiento normales, que comprende transformar una planta definida en la reivindicación 1.

El constructo puede introducirse directamente en una célula vegetal o en la propia planta (incluyendo la introducción en un tejido, órgano o cualquier otra parte de una planta). El ácido nucleico se introduce en una planta mediante transformación.

El término "transformación" tal como se hace referencia en el presente documento abarca la transferencia de un polinucleótido exógeno en una célula huésped, independientemente del método usado para la transferencia. El tejido vegetal que puede someterse a propagación clonal posterior, ya sea mediante organogénesis o embriogénesis, puede transformarse con un constructo genético de la presente invención y regenerarse una planta completa a partir del mismo. El tejido particular elegido variará dependiendo de los sistemas de propagación clonal disponibles para, y que mejor se adapten a, la especie particular que está transformándose. Dianas tisulares a modo de ejemplo incluyen discos de hojas, polen, embriones, cotiledones, hipocótilos, megagametofitos, tejido calloso, tejido meristemático existente (por ejemplo, meristemo apical, yemas axilares y meristemos radiculares), y tejido meristemático inducido (por ejemplo, meristemo de cotiledón y meristemo de hipocótilo). El polinucleótido puede introducirse de manera transitoria o estable en una célula huésped y mantenerse no integrado, por ejemplo, como un plásmido. Alternativamente, puede integrarse en el genoma del huésped. La célula vegetal transformada resultante puede usarse entonces para regenerar una planta transformada de una manera conocida por los expertos en la técnica.

La transformación de especies de plantas es en la actualidad una técnica bastante rutinaria. De manera ventajosa, puede usarse cualquiera de varios métodos de transformación para introducir el gen de interés en una célula antecesora adecuada. Los métodos de transformación incluyen el uso de liposomas, electroporación, productos químicos que aumentan la captación de ADN libre, inyección del ADN directamente en la planta, bombardeo con pistola de partículas, transformación usando virus o polen y microproyección. Los métodos pueden seleccionarse del método de calcio/polietylenglicol para protoplastos (Krens FA *et al.*, (1982) Nature 296, 72-74; Negrutiu *et al.*, (1987) Plant Mol Biol 8: 363-373); electroporación de protoplastos (Shillito RD *et al.*, 1985 Bio/Technol 3, 1099-1102); microinyección en material vegetal (Crossway A *et al.*, (1986) Mol. Gen Genet 202: 179-185); bombardeo de partículas recubiertas con ADN o ARN (Klein TM *et al.*, (1987) Nature 327: 70) infección con virus (no integrativos) y similares. Se producen preferiblemente plantas de arroz transgénicas que expresan un gen/ácido nucleico similar a DnaJ de tipo I mediante transformación mediada por *Agrobacterium* usando cualquiera de los métodos bien conocidos para la transformación del arroz, tal como se describe en cualquiera de los siguientes: solicitud de patente europea publicada EP 1198985 A1, Aldemita y Hodges (Planta 199: 612-617, 1996); Chan *et al.*, (Plant Mol Biol 22 (3): 491-506, 1993), Hiei *et al.*, (Plant J 6 (2): 271-282, 1994), cuyas descripciones se incorporan como referencia en el presente documento como si se expusieran completamente. En el caso de la transformación del maíz, el método preferido es tal como se describe en o bien Ishida *et al.*, (Nat. Biotechnol 14(6): 745-50, 1996) o bien Frame *et al.*, (Plant Physiol 129(1): 13-22, 2002), cuyas descripciones se incorporan como referencia en el presente documento como si se expusieran completamente.

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

Tras la transferencia de ADN y la regeneración, pueden evaluarse las supuestas plantas transformadas, por ejemplo usando análisis de tipo Southern, para detectar la presencia del gen de interés, el número de copias y/o la organización genómica. Alternativa o adicionalmente, pueden monitorizarse los niveles de expresión del ADN recién introducido usando análisis de tipo Northern y/o Western, siendo ambas técnicas bien conocidas para los expertos habituales en la técnica.

Las plantas transformadas generadas pueden propagarse mediante una variedad de medios, tales como mediante propagación clonal o técnicas de reproducción clásicas. Por ejemplo, puede autofecundarse una planta transformada de primera generación (o T1) para dar transformantes de segunda generación (o T2) homocigotos, y propagarse adicionalmente las plantas T2 mediante técnicas de reproducción clásicas.

Los organismos transformados generados pueden tener una variedad de formas. Por ejemplo, pueden ser quimeras de células transformadas y de células no transformadas; transformantes clonales (por ejemplo, todas las células transformadas para contener el casete de expresión); injertos de tejido transformado y no transformado (por ejemplo, en plantas, un rizoma transformado injertado en un esqueje no transformado).

También se da a conocer una célula vegetal o planta producida por cualquiera de los métodos descritos en el presente documento, y todas las partes de plantas y propágulos de las mismas. También se da a conocer una

progenie de una célula, un tejido, un órgano o una planta completa transformada o transfectada primaria que se ha producido mediante cualquiera de los métodos mencionados anteriormente, siendo el único requisito que la progenie presente la(s) misma(s) característica(s) genotípica(s) y/o fenotípica(s) que las producidas en el progenitor mediante los métodos según la invención. También se dan a conocer células huésped que contienen un ácido nucleico aislado similar a DnaJ de tipo I o variante del mismo. Células huésped preferidas son células vegetales. También se dan a conocer partes que pueden cosecharse de una planta tal como pero sin limitarse a semillas, hojas, frutos, flores, cultivos de tallos, rizomas, túberos y bulbos. También se dan a conocer productos derivados, preferiblemente derivados directamente de una parte que puede cosecharse de una planta de este tipo, tales productos puede ser polvos o gránulos secos, aceites, grasas y ácidos grasos, almidón o proteínas.

Los ácidos nucleicos similares a DnaJ de tipo I o los polipéptidos similares a DnaJ de tipo I pueden encontrar uso en programas de reproducción en el que se identifica un marcador de ADN que puede ligarse genéticamente a un gen similar a DnaJ de tipo I o variante del mismo. Los ácidos nucleicos/genes similares a DnaJ de tipo I o los polipéptidos similares a DnaJ de tipo I pueden usarse para definir un marcador molecular. Este ADN o proteína marcadora puede usarse entonces en programas de reproducción para seleccionar plantas que tienen un rendimiento vegetal aumentado. El gen similar a DnaJ de tipo I o variante del mismo puede, por ejemplo, ser un ácido nucleico que se representa por una cualquiera de SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51 SEQ ID NO: 53 o SEQ ID NO: 55 de la tabla 1.

Las variantes alélicas de un gen/ácido nucleico similar a DnaJ de tipo I también pueden encontrar uso en programas de reproducción asistida por marcador. Tales programas de reproducción requieren algunas veces la introducción de variación alélica mediante tratamiento mutagénico de las plantas, usando por ejemplo mutagénesis con EMS; alternatively, el programa puede iniciarse con una colección de variantes alélicas de denominado origen "natural" provocadas involuntariamente. La identificación de las variantes alélicas tiene lugar entonces, por ejemplo, mediante PCR. A esto le sigue una etapa para la selección de variantes alélicas superiores de la secuencia en cuestión y que proporcionan un aumento del rendimiento mejorado en una planta. La selección normalmente se lleva a cabo mediante la monitorización de las prestaciones de rendimiento de plantas que contienen plantas que contienen diferentes variantes alélicas de la secuencia en cuestión, por ejemplo, diferentes variantes alélicas de una cualquiera de SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51 SEQ ID NO: 53 o SEQ ID NO: 55 de la tabla 1. Pueden monitorizarse las prestaciones de rendimiento en un invernadero o en el campo. Etapas opcionales adicionales incluyen el cruzamiento de plantas, en las que se identificó la variante alélica superior, con otra planta. Esto podría usarse, por ejemplo, para preparar una combinación de características fenotípicas interesantes.

También puede usarse un ácido nucleico similar a DnaJ de tipo I como sondas para mapear genética y físicamente los genes de los que forman parte, y como marcadores para rasgos ligados a esos genes. Tal información puede ser útil en la reproducción de plantas con el fin de desarrollar líneas con fenotipos deseados. Tal uso de ácidos nucleicos similares a DnaJ de tipo I requiere sólo una secuencia de ácido nucleico de al menos 15 nucleótidos de longitud. Los ácidos nucleicos similares a DnaJ de tipo I pueden usarse como marcadores de polimorfismos de longitud de fragmentos de restricción (RFLP). Las transferencias de tipo Southern (Sambrook J, Fritsch EF y Maniatis T (1989) Molecular Cloning, A Laboratory Manual) de ADN genómico vegetal digerido por restricción pueden estudiarse con sondas con los ácidos nucleicos similares a DnaJ de tipo I. Los patrones de bandas resultantes pueden someterse entonces a análisis genéticos usando programas informáticos tales como MapMaker (Lander *et al.*, (1987) Genomics 1: 174-181) con el fin de construir un mapa genético. Además, pueden usarse los ácidos nucleicos para estudiar con sondas las transferencias de tipo Southern que contienen ADN genómicos tratados con endonucleasas de restricción de un conjunto de individuos que representan los progenitores y la progenie de una cruce genético definido. Se observa y se usa la segregación de los polimorfismos de ADN para calcular la posición del ácido nucleico similar a DnaJ de tipo I o variante del mismo en el mapa genético obtenido previamente usando esta población (Botstein *et al.*, (1980) Am. J. Hum. Genet. 32:314-331).

La producción y el uso de sondas derivadas de genes vegetales para su uso en el mapeo genético se describe en Bematzky y Tanksley (1986) Plant Mol. Biol. Reporter 4: 37-41. Numerosas publicaciones describen el mapeo genético específico de clones de ADNc específicos usando la metodología explicada de manera resumida anteriormente o variaciones de la misma. Por ejemplo, pueden usarse poblaciones de intercrucos F2, poblaciones de retrocrucos, poblaciones apareadas al azar, líneas isogénicas cercanas y otros conjuntos de individuos para el mapeo. Tales metodologías las conocen bien los expertos en la técnica.

Las sondas de ácido nucleico también pueden usarse para el mapeo físico (es decir, colocación de secuencias en mapas físicos; véase Hoheisel *et al.*, en: Non-mammalian Genomic Analysis: A Practical Guide, Academic Press 1996, págs. 319-346, y referencias citadas en el mismo).



Las sondas de ácido nucleico pueden usarse en mapeo por hibridación *in situ* por fluorescencia directa (FISH) (Trask (1991) Trends Genet. 7:149-154). Aunque los métodos actuales del mapeo por FISH favorecen el uso de clones grandes (de varios kb a varios cientos de kb; véase Laan *et al.*, (1995) Genome Res. 5:13-20), mejoras en la sensibilidad pueden permitir la realización del mapeo por FISH usando sondas más cortas.

- 5 Puede llevarse a cabo una variedad de métodos basados en la amplificación de ácidos nucleicos para el mapeo genético y físico usando los ácidos nucleicos. Los ejemplos incluyen amplificación específica de alelos (Kazazian (1989) J. Lab. Clin. Med 11:95-96), polimorfismo de fragmentos amplificados por PCR (CAPS; Sheffield *et al.*, (1993) Genomics 16:325-332), ligamiento específico de alelo (Landegren *et al.*, (1988) Science 241:1077-1080), reacciones de extensión de nucleótidos (Sokolov (1990) Nucleic Acid Res. 18:3671), mapeo de híbridos de radiación (Walter *et al.*, (1997) Nat. Genet. 7:22-28) y mapeo Happy (Dear y Cook (1989) Nucleic Acid Res. 17:6795-6807). Para estos métodos, se usa la secuencia de un ácido nucleico para diseñar y producir pares de cebadores para su uso en la reacción de amplificación o en reacciones de extensión de cebador. El diseño de tales cebadores lo conocen bien los expertos en la técnica. En métodos que emplean mapeo genético basado en PCR, puede ser necesario identificar diferencias en la secuencia de ADN entre los progenitores del cruce de mapeo en la región correspondiente a la secuencia de ácido nucleico presente. Esto, sin embargo, generalmente no es necesario para los métodos de mapeo.

- La realización de los métodos según la presente invención da como resultado plantas que tiene un rendimiento de semillas aumentado en plantas hechas crecer en condiciones de crecimiento normales, tal como se describió anteriormente en el presente documento. Este rendimiento de semillas aumentado también puede combinarse con otros rasgos económicamente ventajosos, tales como además rasgos de potenciación del rendimiento, tolerancia a diversos tipos de estrés, rasgos que modifican diversas características arquitectónicas y/o características bioquímicas y/o fisiológicas.

#### Descripción de las figuras

La presente invención se describirá a continuación con referencia a las siguientes figuras en las que:

- 25 La figura 1 muestra la estructura de dominios típica del polipéptido similar a DnaJ de tipo I. El dominio J está ubicado en el extremo amino terminal de la proteína y codifica para un dominio de unión a HSP70 que comprende el tripéptido HPD altamente conservado. El dominio G/F rico en glicina y fenilalanina está especificando proteínas diana para la actividad de la chaperona Hsp70. Los cuatro dominios ricos en cisteína están implicados en la coordinación del zinc, con dos iones zinc por monómero de DnaJ de tipo I. El dominio CTD es el menos conservado de los cuatro dominios definidos, y puede comprender un motivo de farnesilación CaaX.

- La figura 2 muestra una alineación múltiple de varias proteínas similares a DnaJ de tipo I de la tabla 1, usando el programa de alineación múltiple VNTI AlignX, basado en un algoritmo ClustalW modificado (InforMax, Bethesda, MD, <http://www.informaxinc.com>), con parámetros por defecto de penalización por apertura de hueco de 10 y una extensión de hueco de 0,05). El dominio J tiene subrayado doble, sus cuatro hélices representadas como recuadros grises y su tripéptido HPD conservado en recuadro. El dominio G/F está subrayado con puntos. Los dos dominios I y II de unión a zinc y sus CxxCxGxG conservados están en recuadros. En el dominio CTD, el motivo de farnesilación está en recuadro.

- La figura 3 muestra una alineación de polipéptidos similares a DnaJ de tipo I de *Arabidopsis thaliana* tal como se da a conocer en la tabla a continuación. El dominio J tiene subrayado doble, el dominio G/F está subrayado en negrita, los dos dominios I y II de unión a zinc y sus CxxCxGxG conservados están en recuadros, y el CTD tiene subrayado sencillo. El motivo de farnesilación CaaX en el extremo carboxilo terminal de las proteínas está representado en negrita cuando está presente. Las secuencias de aminoácidos que preceden al dominio J (separadas por un paréntesis; ubicación aproximada) representan secuencias de direccionamiento subcelular.

Número de registro de MIPS	Número de registro de proteínas del NCBI
At3g44110	S71199
At5g22060	AAB86799.1
At1g28210	NP849719
At1g80030	AAK60328
At2g22360	AAD22362
At3g 17830	NM112664
At4g39960	AAL36077
At5g48030	BAB11067

La figura 4 muestra un vector binario para la expresión en *Oryza sativa* de un similar a DnaJ de tipo I de *Oryza sativa* (referencia interna CDS1877) bajo el control de un promotor de prolamina (referencia interna PR00090).

La figura 5 detalla ejemplos de secuencias de polinucleótidos (desde la iniciación hasta la terminación) y polipéptidos en la realización de los métodos según la presente invención.

## 5 Ejemplos

La presente invención se describirá a continuación con referencia a los siguientes ejemplos, que son solo a modo de ilustración.

Manipulación del ADN: a menos que se establezca lo contrario, se realizan técnicas de ADN recombinante según protocolos convencionales descritos en (Sambrook (2001) Molecular Cloning: a laboratory manual, 3ª edición Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, Nueva York) o en los volúmenes 1 y 2 de Ausubel *et al.*, (1994), Current Protocols in Molecular Biology, Current Protocols. Los métodos y materiales convencionales para el trabajo molecular en plantas se describen en Plant Molecular Biology Labfase (1993) por R.D.D. Croy, publicado por BIOS Scientific Publications Ltd (RU) y Blackwell Scientific Publications (RU).

### Ejemplo 1: Clonación génica

Se amplificó el gen similar a DnaJ de tipo I de *Oryza sativa* (CDS1877) mediante PCR usando como molde una biblioteca de ADNc de plántulas de *Oryza sativa* (Invitrogen, Paisley, RU). Tras la transcripción inversa de ARN extraído de las plántulas, se clonaron los ADNc en pCMV Sport 6.0. El tamaño de inserto promedio del banco era de 1,6 kb y el número original de clones era del orden de  $1,67 \times 10^7$  ufc. Se determinó que el título original era de  $3,34 \times 10^6$  ufc/ml tras la primera amplificación de  $6 \times 10^{10}$  ufc/ml. Tras la extracción de plásmidos, se usaron 200 ng de molde en una mezcla de PCR de 50  $\mu$ l. Se usaron los cebadores prm04266 (SEQ ID NO: 58; sentido, codón de iniciación en negrita, sitio AttB1 en cursiva: 5' GGGGACAAGTTTGTACAAAAAGCAGGCTTCACAATGTACGGACGCATGCC 3') y prm04267 (SEQ ID NO: 59; inverso, complementario, terminación en negrita, sitio AttB2 en cursiva: 5' GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGTGCATCGAATTGTTCTTACTGC 3'), que incluyen los sitios AttB para la recombinación Gateway, para la amplificación por PCR. Se realizó la PCR usando Taq ADN polimerasa Hifi en condiciones convencionales. Se amplificó un fragmento de PCR de 1340 pb (incluyendo los sitios attB) y se purificaron también usando métodos convencionales. Entonces se realizó la primera de etapa del procedimiento Gateway, la reacción de BP, durante la cual el fragmento de PCR se recombina *in vivo* con el plásmido pDONR201 para producir, según la terminología Gateway, un "clon de entrada", p04452. Se adquirió el plásmido pDONR201 de 30 Invitrogen, como parte de la tecnología Gateway®.

### Ejemplo 2: Construcción del vector

Posteriormente se usó el clon de entrada p04452 en la reacción de LR con p00830, un vector de destino usado para la transformación de *Oryza sativa*. Este vector contiene como elementos funcionales dentro de los límites del T-ADN: un marcador seleccionable vegetal; un casete de expresión de marcador que puede detectarse; y un casete Gateway destinado a la recombinación *in vivo* LR con la secuencia de interés ya clonada en el clon de entrada. Se ubicó un promotor de prolamina RP6 de arroz (SEQ ID NO: 57; Wen *et al.*, (1993) Plant Physiol 101(3): 1115-6) para la expresión específica en endospermo (PRO0090) en el sentido de 5' de este casete Gateway.

Tras la etapa de recombinación LR, se transformó el vector de expresión resultante p072 (figura 4) en la cepa de *Agrobacterium* LBA4044 y posteriormente en plantas de *Oryza sativa*. Se dejó que las plantas de arroz transformadas crecieran y entonces se examinaron para determinar los parámetros descritos en el ejemplo 3.

### Ejemplo 3: Evaluación y resultados un similar a DnaJ de tipo I bajo el control del promotor RP6 de arroz

Se generaron aproximadamente de 15 a 20 transformantes de arroz T0 independientes. Se transfirieron los transformantes primarios desde una cámara de cultivo tisular hasta un invernadero para el crecimiento y la cosecha de semillas T1. Se conservaron 5 acontecimientos, de los cuales la progenie T1 segregó 3:1 para la presencia/ausencia del transgén. Para cada uno de estos acontecimientos, se seleccionaron aproximadamente 10 plántulas T1 que contenían el transgén (hetero y homocigotas) y aproximadamente 10 plántulas T1 que carecían del transgén (nulicigotas) monitorizando la expresión del marcador visual. Se evaluaron adicionalmente 4 acontecimientos T1 en la generación T2 siguiendo el mismo procedimiento de evaluación que para la generación T1 pero con más individuos por acontecimiento.

#### 50 Análisis estadístico: Prueba de la F

Se usó un ANOVA de dos factores (análisis de variantes) como modelo estadístico para la evaluación global de las características fenotípicas de la planta. Se llevó a cabo una prueba de la F en todos los parámetros medidos de todas las plantas de todos los acontecimientos transformados con el gen de la presente invención. Se llevó a cabo la prueba de la F para comprobar un efecto del gen sobre todos los acontecimientos de transformación y para verificar 55 un efecto global del gen, también conocido como efecto génico global. El umbral para la significación para un efecto

génico global auténtico se ajustó a un nivel de probabilidad del 5% para la prueba de la F. Un valor de la prueba de la F significativo apunta a un efecto génico, lo que significa que no sólo es la presencia o la posición del gen la que provoca las diferencias en el fenotipo.

Dado que se llevaron a cabo dos experimentos con acontecimientos solapantes, se realizó un análisis combinado además del análisis descrito anteriormente. Esto es útil para controlar la constancia de los efectos a lo largo de los dos experimentos, y si éste es el caso, para acumular pruebas a partir de ambos experimentos con el fin de aumentar la confianza en la conclusión. El método usado era un enfoque de modelo mixto que tiene en consideración la estructura de múltiples niveles de los datos (es decir, experimento – acontecimiento - segregantes). Se obtuvieron valores de P comparando la prueba de razón de probabilidades con respecto a distribuciones de chi cuadrado.

### 3.1 Medición de parámetros relacionados con las semillas

Se cosecharon las panojas primarias maduras, se pusieron en bolsas, se marcaron con código de barras y luego se secaron durante tres días en un horno a 37°C. Entonces se trillaron las panojas y se recogieron y contaron todas las semillas. Se separaron las farfollas llenas de las vacías usando un dispositivo de soplado de aire. Se desecharon las farfollas vacías y se contó de nuevo la fracción restante. Se pesaron las farfollas llenas en una balanza analítica. Se determinó el número de semillas llenas contando el número de farfollas llenas que permanecieron tras la etapa de separación. Se midió el rendimiento de semillas total pesando todas las farfollas llenas cosechadas de una planta. Se midió el número de semillas total por planta contando el número de farfollas cosechas de una planta. El índice de cosecha en la presente invención se define como la razón del rendimiento de semillas total y el área por encima del suelo (mm<sup>2</sup>) multiplicado por un factor de 10<sup>6</sup>.

### 3.2 Área por encima del suelo

Se determinó el área sobre el suelo de la planta contando el número total de píxeles de las fotografías de las partes por encima del suelo de las plantas diferenciadas del fondo. Se promedió este valor para las fotografías tomadas en el mismo punto de tiempo desde diferentes ángulos y se convirtió a un valor de superficie física expresado en mm cuadrados mediante calibración. Los experimentos muestran que el área por encima del suelo de la planta medida de esta forma se correlaciona con la biomasa de la planta.

La tabla de resultados (tabla 5) muestra a continuación la diferencia en porcentaje entre los transgénicos y los nulicigotos correspondientes, para el índice de cosecha.

El análisis combinado realizado confirma la constancia de los efectos con respecto a los dos experimentos, y por tanto aumenta la confianza en la conclusión.

Tabla 5: Índice de cosecha

Índice de cosecha			
	% de aumento de T1	% de aumento de T2	Valor de P combinado
Acontecimiento 1	55	24	0,0024
Acontecimiento 2	35	11	0,0585
Global	9 (5 acontecimientos)	8 (4 acontecimientos)	0,0063

### LISTA DE SECUENCIAS

<110> CropDesign N.V.

<120> Plantas que tienen rendimiento aumentado y método para preparar las mismas

<130> CD-128-PCT

<150> Documento EP 04106985.7 <151> 24-12-2004

<150> Documento US 60/641.688 <151> 06-01-2005

<160> 59

<170> PatentIn versión 3.3

<210> 1

<211> 1263

<212> ADN

<213> *Oryza sativa*

<400> 1

atgtacggac	gcatgccaaa	gaagagtaac	aataccaagt	attatgaggt	gcttgggtgta	60
tctaagacag	caaccacagga	tgagctgaag	aaagcgtacc	gtaaagctgc	cattaaaaaac	120
cacctgata	agggtggaga	ccctgagaag	tttaaagaat	tggctcaagc	ttacgaggtt	180
cttaatgata	ctgaaaagag	ggaaatctat	gaccaatatg	gcgaggatgc	actcaaagaa	240
ggaatgggag	gaggcagcag	cagtgatttc	catagtcctt	tcgatttatt	tgagcaaatt	300
tttcagaatc	gtgggtggctt	tgggggtaga	ggacacagac	aaaagcgtgg	cgaagatgtg	360
gtacatacta	tgaagggtttc	tttagaagac	ctgtataatg	gtactaccaaa	aaaactgtct	420
ttgtcacgga	atgctctgtg	cacaaaagtgc	aagggtaaaag	gatccaagag	tggggcagca	480
gcaacttgcc	atggttgtca	tgggtgcagga	atgagaacaa	taacaagaca	aattgggctt	540
ggcatgatcc	aacagatgaa	cactgtttgc	cctgaatgca	gaggatcagg	tgagatgata	600
agtgacaagg	ataaatgccc	gagttgtaag	ggaaacaaaag	tagtccagca	gaagaaggtc	660
ttggagggttc	atggttgagaa	gggaatgcaa	catggccaaa	agattgtatt	ccagggtgaa	720
gctgatgaag	ctcctgatac	agtgcacagga	gacatagttt	ttgtcttgca	acttaaagac	780
cacccaaaat	ttaagaggaa	gtttgatgac	ctctttactg	agcacacaat	ctccctgacc	840
gaggctctgt	gtggcttcca	gtttgttcta	acccatcttg	atggtcggca	actcctaate	900
aaatctaate	caggggaggt	tataaaacct	ggtcaacaca	aggccatcaa	tgatgaaggc	960
atgccccagc	atggccgccc	tttcatgaaa	ggtcgtcttt	ttgttgattt	caacgtggag	1020
tttcctgagc	ctgggtgcaat	cactcctggc	caatgccgat	cgcttgagaa	gatttttgcca	1080
ccacgaccca	ggaatcaatt	gtcagacatg	gagctagatc	aatgtgagga	gaccaccatg	1140
catgatgtca	acatagaaga	ggagatgagg	cgcaggcagc	agcacaggcg	gcaggaagca	1200
tatgatgaag	acgacgacga	ggatgctgga	gctggaccaa	gggtacagtg	tgcccagcag	1260
taa						1263

5

<210> 2

<211> 420

<212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 2

10

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

ES 2 375 488 T3

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

# ES 2 375 488 T3

Arg Ser Leu Glu Lys Ile Leu Pro Pro Arg Pro Arg Asn Gln Leu Ser  
355 360 365

Asp Met Glu Leu Asp Gln Cys Glu Glu Thr Thr Met His Asp Val Asn  
370 375 380

Ile Glu Glu Glu Met Arg Arg Arg Gln Gln His Arg Arg Gln Glu Ala  
385 390 395 400

Tyr Asp Glu Asp Asp Asp Glu Asp Ala Gly Ala Gly Pro Arg Val Gln  
405 410 415

Cys Ala Gln Gln  
420

<210> 3

<211> 1251

<212> ADN

5 <213> *Oryza sativa*

<400> 3

atgtttgggc	gtgtaccgag	gagtaacaac	accaagtact	atgaggttct	tggagttcct	60
aaaactgcaa	gcaaggatga	gctaaagaag	gcataccgga	aggctgccat	aaaaaaccat	120
cctgacaagg	gaggggatcc	agaaaagttt	aaagaattat	cacaagcgta	tgaggttctc	180
actgatcctg	agaagagaga	catatatgac	caatatgggg	aggatgctct	taaggatgga	240
atgggaggag	gcagtgaact	ccataatcca	tttgacatat	ttgagcagtt	tttcgggggt	300
ggtgcctttg	gggggagtag	ctcaagagta	cgcagacaga	gacgtggtga	agatgtggcg	360
catactttga	aggtgtcttt	agaagatgtg	tataatggat	ctatgaagaa	actatcatta	420
tcacgaaata	ttctgtgccc	aaagtgcaaa	ggaaaaggga	ccaaatctga	ggctccagca	480
acatgctatg	gttgtcatgg	tgtaggaatg	aggaaataaa	tgcgacagat	aggactaggc	540
atgattcaac	atatgcagac	tgtctgtcct	gaatgcagag	gatcagggtga	gatcataagt	600
gacagggata	aatgcacaaa	ctgcagagct	agcaaagtta	ttcaggagaa	aaaggtgctt	660
gaggttcata	ttgagaaggg	aatgcaacat	ggccaaaaaa	ttgtattcca	aggtgaagct	720
catgaagctc	ctgatacagt	gacaggagat	atagtattta	tcttgcaagt	taaggtagat	780
ccaagattta	agaggaaata	tgatgacctg	ttcattgagc	gcacaatctc	tttaactgag	840
gcatttgttg	ggttccaatt	catcctcact	catctggaca	gtaggcagct	cctaatacaag	900
gcaaactctg	gcgaaattat	taaacctggt	caacacaagg	ccataaatga	tgagggaatg	960
ccacaccatg	gccggccttt	catgaagggc	cgtctctttg	tggaattcaa	tggtgagttc	1020
cctgaatctg	gtgtactctc	ccgtgaccaa	tgccgggcac	ttgagatgat	cctaccacct	1080
aaacctgggc	accaattatc	agatatggac	ctggatcaat	gtgaggaaac	taccatgcat	1140
gatgtgaaca	tagaagagga	gatgaggcgc	aagcagtatc	aaaggaagca	ggaagcgtac	1200
gacgaagatg	aggaggagga	tgctccaaga	gtacagtgtg	ctcaacagta	a	1251

<210> 4

<211> 416

10 <212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 4

# ES 2 375 488 T3

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

ES 2 375 488 T3

Lys Phe Lys Glu Leu Ser Gln Ala Tyr Glu Val Leu Thr Asp Pro Glu  
 50 55 60  
 Lys Arg Asp Ile Tyr Asp Gln Tyr Gly Glu Asp Ala Leu Lys Asp Gly  
 65 70 75 80  
 Met Gly Gly Gly Ser Asp Phe His Asn Pro Phe Asp Ile Phe Glu Gln  
 85 90 95  
 Phe Phe Gly Gly Gly Ala Phe Gly Gly Ser Ser Ser Arg Val Arg Arg  
 100 105 110  
 Gln Arg Arg Gly Glu Asp Val Ala His Thr Leu Lys Val Ser Leu Glu  
 115 120 125  
 Asp Val Tyr Asn Gly Ser Met Lys Lys Leu Ser Leu Ser Arg Asn Ile  
 130 135 140  
 Leu Cys Pro Lys Cys Lys Gly Lys Gly Thr Lys Ser Glu Ala Pro Ala  
 145 150 155 160  
 Thr Cys Tyr Gly Cys His Gly Val Gly Met Arg Asn Ile Met Arg Gln  
 165 170 175  
 Ile Gly Leu Gly Met Ile Gln His Met Gln Thr Val Cys Pro Glu Cys  
 180 185 190  
 Arg Gly Ser Gly Glu Ile Ile Ser Asp Arg Asp Lys Cys Thr Asn Cys  
 195 200 205  
 Arg Ala Ser Lys Val Ile Gln Glu Lys Lys Val Leu Glu Val His Ile  
 210 215 220  
 Glu Lys Gly Met Gln His Gly Gln Lys Ile Val Phe Gln Gly Glu Ala  
 225 230 235 240  
 Asp Glu Ala Pro Asp Thr Val Thr Gly Asp Ile Val Phe Ile Leu Gln  
 245 250 255  
 Val Lys Val His Pro Arg Phe Lys Arg Lys Tyr Asp Asp Leu Phe Ile  
 260 265 270  
 Glu Arg Thr Ile Ser Leu Thr Glu Ala Leu Cys Gly Phe Gln Phe Ile  
 275 280 285  
 Leu Thr His Leu Asp Ser Arg Gln Leu Leu Ile Lys Ala Asn Pro Gly  
 290 295 300  
 Glu Ile Ile Lys Pro Gly Gln His Lys Ala Ile Asn Asp Glu Gly Met  
 305 310 315 320  
 Pro His His Gly Arg Pro Phe Met Lys Gly Arg Leu Phe Val Glu Phe  
 325 330 335  
 Asn Val Glu Phe Pro Glu Ser Gly Val Leu Ser Arg Asp Gln Cys Arg  
 340 345 350  
 Ala Leu Glu Met Ile Leu Pro Pro Lys Pro Gly His Gln Leu Ser Asp  
 355 360 365



# ES 2 375 488 T3

Met Asp Leu Asp Gln Cys Glu Glu Thr Thr Met His Asp Val Asn Ile  
370 375 380

Glu Glu Glu Met Arg Arg Lys Gln Tyr Gln Arg Lys Gln Glu Ala Tyr  
385 390 395 400

Asp Glu Asp Glu Glu Glu Asp Ala Pro Arg Val Gln Cys Ala Gln Gln  
405 410 415

<210> 5

<211> 1254

<212> ADN

5 <213> *Oryza sativa*

<400> 5

atgttcgggc	gcgcgccgaa	gaagagcgac	aacaccaagt	actacgagat	cctggggggtc	60
cccaagaccg	cctcccagga	cgacctcaag	aaggcgtacc	gcaaggccgc	catcaagaac	120
caccccgaca	agggcggcga	ccccgagaag	ttcaaggagc	ttgcacaagc	ttatgaggta	180
ttgagtgacc	cggagaaaacg	tgaaatctat	gaccaatatg	gtgaagatgc	cctcaaggaa	240
ggaatgggtg	gaggcggtac	ccatgttgat	ccatttgaca	tcttttcata	attctttgga	300
ccttcttttg	gtgggtgggtg	cagcagcagg	ggcagaaggc	aaaggagggg	agaggatgtg	360
atccatccgc	ttaaggtttc	tctagaagat	ctttacaatg	gtacttcaaa	gaagctctct	420
ctttcccgca	atgtcctctg	cgccaagtgc	aagggcaagg	gttccaagtc	tgggtgcttcc	480
atgaggtgcc	caggttgcca	ggggtctggc	atgaaaatca	ccatccgcca	gctggggccc	540
tccatgatac	agcagatgca	gcagccttgc	aatgagtgtg	aggggactgg	agagagcatt	600
aatgagaagg	atcgctgccc	aggctgcaag	ggcgagaagg	ttattcagga	gaagaagggt	660
ctggagggtc	acgttgagaa	ggggatgcaa	cacaatcaga	agatcacttt	ccctggtgaa	720
gctgatgagg	cgcttgatac	cgttacggga	gacattgtat	tcgtcctcca	gcagaaggac	780
cactccaagt	tcaaaaggaa	gggcgatgat	ctcttttatg	agcacacctt	atctctgact	840
gaagcacttt	gtggtttcca	atgtgtcctg	acacatctgg	acaacagaca	gctgctcatt	900
aagtcaaacc	ccggtgaagt	tggttaagcct	gaccaattca	aggcaataaa	cgatgaggga	960
atgccaatgt	accagaggcc	tttcatgaag	gggaagctct	acattcattt	cacggtggag	1020
ttccctgatt	ccctggcgcc	tgaacaatgc	aaggctctcg	aggctgtgct	tccaccgaag	1080
cctgcatccc	agctgacaga	aatggagata	gatgaatgcg	aggagaccac	gatgcacgat	1140
gtcaacaaca	ttgaggaaga	gatgcgcagg	aaagcccaag	ctgctcagga	ggcgtatgat	1200
gaggacgatg	agatgcctgg	aggtgcccag	agagttcagt	gcgcgcaaca	gtaa	1254

<210> 6

<211> 417

10 <212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 6

# ES 2 375 488 T3

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

Gly	Met	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	His	Val	Asp	Pro	Phe	Asp	Ile	Phe	Ser		
				85					90					95			
Ser	Phe	Phe	Gly	Pro	Ser	Phe	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Ser	Arg	Gly	Arg		
			100					105					110				
Arg	Gln	Arg	Arg	Gly	Glu	Asp	Val	Ile	His	Pro	Leu	Lys	Val	Ser	Leu		
		115					120					125					
Glu	Asp	Leu	Tyr	Asn	Gly	Thr	Ser	Lys	Lys	Leu	Ser	Leu	Ser	Arg	Asn		
	130					135					140						
Val	Leu	Cys	Ala	Lys	Cys	Lys	Gly	Lys	Gly	Ser	Lys	Ser	Gly	Ala	Ser		
	145				150					155					160		
Met	Arg	Cys	Pro	Gly	Cys	Gln	Gly	Ser	Gly	Met	Lys	Ile	Thr	Ile	Arg		
				165					170					175			
Gln	Leu	Gly	Pro	Ser	Met	Ile	Gln	Gln	Met	Gln	Gln	Pro	Cys	Asn	Glu		
			180					185					190				
Cys	Lys	Gly	Thr	Gly	Glu	Ser	Ile	Asn	Glu	Lys	Asp	Arg	Cys	Pro	Gly		
		195					200					205					
Cys	Lys	Gly	Glu	Lys	Val	Ile	Gln	Glu	Lys	Lys	Val	Leu	Glu	Val	His		
	210					215					220						
Val	Glu	Lys	Gly	Met	Gln	His	Asn	Gln	Lys	Ile	Thr	Phe	Pro	Gly	Glu		
	225				230					235					240		
Ala	Asp	Glu	Ala	Pro	Asp	Thr	Val	Thr	Gly	Asp	Ile	Val	Phe	Val	Leu		
				245					250					255			
Gln	Gln	Lys	Asp	His	Ser	Lys	Phe	Lys	Arg	Lys	Gly	Asp	Asp	Leu	Phe		
			260					265					270				
Tyr	Glu	His	Thr	Leu	Ser	Leu	Thr	Glu	Ala	Leu	Cys	Gly	Phe	Gln	Phe		
		275					280					285					
Val	Leu	Thr	His	Leu	Asp	Asn	Arg	Gln	Leu	Leu	Ile	Lys	Ser	Asn	Pro		
	290					295					300						
Gly	Glu	Val	Val	Lys	Pro	Asp	Gln	Phe	Lys	Ala	Ile	Asn	Asp	Glu	Gly		
	305				310				315						320		
Met	Pro	Met	Tyr	Gln	Arg	Pro	Phe	Met	Lys	Gly	Lys	Leu	Tyr	Ile	His		
				325					330					335			
Phe	Thr	Val	Glu	Phe	Pro	Asp	Ser	Leu	Ala	Pro	Glu	Gln	Cys	Lys	Ala		
			340					345					350				
Leu	Glu	Ala	Val	Leu	Pro	Pro	Lys	Pro	Ala	Ser	Gln	Leu	Thr	Glu	Met		
		355					360					365					
Glu	Ile	Asp	Glu	Cys	Glu	Glu	Thr	Thr	Met	His	Asp	Val	Asn	Asn	Ile		
	370					375					380						
Glu	Glu	Glu	Met	Arg	Arg	Lys	Ala	Gln	Ala	Ala	Gln	Glu	Ala	Tyr	Asp		
	385				390					395					400		

# ES 2 375 488 T3

Glu Asp Asp Glu Met Pro Gly Gly Ala Gln Arg Val Gln Cys Ala Gln  
 405 410 415

Gln

<210> 7

<211> 1254

<212> ADN

5 <213> *Oryza sativa*

<400> 7

atgttcgggc	gcgcgccgaa	gaagagcgac	aacacgcggt	actacgaggt	gcttgggggtg	60
cccaaggatg	cgtcccagga	tgacctcaag	aaggcgtacc	gcaaggccgc	catcaagaac	120
caccccgaca	agggcggaga	ccccgagaag	ttcaagggaat	tggctcaggc	ttatgaagtc	180
ctgagtgacc	ctgagaagcg	tgaaatctat	gatcagtagc	gtgaagatgc	tctcaaggag	240
gggatgggtc	ctggtgggtg	gatgcatgac	ccatttgaca	ttttttcctc	attcctttgga	300
ggtggctttg	gaggtggtag	cagtaggggc	aggagacagc	gtaggggaga	ggatgtggtt	360
cacctctga	aggtttctct	ggaggaattg	tacaatggca	catcaaagaa	gctctccctt	420
tctcgcaatg	tgctctgctc	caagtgcgat	ggcaagggtc	cgaaatctgg	tgcttccatg	480
aagtgtctctg	gttgtcaagg	ttctggtatg	aagggtccaaa	ttcgccagtt	ggggccagga	540
atgattcagc	aaatgcaaca	tccctgcaat	gagtgcgaag	gaactgggtga	gaccatcagc	600
gacaaggata	gatgcccagg	ctgcaagggt	gagaagggtg	cgcaggagaa	gaaggttctt	660
gaggtgggtg	tcgagaaggg	catgcagaat	ggacagaaga	tcaccttccc	tggtgaggct	720
gatgaagcgc	ccgatactgt	cactggagac	attatcttcg	tcctccagca	gaaggagcat	780
cccaagttca	agagaaaggg	agatgacctc	ttctacgagc	acacctgaa	cctcactgag	840
gccctttgtg	gcttccagtt	tggtctcaact	cacttggaca	acaggcagct	gcttatcaag	900
tccaagcccg	gtgaagtgtg	caagcctgat	tcattcaagg	ctgtcaacga	cgagggcatg	960
ccgatgtacc	agcggccatt	catgaagggtg	aagctctaca	tccacttctc	cgtggaattc	1020
cccactctt	tgaacctga	ccagtgcgaag	gccctggaga	ccgtcctccc	gccaaggccg	1080
gtgtcgagc	acaccgacat	ggagctcgac	gagtgcgagg	agaccatgcc	gtacgacgtg	1140
aacatcgagg	aggagatgag	gaggcggcag	caacagcagc	agcaggaggc	atacgacgag	1200
gacgaggaca	tgacagggcg	cggcgccccag	cgcgtgcagt	gcgcgcagca	gtaa	1254

<210> 8

<211> 417

10 <212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 8

# ES 2 375 488 T3

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

Ser	Phe	Phe	Gly	Gly	Gly	Phe	Gly	Gly	Gly	Ser	Ser	Arg	Gly	Arg	Arg	
			100					105					110			
Gln	Arg	Arg	Gly	Glu	Asp	Val	Val	His	Pro	Leu	Lys	Val	Ser	Leu	Glu	
			115				120					125				
Glu	Leu	Tyr	Asn	Gly	Thr	Ser	Lys	Lys	Leu	Ser	Leu	Ser	Arg	Asn	Val	
	130					135					140					
Leu	Cys	Ser	Lys	Cys	Asn	Gly	Lys	Gly	Ser	Lys	Ser	Gly	Ala	Ser	Met	
145					150					155					160	
Lys	Cys	Ser	Gly	Cys	Gln	Gly	Ser	Gly	Met	Lys	Val	Gln	Ile	Arg	Gln	
				165					170					175		
Leu	Gly	Pro	Gly	Met	Ile	Gln	Gln	Met	Gln	His	Pro	Cys	Asn	Glu	Cys	
			180					185					190			
Lys	Gly	Thr	Gly	Glu	Thr	Ile	Ser	Asp	Lys	Asp	Arg	Cys	Pro	Gly	Cys	
		195					200					205				
Lys	Gly	Glu	Lys	Val	Ala	Gln	Glu	Lys	Lys	Val	Leu	Glu	Val	Val	Val	
	210					215					220					
Glu	Lys	Gly	Met	Gln	Asn	Gly	Gln	Lys	Ile	Thr	Phe	Pro	Gly	Glu	Ala	
225					230					235					240	
Asp	Glu	Ala	Pro	Asp	Thr	Val	Thr	Gly	Asp	Ile	Ile	Phe	Val	Leu	Gln	
				245					250					255		
Gln	Lys	Glu	His	Pro	Lys	Phe	Lys	Arg	Lys	Gly	Asp	Asp	Leu	Phe	Tyr	
			260					265					270			
Glu	His	Thr	Leu	Asn	Leu	Thr	Glu	Ala	Leu	Cys	Gly	Phe	Gln	Phe	Val	
		275					280					285				
Leu	Thr	His	Leu	Asp	Asn	Arg	Gln	Leu	Leu	Ile	Lys	Ser	Lys	Pro	Gly	
	290				295						300					
Glu	Val	Val	Lys	Pro	Asp	Ser	Phe	Lys	Ala	Val	Asn	Asp	Glu	Gly	Met	
305					310					315					320	
Pro	Met	Tyr	Gln	Arg	Pro	Phe	Met	Lys	Gly	Lys	Leu	Tyr	Ile	His	Phe	
				325					330					335		
Ser	Val	Glu	Phe	Pro	Asp	Ser	Leu	Asn	Pro	Asp	Gln	Cys	Lys	Ala	Leu	
			340					345					350			
Glu	Thr	Val	Leu	Pro	Pro	Arg	Pro	Val	Ser	Gln	Tyr	Thr	Asp	Met	Glu	
		355					360						365			
Leu	Asp	Glu	Cys	Glu	Glu	Thr	Met	Pro	Tyr	Asp	Val	Asn	Ile	Glu	Glu	
	370					375					380					
Glu	Met	Arg	Arg	Arg	Gln	Gln	Gln	Gln	Gln	Gln	Glu	Ala	Tyr	Asp	Glu	
385					390					395					400	
Asp	Glu	Asp	Met	His	Gly	Gly	Gly	Ala	Gln	Arg	Val	Gln	Cys	Ala	Gln	

405

410

415

Gln

<210> 9

<211> 1260

<212> ADN

5 <213> *Zea mays*

<400> 9

atgttcgggc	gcgcgccgaa	gaagagcgac	aacaccaagt	actacgagat	cctcgggggtg	60
cccaagtcgg	cgtcccagga	cgatctcaag	aaggcctacc	gcaaggctgc	tatcaagaac	120
caccccgaca	agggcggtga	ccccgagaag	ttcaaggagc	tcgcacaagc	ctatgagggtt	180
ttgagtgatc	cagagaaacg	tgagatttat	gatcagtatg	gtgaagatgc	ccttaaggaa	240
ggaatgggcg	gtggaggatc	ccatgttgat	ccatttgaca	tcttctcatc	atTTTTTgga	300
ccctcttttg	gaggaggtgg	tggaagcagc	aggggaagaa	ggcaaaggag	gggagaagat	360
gtagttcacc	cacttaaagt	ttctctggaa	gatctttaca	atggcacctc	aaagaagctc	420
tctcttttcgc	gcaatgtcat	ctgctccaag	tgcaagggca	agggctcgaa	gtctggtgcc	480
tcaatgaggt	gccctggttg	ccagggtcga	ggcatgaaag	tcactattcg	tcagctgggc	540
ccttccatga	tacagcagat	gcagcagcct	tgcaatgagt	gcaaggggac	tggagagagc	600
atcaatgaga	aggaccgctg	tccagggtgc	aagggtgaga	aggtcattca	agagaagaaa	660
gttcttgagg	ttcatgttga	gaaggggatg	caacacaacc	agaagatcac	cttccctggt	720
gaagctgatg	aagcgcctga	tactgtcact	ggagacattg	tattcgtcct	ccaacagaag	780
gatcactcca	aattcaaaaag	aaagggtgaa	gatctgttct	atgagcacac	cttgtctctg	840
accgaagcac	tatgtgggtt	ccaatttggt	cttacacatc	tggaacaacag	gcagcttctc	900
atcaaatcag	accctggtga	agttgttaaa	cctgaccaat	tcaaggcgat	taatgatgag	960
gggatgccaa	tttaccagag	gcctttcatg	aaggggaagc	tgtacatcca	tttcacggtg	1020
gagttccctg	actcgttggc	accagagcag	tgcaaggctc	tcgagacagt	acttccacca	1080
aggccttcat	ccaagctgac	agacatggag	atagatgaat	gcgaggagac	gactatgcat	1140
gatgtgaaca	acatcgagga	agagatgcgc	aagaagcaag	ctcacgctgc	ccaggaggcg	1200
tacgaggagg	acgacgagat	gccgggcgga	gccagagag	tgcaagtgcgc	gcagcagtaa	1260

<210> 10

<211> 419

10 <212> PRT

<213> *Zea mays*

<400> 10

# ES 2 375 488 T3

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



[illegible]

<210> 11

<211> 1257

<212> ADN

<213> *Zea mays*

5 <400> 11

atgttcgggc	gcgcgccgaa	gaagagcgac	aacacacggt	actacgagat	cctcggggtc	60
tccaaggacg	cgtcccagga	tgacctcaag	aaagcctacc	gcaaggccgc	catcaagaac	120
caccccgaca	agggcggcga	tcccgagaag	ttcaaggagc	tagctcaggc	ttatgaggtc	180
ctcagtgate	ctgaaaagcg	ggagatttat	gatcaatatg	gtgaggatgc	cctcaaggag	240
ggaatgggag	gtggtggagg	gatgcacgat	ccctttgaca	tattccagtc	attctttggt	300
ggtggaagcc	cttttggagg	tggtggcagc	agtaggggca	gaaggcagcg	aaggggagag	360
gatgtgggtc	atcctctaaa	ggtttctctg	gaggatttgt	acaatggcac	atcaaagaag	420
ctctctctgt	cccgcagtgt	cctctgctcc	aagtgcgaatg	gtaagggttc	aaagtctgga	480
gcttcatcga	ggtgtgctgg	ttgccaaggt	tctggcttta	aggtccaaat	ccggcagttg	540
gggcctggaa	tgatccagca	aatgcagcat	ccttgcaacg	agtgcagggg	ttctggagag	600
acaatcagcg	acaaggatag	atgccacag	tgcaagggtg	ataaagttgt	gcaggagaag	660
aaggttcttg	aagtgtttgt	ggagaaaggc	atgcagaatg	ggcagaagat	cacattccct	720
ggtgaagctg	atgaagcgcc	tgacactgtc	actggagata	tcatttttgt	tctccagcag	780
aaaggagcatc	ccaagttcaa	gagaaagggc	gatgacctct	tctacgagca	cacctgacc	840
ttgactgaat	ctctgtgtgg	cttccagttt	gttgtgactc	acttggataa	caggcagctg	900
ctgatcaaat	caaatccggg	cgaagttgtg	aagcctgatt	ctttcaaggc	gatcaacgac	960
gaaggcatgc	ccatgtacca	gaggccgttc	atgaagggca	agctgtacat	ccacttctcg	1020
gtggagtcc	cggactcgct	gagcccgag	cagtgcagg	ccctggaggc	tgtgctcccg	1080
cccaagccgg	tgtcgcagta	caccgacatg	gagctggacg	agtgcgagga	gacgatgcc	1140
tatgacgtga	acatcgaagc	ggagatgcgg	aggcggcagc	agcagcacca	ggaggcctac	1200
gacgaggatg	aggacatgcc	gggcggcgcg	cagaggggtgc	agtgcgccca	gcagtag	1257

<210> 12

<211> 418

<212> PRT

10 <213> *Zea mays*

<400> 12

## ES 2 375 488 T3

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

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

<210> 13

<211> 1269

<212> ADN

<213> *Zea mays*

5 <400> 13

atgtttggac	gcatgccaa	gaagagtagt	aacaatacca	agtattacga	ggttcttggt	60
gtgtctaaga	ccgcaagtca	ggatgagctt	aagaaagcat	acagaaaagc	tgccataaaa	120
aaccatcctg	ataaggggtg	agaccctgag	aagtttaaag	agctgtctca	agcttatgat	180
gttcttagtg	acccggagaa	gagggagatc	tatgaccagt	atggagaaga	tgcccttaag	240
gaaggaatgg	gaggaggcag	cagcagtgat	ttccatagcc	ctttcgacat	ttttgagcaa	300
ctttttccgg	gttctagcac	ctttgggggt	ggtagctcaa	gaggacgcag	acaaaagcgt	360
ggtgaagatg	tggtgcatac	tatgaagggt	tccttagacg	atctgtacaa	tgggacaacc	420
aagaaactat	ctttatcgcg	gagtgccttg	tgctccaagt	gcaaggggaa	aggatccaag	480
agtggggcat	caggaacatg	ccatggttgt	cgtggtgctg	gaatgagaac	aatcacaaga	540
cagataggcc	ttggcatgat	ccaacagatg	aacactgttt	gccctgaatg	caaaggatca	600
ggtgagatca	taagtgacaa	ggacaaatgc	caaagctgta	aaggaaacaa	ggtagtccag	660
gagaagaagg	tgtagaggtt	tcatgtggag	aaaggaatgc	aacataacca	aaagattgta	720
ttccagggtc	aagctgatga	agctcctgat	acggttacag	gagacattgt	ttttgtcttg	780
caacttaaag	accatccaaa	atttaagagg	atgtacgatg	acttatatgt	tgagcacaca	840
atctctctca	ccgaagcatt	gtgtggcttc	cagtttggtc	ttactcatct	tgatgggcga	900
cagcttctga	tcaaattctga	ccccggggag	gttattaaac	caggtcaaca	caaggccatt	960
aacgatgaag	gtatgcctca	gcatggccgt	cctttcatga	agggccgtct	gtttgttgaa	1020
ttcaacgtgg	tgtttcccg	gcctggtgcg	ctctcccctg	cccagtgcg	atcgttgagg	1080
aagatccttc	cgccgaaacc	agggagccaa	ctgtcggaca	tggagctgga	ccagtgcgag	1140
gagaccacc	ttcacgatgt	caacattgaa	gaggagatga	ggcgaggca	gcagcagaag	1200
aagcaggaag	cctacgatga	agacgaggag	gaggatgctc	aaccaagggt	gcaatgtgcc	1260
cagcagtaa						1269

<210> 14

<211> 422

<212> PRT

10 <213> *Zea mays*

<400> 14

# ES 2 375 488 T3

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

ES 2 375 488 T3

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

<210> 15

<211> 1266

<212> ADN

<213> *Triticum aestivum*

5 <400> 15

atgttcgggc	gcgggcccgc	gaagaagagc	gacagcacgc	gctactacga	gatcctgggc	60
gtgcccagg	acgcgtccca	ggacgacctc	aagaaggcct	accgcaaggc	cgccatcaag	120
aaccaccccg	acaagggagg	cgacccagag	aagttcaagg	agctagctca	ggcttatgag	180
gttctgagt	atcctgagaa	gcgagagatc	tatgaccagt	atggtgagga	tgccctcaag	240
gagggaatgg	gaggtggagg	aatgcatgat	ccttttgaca	tcttccagtc	attctttggt	300
ggtggcggca	accccttcgg	aggtggcggg	agcagtaggg	gcaggcggca	gcgcaggggt	360
gaggatgtgg	ttcatcctct	gaaggttagc	cctgaggaac	tgtacaacgg	aacatcaaag	420
aagctctctc	ttgcccgcga	tgtgctctgc	tcgaagtgc	atggcaaggg	gtcaaagtcc	480
ggggcttcga	tgaagtgtgc	cggctgccaa	ggtgctgggt	acaagggtgc	gataaggcag	540
ctgggaccag	gaatgattca	gcaaattgcag	cagccttgca	atgagtgcag	gggaagtggg	600
gagaccatca	gcgacaagga	tcgctgtggg	cagtgcgaag	gcgagaaggt	ggtgcacgag	660
aagaaagtcc	tggaggtggt	ggtcgagaag	ggaatgcagc	atgggcagaa	gatcaccttc	720
cccggcgagg	cggatgaagc	gcctgatact	gttactggag	acataatctt	cgctctccag	780
cagaaggagc	accccaaatt	caagcgggaag	ggcgatgacc	tcttctacga	gcacaccctg	840
accctgaccg	aggcactgtg	tggtctccag	tatgtcctgg	ctcatttgga	cggcaggcag	900
ctgctcatca	agtccaaccc	tggcgaagtc	gtcaagcctg	attcggttcaa	ggcgatcaac	960
gacgagggca	tgcccatgta	ccagaggccg	ttcatgaagg	gcaagctgta	catccacttc	1020
acggttgatt	ttcccgaactc	gctgagcctg	gaccagtgc	aggcgctcga	gactgtcctg	1080
ccgcccgaagc	cggcgctcgca	gtacacggac	atggagctgg	acgagtgcga	ggagacgatg	1140
gcctacgaca	ttgacatcga	ggaggagatg	cggaggcgac	agcagcagca	ggcacaggag	1200
gcctacgacg	aggacgagga	catgcccggt	ggcggcgggc	agcgggtgca	gtgcgcccag	1260
cagtag						1266

<210> 16

<211> 421

<212> PRT

10 <213> *Triticum aestivum*

<400> 16



# ES 2 375 488 T3

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

Ala	Arg	Asn	Val	Leu	Cys	Ser	Lys	Cys	Asn	Gly	Lys	Gly	Ser	Lys	Ser	
145					150					155						160
Gly	Ala	Ser	Met	Lys	Cys	Ala	Gly	Cys	Gln	Gly	Ala	Gly	Tyr	Lys	Val	
				165					170					175		
Gln	Ile	Arg	Gln	Leu	Gly	Pro	Gly	Met	Ile	Gln	Gln	Met	Gln	Gln	Pro	
			180					185					190			
Cys	Asn	Glu	Cys	Arg	Gly	Ser	Gly	Glu	Thr	Ile	Ser	Asp	Lys	Asp	Arg	
		195					200					205				
Cys	Gly	Gln	Cys	Lys	Gly	Glu	Lys	Val	Val	His	Glu	Lys	Lys	Val	Leu	
	210					215					220					
Glu	Val	Val	Val	Glu	Lys	Gly	Met	Gln	His	Gly	Gln	Lys	Ile	Thr	Phe	
225					230					235					240	
Pro	Gly	Glu	Ala	Asp	Glu	Ala	Pro	Asp	Thr	Val	Thr	Gly	Asp	Ile	Ile	
				245					250					255		
Phe	Val	Leu	Gln	Gln	Lys	Glu	His	Pro	Lys	Phe	Lys	Arg	Lys	Gly	Asp	
			260					265					270			
Asp	Leu	Phe	Tyr	Glu	His	Thr	Leu	Thr	Leu	Thr	Glu	Ala	Leu	Cys	Gly	
		275					280					285				
Phe	Gln	Tyr	Val	Leu	Ala	His	Leu	Asp	Gly	Arg	Gln	Leu	Leu	Ile	Lys	
	290					295					300					
Ser	Asn	Pro	Gly	Glu	Val	Val	Lys	Pro	Asp	Ser	Phe	Lys	Ala	Ile	Asn	
305					310					315					320	
Asp	Glu	Gly	Met	Pro	Met	Tyr	Gln	Arg	Pro	Phe	Met	Lys	Gly	Lys	Leu	
				325					330					335		
Tyr	Ile	His	Phe	Thr	Val	Asp	Phe	Pro	Asp	Ser	Leu	Ser	Leu	Asp	Gln	
			340					345					350			
Cys	Lys	Ala	Leu	Glu	Thr	Val	Leu	Pro	Pro	Lys	Pro	Ala	Ser	Gln	Tyr	
		355					360					365				
Thr	Asp	Met	Glu	Leu	Asp	Glu	Cys	Glu	Glu	Thr	Met	Ala	Tyr	Asp	Ile	
	370					375					380					
Asp	Ile	Glu	Glu	Glu	Met	Arg	Arg	Arg	Gln	Gln	Gln	Gln	Ala	Gln	Glu	
385					390					395					400	
Ala	Tyr	Asp	Glu	Asp	Glu	Asp	Met	Pro	Gly	Gly	Gly	Gly	Gln	Arg	Val	
				405					410					415		
Gln	Cys	Ala	Gln	Gln												
			420													

<210> 17

<211> 1260

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

5 <400> 17

atgtttggaa	gaggaccttc	aaggaagagc	gataacacaa	agttctacga	gatccttggt	60
gttcctaaga	ccgcagcacc	agaagatctc	aagaaagctt	ataagaaagc	cgctatcaaa	120
aaccatcctg	ataaggggtg	tgatcccgaa	aagtttaaag	agtttagcaca	ggcttatgaa	180
gttttaagt	atcctgagaa	gcgtgagatc	tatgatcaat	atggggaaga	tgcactcaag	240
gaaggaatgg	gtgggtggagg	tggtggacac	gatccatttg	atatcttctc	ttccttcttt	300
ggtagtggtg	gacacccatt	cggaagtcac	agccggggaa	ggaggcagag	gcgtgggtgaa	360
gatgttggtc	atcccttgaa	ggtttcctta	gaggatgttt	atctcggaac	aacaaagaag	420
ctctcacttt	ctaggaaggc	tttgtgctca	aagtgtaacg	gcaagggttc	aaagtctgga	480
gcttcactga	aatgtgggtg	ctgtcaaggc	tcgggaatga	agatctcgat	caggcagttt	540
ggacctggaa	tgatgcagca	ggtgcagcat	gcttgtaatg	attccaaagg	cacaggagag	600
accatcaatg	atcgggacag	gtgtccacaa	tgcaaaggag	agaaggttgt	ctctgagaag	660
aaggtgcttg	aagtaaatgt	ggagaaggga	atgcaacaca	atcagaagat	cacattcagt	720
ggacaagccg	atgaagcgcc	tgatactgtc	accggagata	tagtgtttgt	cattcagcag	780
aaggagcacc	caaagttcaa	aagaaagggt	gaggatctct	ttgtggagca	caccatctct	840
ctaaccgagg	ccttgtgtgg	cttccagttt	gtcttgaccc	atgtggacaa	aagacagctt	900
ctcatcaa	ccaagcccgg	agaggtcgtc	aaacctgatt	catacaaggc	gataagtgat	960
gagggaaatgc	caatatacca	aagtccgttc	atgaagggtg	agctatacat	tcacttcacg	1020
gttgaattcc	cggaatcgct	gagcccggat	cagacaaagg	ccattgaagc	agttttgcca	1080
aagccaacca	aggcagctat	aagcgatatg	gaaatagacg	actgcgaaga	gacgactctg	1140
catgatgtga	acattgagga	tgagatgaaa	aggaaggcgc	aagctcaaag	agaggcttat	1200
gatgtcgcgtg	aggaagatca	cccaggcggt	gctcaccgtg	tgcaatgtgc	ccagcagtga	1260

<210> 18

<211> 419

<212> PRT

10 <213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 18

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

ES 2 375 488 T3

Ala	Ser	Met	Lys	Cys	Gly	Gly	Cys	Gln	Gly	Ser	Gly	Met	Lys	Ile	Ser	
				165					170					175		
Ile	Arg	Gln	Phe	Gly	Pro	Gly	Met	Met	Gln	Gln	Val	Gln	His	Ala	Cys	
			180					185					190			
Asn	Asp	Cys	Lys	Gly	Thr	Gly	Glu	Thr	Ile	Asn	Asp	Arg	Asp	Arg	Cys	
		195					200					205				
Pro	Gln	Cys	Lys	Gly	Glu	Lys	Val	Val	Ser	Glu	Lys	Lys	Val	Leu	Glu	
	210					215					220					
Val	Asn	Val	Glu	Lys	Gly	Met	Gln	His	Asn	Gln	Lys	Ile	Thr	Phe	Ser	
225					230					235					240	
Gly	Gln	Ala	Asp	Glu	Ala	Pro	Asp	Thr	Val	Thr	Gly	Asp	Ile	Val	Phe	
				245					250					255		
Val	Ile	Gln	Gln	Lys	Glu	His	Pro	Lys	Phe	Lys	Arg	Lys	Gly	Glu	Asp	
			260					265					270			
Leu	Phe	Val	Glu	His	Thr	Ile	Ser	Leu	Thr	Glu	Ala	Leu	Cys	Gly	Phe	
		275					280					285				
Gln	Phe	Val	Leu	Thr	His	Leu	Asp	Lys	Arg	Gln	Leu	Leu	Ile	Lys	Ser	
	290					295					300					
Lys	Pro	Gly	Glu	Val	Val	Lys	Pro	Asp	Ser	Tyr	Lys	Ala	Ile	Ser	Asp	
305					310					315					320	
Glu	Gly	Met	Pro	Ile	Tyr	Gln	Arg	Pro	Phe	Met	Lys	Gly	Lys	Leu	Tyr	
				325					330					335		
Ile	His	Phe	Thr	Val	Glu	Phe	Pro	Glu	Ser	Leu	Ser	Pro	Asp	Gln	Thr	
			340					345					350			
Lys	Ala	Ile	Glu	Ala	Val	Leu	Pro	Lys	Pro	Thr	Lys	Ala	Ala	Ile	Ser	
		355					360					365				
Asp	Met	Glu	Ile	Asp	Asp	Cys	Glu	Glu	Thr	Thr	Leu	His	Asp	Val	Asn	
	370					375					380					
Ile	Glu	Asp	Glu	Met	Lys	Arg	Lys	Ala	Gln	Ala	Gln	Arg	Glu	Ala	Tyr	
385					390					395					400	
Asp	Asp	Asp	Glu	Glu	Asp	His	Pro	Gly	Gly	Ala	Gln	Arg	Val	Gln	Cys	
				405					410					415		
Ala	Gln	Gln														

<210> 19

<211> 1263

<212> ADN

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 19

atgttcggtg	gaggaccctc	gaagaagagc	gacaacacta	agttctacga	gatcttaggt	60
gttcctaaga	gcgcttcacc	agaagatctc	aagaaagctt	acaaaaaagc	cgctatcaag	120
aatcatcctg	ataaggggtg	agatcccag	aaggtgaata	atttcttaga	tccgtatgaa	180
gtgcttagtg	acccggagaa	gcgtgagatt	tatgaccagt	atggagagga	tgcactcaag	240
gaaggaatgg	gtgggtggagg	aggtggacat	gatccatttg	atattttctc	atccttcttt	300
ggtggaggcc	cctttggagg	tgagtctcct	tggacactgt	ggcagaggcg	tgggtaggat	360
gttggttcac	ccttgaagg	atctcttgag	gatgtgtacc	ttggtacaat	gaagaagctt	420
tcactttcta	ggaatgctct	ctgctctaag	tgtaacgggt	tagtacattc	gactcgatcc	480
tccttgaaat	gtggaggggtg	tcagggatct	ggtatgaagg	tgtctattag	gcagcttgga	540
cctggaatga	tccagcagat	gcagcatgca	tgtaatgaat	gcaaaggagc	aggtgagacc	600
atcaatgatc	gggacagggtg	tccacaatgc	aaaggagaca	aggtcattcc	tgagaagaag	660
gtgcttgaag	tgaatgtgga	gaaggggaatg	caacacagtc	agaagatcac	atttgaagga	720
caagcagatg	aagcgggtatc	tactctcata	catttaataag	tgtttgtcct	tcagcagaaa	780
gagcacccaa	agttcaagag	aaagggagaa	gacctctttg	tggagcacac	actttctcta	840
accgaagctt	tgtgtggcctt	ccaatttgtt	ctgactcact	tggatggcag	aagtcttctc	900
attaaatcta	atcctgggga	ggtcgtgaaa	cctggtacgt	attcagatgc	atcgtatgaa	960
ggaatgccga	tataccagag	gccattcatg	aagggttaagc	tctacatcca	cttcacagtg	1020
gagttcccgg	actcgttgag	cccagatcag	accaaagcac	tggaaagctgt	tctacctaag	1080
ccgtcaacag	ctcagttgag	tgacatggag	atagatgaat	gcgaggagac	cacgctccac	1140
gatgtcaaca	ttgaggatga	gatgaggagg	aaggcacaag	ctcaaagaga	ggcttatgat	1200
gatgacgatg	aagatgatga	ccatccgggt	ggtgctcaaa	gggtgcaatg	tgcccagcag	1260
taa						1263

5 <210> 20

<211> 420

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 20

# ES 2 375 488 T3

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

Arg	Gln	Leu	Gly	Pro	Gly	Met	Ile	Gln	Gln	Met	Gln	His	Ala	Cys	Asn		
			180					185					190				
Glu	Cys	Lys	Gly	Thr	Gly	Glu	Thr	Ile	Asn	Asp	Arg	Asp	Arg	Cys	Pro		
		195					200					205					
Gln	Cys	Lys	Gly	Asp	Lys	Val	Ile	Pro	Glu	Lys	Lys	Val	Leu	Glu	Val		
	210					215					220						
Asn	Val	Glu	Lys	Gly	Met	Gln	His	Ser	Gln	Lys	Ile	Thr	Phe	Glu	Gly		
225					230					235					240		
Gln	Ala	Asp	Glu	Ala	Pro	Asp	Thr	Val	Thr	Gly	Asp	Ile	Val	Phe	Val		
				245					250					255			
Leu	Gln	Gln	Lys	Glu	His	Pro	Lys	Phe	Lys	Arg	Lys	Gly	Glu	Asp	Leu		
			260					265					270				
Phe	Val	Glu	His	Thr	Leu	Ser	Leu	Thr	Glu	Ala	Leu	Cys	Gly	Phe	Gln		
		275					280					285					
Phe	Val	Leu	Thr	His	Leu	Asp	Gly	Arg	Ser	Leu	Leu	Ile	Lys	Ser	Asn		
	290					295					300						
Pro	Gly	Glu	Val	Val	Lys	Pro	Asp	Ser	Tyr	Lys	Ala	Ile	Ser	Asp	Glu		
305					310					315					320		
Gly	Met	Pro	Ile	Tyr	Gln	Arg	Pro	Phe	Met	Lys	Gly	Lys	Leu	Tyr	Ile		
				325					330					335			
His	Phe	Thr	Val	Glu	Phe	Pro	Asp	Ser	Leu	Ser	Pro	Asp	Gln	Thr	Lys		
			340					345					350				
Ala	Leu	Glu	Ala	Val	Leu	Pro	Lys	Pro	Ser	Thr	Ala	Gln	Leu	Ser	Asp		
		355					360					365					
Met	Glu	Ile	Asp	Glu	Cys	Glu	Glu	Thr	Thr	Leu	His	Asp	Val	Asn	Ile		
	370					375					380						
Glu	Asp	Glu	Met	Arg	Arg	Lys	Ala	Gln	Ala	Gln	Arg	Glu	Ala	Tyr	Asp		
385					390					395					400		
Asp	Asp	Asp	Glu	Asp	Asp	Asp	His	Pro	Gly	Gly	Ala	Gln	Arg	Val	Gln		
				405					410					415			
Cys	Ala	Gln	Gln														
			420														

<210> 21

<211> 1254

<212> ADN

5 <213> *Atriplex nummularia*



<400> 21

atgttttgaa	gagcaccaaa	gaagagtgat	agcaccagat	attacgagat	cttaggcgta	60
ccaaaagatg	catctcctga	agattttgaag	aaggcttata	aaaaagctgc	cattaaaaat	120
catcctgaca	agggaggtga	tcccgagaag	tttaaagagc	tagctcatgc	ttatgaggtc	180
ctcagtgatc	ccgaaaagcg	tgagatctat	gatcaatatg	gtgaggatgc	acttaaggaa	240
ggaatgggtg	gaggtggcgg	tatgcatgat	ccattcgaca	tcttccaatc	cttctttgga	300
ggaagtccat	ttggtggtgt	tggttctagc	cgaggaagaa	ggcaaaggcg	gggagaagat	360
gtagtccatc	ctcttaaggt	ttcactcgag	gatctcttta	ccggtacaac	aaagaagctc	420
tcactctctc	gcaatgtaat	ttgttcaaag	tgtactggca	aaggatcaaa	atcgggagct	480
tctatgaagt	gttctggatg	tcaagggtact	ggtatgaagg	tttctatcag	acatctggga	540
ccctcaatga	tccagcagat	gcagcacctt	tgtaatgaat	gcaaaggaac	tggagagacg	600
attaatgaca	aagatcggtg	ccctcagtgc	aaaggtgaga	aggttgtgca	ggagaagaag	660
gtcttagagg	ttgtttgtgga	gaagggcatg	caacatggac	agaaaattac	tttccttgga	720
gaggctgatg	aaagtcctga	tactgtcact	ggagatatag	tctttgtcct	gcagcagaaa	780
gagcaccta	agttcaagag	aaagggtgaa	gatctcttct	acgagcacac	tctaagcctg	840
actgaagctc	tttgcggtct	tagatttgtg	ctgactcacc	ttgatggaag	gcaacttctt	900
atcaaataca	acctgggaga	agttgtcaag	cctgatcaat	tcaaggcaat	tgaggatgag	960
ggtatgccta	tataccaaag	gccgttcacg	aagggaaga	tgtacatcca	tttcacagtg	1020
gagttccccg	attcggttaa	ccctgatcaa	gttaaatacct	tggaagcgat	ccttcctcct	1080
aagccatcaa	tgtctctcac	atacatggag	ttagatgaat	gtgaagagac	aacactgcat	1140
aatgtcaaca	ttgaagaaga	gatgaaaagg	aagcagacac	aagcacagca	ggaggcatac	1200
gatgaagatg	acgaacctgc	cgggtggtcag	aggggtccaat	gtgctcaaca	gtga	1254

<210> 22

5 <211> 417

<212> PRT

<213> *Atriplex nummularia*

<400> 22

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

Glu Cys Lys Gly Thr Gly Glu Thr Ile Asn Asp Lys Asp Arg Cys Pro  
195 200 205

Gln Cys Lys Gly Glu Lys Val Val Gln Glu Lys Lys Val Leu Glu Val  
210 215 220

Val Val Glu Lys Gly Met Gln His Gly Gln Lys Ile Thr Phe Pro Gly  
225 230 235 240

Glu Ala Asp Glu Ala Pro Asp Thr Val Thr Gly Asp Ile Val Phe Val  
245 250 255

Leu Gln Gln Lys Glu His Pro Lys Phe Lys Arg Lys Gly Glu Asp Leu  
260 265 270

Phe Tyr Glu His Thr Leu Ser Leu Thr Glu Ala Leu Cys Gly Phe Arg  
275 280 285

Phe Val Leu Thr His Leu Asp Gly Arg Gln Leu Leu Ile Lys Ser Asn  
290 295 300

Leu Gly Glu Val Val Lys Pro Asp Gln Phe Lys Ala Ile Glu Asp Glu  
305 310 315 320

Gly Met Pro Ile Tyr Gln Arg Pro Phe Met Lys Gly Lys Met Tyr Ile  
325 330 335

His Phe Thr Val Glu Phe Pro Asp Ser Leu Asn Pro Asp Gln Val Lys  
340 345 350

Ser Leu Glu Ala Ile Leu Pro Pro Lys Pro Ser Met Ser Leu Thr Tyr  
355 360 365

Met Glu Leu Asp Glu Cys Glu Glu Thr Thr Leu His Asn Val Asn Ile  
370 375 380

Glu Glu Glu Met Lys Arg Lys Gln Thr Gln Ala Gln Gln Glu Ala Tyr  
385 390 395 400

Asp Glu Asp Asp Glu Pro Ala Gly Gly Gln Arg Val Gln Cys Ala Gln  
405 410 415

Gln

<210> 23

<211> 1242

<212> ADN

5 <213> *Cucumis sativus*

<400> 23

atgttttgaa	ggccgaagaa	gagcgataat	accaaataat	atgagattct	tggagtctcg	60
aagaatgctg	cgcaagacga	tctaaagaag	gcttatagaa	aggccgccat	caagaaccat	120
cctgataaag	gtggcgaccc	tgaaaaattc	aaggagttag	cacaagccta	cgaggtgctg	180
agtgatccag	agaaacgtga	gatatatgat	caatatggcg	aggatgccct	caaggaagga	240
atgggaggtg	gcggtggtca	tgatccattt	gacatattcc	agtctttctt	tggtggaagc	300
ccgtttggtg	gtggtggaag	cagcagaggc	cgaaggcaga	gaaggggaga	ggatgttatc	360
catcctctca	aggtctcgtt	ggaagatctc	tacaacggta	cttcaaagaa	gctctctctt	420
tcacgtaatg	taatttgctc	aaagtgcaag	ggtaagggtt	ctaaatctgg	tgcttcaatg	480
aagtgtcctg	gctgtcaagg	ttctgggatg	aaagtttcca	tcagacacct	tggcccctct	540
atgattcagc	aaatgcagca	tccttgcaat	gaatgtaaag	gaactggtga	gaccatcaat	600
gataaagatc	gctgctcaca	atgcaagggt	gaaaagggtt	ttcaggagaa	aaaagttttg	660
gaagttattg	tggagaaggg	tatgcaaaat	gcacaaaaga	ttacattccc	tggtgaagca	720
gatgaagcgc	ccgacactgt	tactggggac	attgtctttg	tcctacaaca	aaaagagcac	780
cccaagttta	agagaaaggg	cgatgacctc	tttgtagagc	ataccttgtc	tctcgtcgag	840
tctctgtgtg	gtttccaatt	tattctgact	catttggtatg	gccgacagct	actcatcaaa	900
tcacttccc	gtgaagtagt	gaagcctgac	caattcaagg	ccataaacga	tgagggtatg	960
cctatgtacc	agaggccatt	catgaagggc	aaactttaca	tccacttcag	tggtgagttc	1020
ccagactcct	tgaaccccga	acagtgcaag	gcgctggagg	gcgttctgcc	tcccaggacc	1080
tcagtgcagc	tctcagatat	ggaattggat	gaatgtgaag	agaccactct	ccacgatgtc	1140
aacattgaag	aggagatgcg	caggaagcaa	gcacaagagg	catacgatga	agatgaggat	1200
atgcacggtg	gtgcacagag	agtgcagtgt	gctcaacaat	ga		1242

<210> 24

<211> 413

5 <212> PRT

<213> *Cucumis sativus*

<400> 24

ES 2 375 488 T3

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

Lys	Gly	Glu	Lys	Val	Val	Gln	Glu	Lys	Lys	Val	Leu	Glu	Val	Ile	Val
210						215					220				
Glu	Lys	Gly	Met	Gln	Asn	Ala	Gln	Lys	Ile	Thr	Phe	Pro	Gly	Glu	Ala
225					230					235					240
Asp	Glu	Ala	Pro	Asp	Thr	Val	Thr	Gly	Asp	Ile	Val	Phe	Val	Leu	Gln
				245					250					255	
Gln	Lys	Glu	His	Pro	Lys	Phe	Lys	Arg	Lys	Gly	Asp	Asp	Leu	Phe	Val
			260					265					270		
Glu	His	Thr	Leu	Ser	Leu	Val	Glu	Ser	Leu	Cys	Gly	Phe	Gln	Phe	Ile
		275					280					285			
Leu	Thr	His	Leu	Asp	Gly	Arg	Gln	Leu	Leu	Ile	Lys	Ser	Leu	Pro	Gly
	290					295					300				
Glu	Val	Val	Lys	Pro	Asp	Gln	Phe	Lys	Ala	Ile	Asn	Asp	Glu	Gly	Met
305					310					315					320
Pro	Met	Tyr	Gln	Arg	Pro	Phe	Met	Lys	Gly	Lys	Leu	Tyr	Ile	His	Phe
				325					330					335	
Ser	Val	Glu	Phe	Pro	Asp	Ser	Leu	Asn	Pro	Glu	Gln	Cys	Lys	Ala	Leu
			340					345					350		
Glu	Gly	Val	Leu	Pro	Pro	Arg	Thr	Ser	Val	Gln	Leu	Ser	Asp	Met	Glu
		355					360					365			
Leu	Asp	Glu	Cys	Glu	Glu	Thr	Thr	Leu	His	Asp	Val	Asn	Ile	Glu	Glu
	370					375					380				
Glu	Met	Arg	Arg	Lys	Gln	Ala	Gln	Glu	Ala	Tyr	Asp	Glu	Asp	Glu	Asp
385					390					395					400
Met	His	Gly	Gly	Ala	Gln	Arg	Val	Gln	Cys	Ala	Gln	Gln			
				405					410						

<210> 25

<211> 1257

<212> ADN

5 <213> *Daucus carota*

<400> 25

atgtttggga	gagcaccaaa	gaagagtgac	aatacaaagt	actatgaaat	tcttggtgtc	60
ccaaaaacag	catcacctga	tgatctgaag	aaagcttaca	ggaaggctgc	tatcaagaat	120
catcctgata	aggggtggcg	tcctgaaaag	tttaaagagc	ttgcgcaagc	atatgagggt	180
ctgagtgacc	cagagaagcg	tgaaatctat	gatcagtatg	gagaggatgc	tctcaaggag	240
ggaatgggtg	gtgggtggagg	tggtggccat	gaccatttg	acattttcca	atccttcttt	300
ggtggcagcc	cgtttggtgg	aggtggcagc	agcagaggac	gaaggcaaag	aaggggggag	360
gatgtcattc	atccccttaa	ggtttcactg	gaagatcttt	gcaatgggac	ttccaagaag	420
ctttcccttt	cacgtaatgt	aatttggttct	aatgcaagg	gaaaggggtc	caagtcgggt	480
gcttcaatga	catgtcctgg	ctgccagggt	tctggaatga	aggtttctat	caggcacttg	540
ggcccatcta	tgatccagca	gatgcagcat	ccctgcaatg	actgcaaggg	tactggagaa	600
acaatcaacg	acaaggatcg	ctgccctcaa	tgcaaaggtc	aaaagggtgt	gcaggagaag	660
aaagcaatag	aagttattgt	ggagaagggt	atgcaaaacg	gacagaagat	tacattccct	720
ggagaagctg	atgaagcgcc	tgacacggtt	actggggaca	tagtgtttgt	gttgcaacaa	780

aaggagcacc	ccaagttaa	gaggaagggt	gatgatcttt	ttgttgaaca	ttcattaact	840
ctcagtgaag	cactttgtgg	cttccaattt	actttgactc	acctggacgg	caggcagctt	900
cttattaaat	cccagccagg	agaagttatc	aagccagatc	aatttaaggg	gataaatgat	960
gaaggaatgc	caatgtatca	gaggccattt	atgcgaggaa	agctttacat	tcactttagt	1020
gtagatttcc	cagagtcctt	gaccctgag	cagtgcaaag	ctcttgaagc	tgtgttacct	1080
ccgaggcctt	caattcagat	gacagacatg	gaactggatg	aatgtgaaga	aacaacactg	1140
catgatgtga	atattgaaga	ggagatgcgt	cggaacagc	aagctgcca	agaggcatat	1200
gacgaagacg	aagatatgca	tggcggtgct	cagagggtgc	agtgtgctca	acaatga	1257

<210> 26

<211> 418

5 <212> PRT

<213> *Daucus carota*

<400> 26

ES 2 375 488 T3

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



Gly	Glu	Ala	Asp	Glu	Ala	Pro	Asp	Thr	Val	Thr	Gly	Asp	Ile	Val	Phe
				245					250					255	
Val	Leu	Gln	Gln	Lys	Glu	His	Pro	Lys	Phe	Lys	Arg	Lys	Gly	Asp	Asp
			260					265					270		
Leu	Phe	Val	Glu	His	Ser	Leu	Thr	Leu	Ser	Glu	Ala	Leu	Cys	Gly	Phe
		275					280					285			
Gln	Phe	Thr	Leu	Thr	His	Leu	Asp	Gly	Arg	Gln	Leu	Leu	Ile	Lys	Ser
	290					295					300				
Gln	Pro	Gly	Glu	Val	Ile	Lys	Pro	Asp	Gln	Phe	Lys	Gly	Ile	Asn	Asp
305					310					315					320
Glu	Gly	Met	Pro	Met	Tyr	Gln	Arg	Pro	Phe	Met	Arg	Gly	Lys	Leu	Tyr
				325					330					335	
Ile	His	Phe	Ser	Val	Asp	Phe	Pro	Glu	Ser	Leu	Thr	Pro	Glu	Gln	Cys
			340					345					350		
Lys	Ala	Leu	Glu	Ala	Val	Leu	Pro	Pro	Arg	Pro	Ser	Ile	Gln	Met	Thr
		355					360					365			
Asp	Met	Glu	Leu	Asp	Glu	Cys	Glu	Glu	Thr	Thr	Leu	His	Asp	Val	Asn
	370					375					380				
Ile	Glu	Glu	Glu	Met	Arg	Arg	Lys	Gln	Gln	Ala	Ala	Gln	Glu	Ala	Tyr
385					390					395					400
Asp	Glu	Asp	Glu	Asp	Met	His	Gly	Gly	Ala	Gln	Arg	Val	Gln	Cys	Ala
				405					410					415	

Gln Gln

<210> 27

<211> 1254

<212> ADN

5 <213> *Glycine max*

<400> 27

# ES 2 375 488 T3

atgtttggga	gggcaccgaa	gaagagcgat	aatacgaggt	actacgaaat	cctcggcgctc	60
tccaagaacg	cttcgcagga	tgatctgaag	aaggcttaca	agaaagccgc	cattaagaat	120
caccccgaca	agggcggtga	tcccgagaag	tttaaagagc	tggcgcaagc	ttatgaggtt	180
ctgagtgacc	ctgagaagcg	tgagatatat	gacagtatg	gtgaagatgc	gcttaaggaa	240
ggaatgggtg	gtggcggtgg	ccatgatcca	tttgatatct	tttcatcttt	ctttggcggt	300
gggagtcctt	ttggatcagg	tggaagtagt	cgaggtagga	ggcagagggcg	cggagaagac	360
gtgggttcacc	ctctcaaggt	ctcttttgag	gacctttatc	ttggaacttc	caagaagctc	420
tccctctcca	gaaatgttat	atgctccaag	tgcagtggca	agggttctaa	gtctggtgct	480
tcgatgaagt	gtgctggttg	tcaaggaaact	ggtatgaagg	tttctataag	acatcttggc	540
ccatccatga	ttcagcagat	gcagcatgcc	tgcaatgaat	gtaaggggtac	tggagaaact	600
atcaatgaca	gagatcgctg	cccacagtgc	aaggagagaga	aggttggtgca	ggagaagaaa	660
gtccttgaag	ttattgtaga	aaaggggatg	cagaatgggc	agaagataac	attccctggc	720
gaagctgatg	aagcgccgga	cacaattact	ggggatatcg	tctttgtcct	tcagcagaag	780
gaacatccca	aattcaaaag	aaaggctgaa	gatctttttg	tagagcacac	tttgtccctt	840
accgaggcct	tgtgtggctt	ccaattttgtg	ctgactcact	tggatagccg	tcagcttctt	900
attaaatcaa	atcccgggga	agttgtgaag	cctgattcat	acaaggctat	aatgatgag	960

ggaatgcccc	tgtatcagag	gccattcatg	aaggggaaac	tttacattca	cttcactgtg	1020
gagtttccag	attctctaaa	ccctgatcaa	gttaaggcct	tggaggctgt	tctgccacca	1080
aagccttctt	cacaattgac	agacatggag	ctggatgaat	gtgaggaaac	tacactccat	1140
gatgtcaaca	tggaggagga	gactaggagg	aagcagcaac	aagctcagga	ggcatatgat	1200
gaggatgatg	acatgcctgg	tggtgcacag	aggggtacagt	gcgcccagca	gtaa	1254

<210> 28

<211> 417

5 <212> PRT

<213> *Glycine max*

<400> 28

ES 2 375 488 T3

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

Leu	Gln	Gln	Lys	Glu	His	Pro	Lys	Phe	Lys	Arg	Lys	Ala	Glu	Asp	Leu
			260					265					270		
Phe	Val	Glu	His	Thr	Leu	Ser	Leu	Thr	Glu	Ala	Leu	Cys	Gly	Phe	Gln
		275					280					285			
Phe	Val	Leu	Thr	His	Leu	Asp	Ser	Arg	Gln	Leu	Leu	Ile	Lys	Ser	Asn
	290					295					300				
Pro	Gly	Glu	Val	Val	Lys	Pro	Asp	Ser	Tyr	Lys	Ala	Ile	Asn	Asp	Glu
305					310					315					320
Gly	Met	Pro	Met	Tyr	Gln	Arg	Pro	Phe	Met	Lys	Gly	Lys	Leu	Tyr	Ile
				325					330					335	
His	Phe	Thr	Val	Glu	Phe	Pro	Asp	Ser	Leu	Asn	Pro	Asp	Gln	Val	Lys
			340					345					350		
Ala	Leu	Glu	Ala	Val	Leu	Pro	Pro	Lys	Pro	Ser	Ser	Gln	Leu	Thr	Asp
		355					360					365			
Met	Glu	Leu	Asp	Glu	Cys	Glu	Glu	Thr	Thr	Leu	His	Asp	Val	Asn	Met
	370					375					380				
Glu	Glu	Glu	Thr	Arg	Arg	Lys	Gln	Gln	Gln	Ala	Gln	Glu	Ala	Tyr	Asp
385					390					395					400
Glu	Asp	Asp	Asp	Met	Pro	Gly	Gly	Ala	Gln	Arg	Val	Gln	Cys	Ala	Gln
				405					410					415	

Gln

<210> 29

<211> 1248

<212> ADN

5 <213> *Hevea brasiliensis*

<400> 29

atgtttggaa	gagcacccaa	aaaaagcgat	aacaccaagt	actatgagat	tcttgggggc	60
tcaaagaacg	cttcacagga	tgatctaaag	aaggcttata	gaaaagctgc	catcaagaac	120
catcctgaca	aggggtggtga	tcctgaaaag	tttaaagagt	tggcccaagc	ttatgagggt	180
ttgagtgatc	cagagaaacg	tgagatatat	gatcaatatg	gagaggacgc	cctcaaggag	240
ggaatgggca	gtggaggtgg	tgctcatgac	ccatttgaca	ttttccaatc	cttctttggt	300
ggcaaccat	ttggtggtgg	tggtagcagc	agaggccgta	ggaaggaggg	agaggatggt	360
atccatcctc	tcaagggttc	tttggaagat	ctctacaatg	gcacctcaaa	gaagctgtct	420
ctttcccgtg	atgttatctg	ctcaaagtgc	aaaggtaaag	ggtccaaatc	aggtgcatca	480
atgaaatggt	cgggttgcca	aggttctgga	atgaaggtct	ccataagaca	acttggtccc	540
tctatgatcc	agcaaataca	gcacacctgt	aatgaatgta	agggtagctg	tgagaccatt	600
aatgataagg	atcggtgccc	tcaatgtaaa	ggtgaaaagg	ttgttcagga	gaagaaagtg	660
ctggaagtta	ttgttgagaa	gggtatgcaa	aatggacaga	ggattacttt	ccctggagaa	720
gctgatgaag	ctcctgatac	tattacaggg	gacattgttt	ttgtccttca	gcaaaaggag	780
catcctaagt	tcaagcgaaa	gggtgatgac	ctaattgttg	atcacacttt	atctcttaca	840
gaggcacttt	gtgcctccca	gtttatatta	acccatctag	atggagacct	cctcataaaa	900
tcccaacctg	gggaggtagt	gaagcctgat	caattcaagg	ccataaatga	tgaagggatg	960
ccaatgtatc	agaggccatt	catgaggggg	aaactgtaca	ttcatttcag	tggtgatttc	1020
ccagactctc	tgccccctga	tcagtgcata	gccctagagg	cagttcttcc	ctcaagaaca	1080
tcagtccagc	tgtctgacat	ggagctggat	gaatgtgagg	agacaacttt	acacgatgtg	1140
aactttgacg	aggagatgcg	aaggaagcaa	caacaggccc	aagaggcata	tgatgaagat	1200
gatgatatgc	atggtggtgg	ccagaggggtg	caatgtgctc	agcaataa		1248

<210> 30

<211> 415

5 <212> PRT

<213> *Hevea brasiliensis*

<400> 30

ES 2 375 488 T3

Met	Phe	Gly	Arg	Ala	Pro	Lys	Lys	Ser	Asp	Asn	Thr	Lys	Tyr	Tyr	Glu	1	5	10	15
Ile	Leu	Gly	Val	Ser	Lys	Asn	Ala	Ser	Gln	Asp	Asp	Leu	Lys	Lys	Ala	20	25	30	
Tyr	Arg	Lys	Ala	Ala	Ile	Lys	Asn	His	Pro	Asp	Lys	Gly	Gly	Asp	Pro	35	40	45	
Glu	Lys	Phe	Lys	Glu	Leu	Ala	Gln	Ala	Tyr	Glu	Val	Leu	Ser	Asp	Pro	50	55	60	
Glu	Lys	Arg	Glu	Ile	Tyr	Asp	Gln	Tyr	Gly	Glu	Asp	Ala	Leu	Lys	Glu	65	70	75	80
Gly	Met	Gly	Ser	Gly	Gly	Gly	Ala	His	Asp	Pro	Phe	Asp	Ile	Phe	Gln	85	90	95	
Ser	Phe	Phe	Gly	Gly	Asn	Pro	Phe	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Ser	Arg	Gly	100	105	110	
Arg	Arg	Lys	Glu	Gly	Glu	Asp	Val	Ile	His	Pro	Leu	Lys	Val	Ser	Leu	115	120	125	
Glu	Asp	Leu	Tyr	Asn	Gly	Thr	Ser	Lys	Lys	Leu	Ser	Leu	Ser	Arg	Asn	130	135	140	
Val	Ile	Cys	Ser	Lys	Cys	Lys	Gly	Lys	Gly	Ser	Lys	Ser	Gly	Ala	Ser	145	150	155	160
Met	Lys	Cys	Ser	Gly	Cys	Gln	Gly	Ser	Gly	Met	Lys	Val	Ser	Ile	Arg	165	170	175	
Gln	Leu	Gly	Pro	Ser	Met	Ile	Gln	Gln	Met	Gln	His	Pro	Cys	Asn	Glu	180	185	190	
Cys	Lys	Gly	Thr	Gly	Glu	Thr	Ile	Asn	Asp	Lys	Asp	Arg	Cys	Pro	Gln	195	200	205	
Cys	Lys	Gly	Glu	Lys	Val	Val	Gln	Glu	Lys	Lys	Val	Leu	Glu	Val	Ile	210	215	220	
Val	Glu	Lys	Gly	Met	Gln	Asn	Gly	Gln	Arg	Ile	Thr	Phe	Pro	Gly	Glu	225	230	235	240
Ala	Asp	Glu	Ala	Pro	Asp	Thr	Ile	Thr	Gly	Asp	Ile	Val	Phe	Val	Leu	245	250	255	
Gln	Gln	Lys	Glu	His	Pro	Lys	Phe	Lys	Arg	Lys	Gly	Asp	Asp	Leu	Ile	260	265	270	

Val Asp His Thr Leu Ser Leu Thr Glu Ala Leu Cys Ala Ser Gln Phe  
275 280 285

Ile Leu Thr His Leu Asp Gly Asp Leu Leu Ile Lys Ser Gln Pro Gly  
290 295 300

Glu Val Val Lys Pro Asp Gln Phe Lys Ala Ile Asn Asp Glu Gly Met  
305 310 315 320

Pro Met Tyr Gln Arg Pro Phe Met Arg Gly Lys Leu Tyr Ile His Phe  
325 330 335

Ser Val Asp Phe Pro Asp Ser Leu Pro Pro Asp Gln Cys Lys Ala Leu  
340 345 350

Glu Ala Val Leu Pro Ser Arg Thr Ser Val Gln Leu Ser Asp Met Glu  
355 360 365

Leu Asp Glu Cys Glu Glu Thr Thr Leu His Asp Val Asn Phe Asp Glu  
370 375 380

Glu Met Arg Arg Lys Gln Gln Gln Ala Gln Glu Ala Tyr Asp Glu Asp  
385 390 395 400

Asp Asp Met His Gly Gly Gly Gln Arg Val Gln Cys Ala Gln Gln  
405 410 415

<210> 31

<211> 1260

<212> ADN

5 <213> *Lycopersicum esculentum*

<400> 31

atgttttgaa	gagcaccgaa	gaagagcgat	aatacaaagt	attatgagat	cttaggagtt	60
cctaaggctg	cttctcagga	agatctcaaa	aaggcttatc	gtaaagctgc	tatcaaaaat	120
caccctgata	agggaggcga	tcctgagaag	tttaaagagc	ttgctcaagc	ttatgagggt	180
ctgagtgacc	cggagaagcg	tgagatatat	gatcagtatg	gagaggatgc	tctaaaggaa	240
ggaatgggtg	gtggagggtg	tggacatgaa	ccatttgata	tatttcaatc	attcttcggt	300
ggtggtggaa	acccctttgg	tgtgtgtgga	agcagcagag	tccgaagaca	gagaagagga	360
gaggatgtta	tccacccgct	caaggtttct	ttagaggatc	tttacaatgg	gacatcaaag	420
aagctttcac	tatctcgcaa	tgtgttgtgc	tcaaagtgca	agggcaaagg	ttccaagtca	480
ggtgcttcaa	tgaaatgttc	tggctgtcaa	gggtctggaa	tgaaagtttc	tatcagacag	540
ctcgggccat	ccatgatcca	gcagatgcag	cacccttgca	atgagtgcaa	gggtactgga	600
gagacgatca	gtgacaaaaga	taggtgccct	cagtgcgaag	gtgagaaggt	tgtgcaggag	660
aagaaggtgt	tggaaagttca	cgtggagaag	ggtatgcaga	atgggcaaaa	gataacattt	720
ccaggcgagg	cagatgaagc	gccagatacc	atcactggag	acattgtttt	tgtcttgcaa	780
caaaaggaac	atcctaagtt	caagcgaag	ggagatgatc	tttttgttga	gcacacattg	840
agccttgacg	agtctctatg	tggtttccag	tttgttctga	ctcacctaga	caacagacag	900
ctgctcatta	agtcccaacc	tggcgaagtt	gtcaagcctg	atcagtttaa	ggctatcaac	960
gatgaaggaa	tgccgatgta	ccaaaggccg	ttcatgaagg	gcaaaatgta	cattcacttc	1020
actgttgatt	tccccgagtc	attacacgca	gagcagtgca	agaaccttga	ggctgtgctg	1080
cctcccaaaa	ccaaattgca	gatatcagat	atggaattgg	acgagtggga	ggagactact	1140
ttgcacgatg	tcaacattga	ggaggagatg	cgaagggaagc	agcaagctgc	ccaagaggca	1200
caggacgaag	atgacgatat	gcctgggtggt	gcacagagag	tccaatgtgc	acagcagtaa	1260

<210> 32

<211> 419

<212> PRT

<213> *Lycopersicum esculentum*

5 <400> 32



ES 2 375 488 T3

Met	Phe	Gly	Arg	Ala	Pro	Lys	Lys	Ser	Asp	Asn	Thr	Lys	Tyr	Tyr	Glu	1	5	10	15
Ile	Leu	Gly	Val	Pro	Lys	Ala	Ala	Ser	Gln	Glu	Asp	Leu	Lys	Lys	Ala	20	25	30	
Tyr	Arg	Lys	Ala	Ala	Ile	Lys	Asn	His	Pro	Asp	Lys	Gly	Gly	Asp	Pro	35	40	45	
Glu	Lys	Phe	Lys	Glu	Leu	Ala	Gln	Ala	Tyr	Glu	Val	Leu	Ser	Asp	Pro	50	55	60	
Glu	Lys	Arg	Glu	Ile	Tyr	Asp	Gln	Tyr	Gly	Glu	Asp	Ala	Leu	Lys	Glu	65	70	75	80
Gly	Met	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	His	Glu	Pro	Phe	Asp	Ile	Phe	Gln	85	90	95	
Ser	Phe	Phe	Gly	Gly	Gly	Gly	Asn	Pro	Phe	Gly	Gly	Gly	Gly	Ser	Ser	100	105	110	
Arg	Val	Arg	Arg	Gln	Arg	Arg	Gly	Glu	Asp	Val	Ile	His	Pro	Leu	Lys	115	120	125	
Val	Ser	Leu	Glu	Asp	Leu	Tyr	Asn	Gly	Thr	Ser	Lys	Lys	Leu	Ser	Leu	130	135	140	
Ser	Arg	Asn	Val	Leu	Cys	Ser	Lys	Cys	Lys	Gly	Lys	Gly	Ser	Lys	Ser	145	150	155	160
Gly	Ala	Ser	Met	Lys	Cys	Ser	Gly	Cys	Gln	Gly	Ser	Gly	Met	Lys	Val	165	170	175	
Ser	Ile	Arg	Gln	Leu	Gly	Pro	Ser	Met	Ile	Gln	Gln	Met	Gln	His	Pro	180	185	190	
Cys	Asn	Glu	Cys	Lys	Gly	Thr	Gly	Glu	Thr	Ile	Ser	Asp	Lys	Asp	Arg	195	200	205	
Cys	Pro	Gln	Cys	Lys	Gly	Glu	Lys	Val	Val	Gln	Glu	Lys	Lys	Val	Leu	210	215	220	
Glu	Val	His	Val	Glu	Lys	Gly	Met	Gln	Asn	Gly	Gln	Lys	Ile	Thr	Phe	225	230	235	240
Pro	Gly	Glu	Ala	Asp	Glu	Ala	Pro	Asp	Thr	Ile	Thr	Gly	Asp	Ile	Val	245	250	255	
Phe	Val	Leu	Gln	Gln	Lys	Glu	His	Pro	Lys	Phe	Lys	Arg	Lys	Gly	Asp	260	265	270	
Asp	Leu	Phe	Val	Glu	His	Thr	Leu	Ser	Leu	Asp	Glu	Ser	Leu	Cys	Gly	275	280	285	
Phe	Gln	Phe	Val	Leu	Thr	His	Leu	Asp	Asn	Arg	Gln	Leu	Leu	Ile	Lys	290	295	300	

Ser	Gln	Pro	Gly	Glu	Val	Val	Lys	Pro	Asp	Gln	Phe	Lys	Ala	Ile	Asn
305					310					315					320
Asp	Glu	Gly	Met	Pro	Met	Tyr	Gln	Arg	Pro	Phe	Met	Lys	Gly	Lys	Met
			325						330					335	
Tyr	Ile	His	Phe	Thr	Val	Asp	Phe	Pro	Glu	Ser	Leu	His	Ala	Glu	Gln
			340					345					350		
Cys	Lys	Asn	Leu	Glu	Ala	Val	Leu	Pro	Pro	Lys	Thr	Lys	Leu	Gln	Ile
		355					360					365			
Ser	Asp	Met	Glu	Leu	Asp	Glu	Trp	Glu	Glu	Thr	Thr	Leu	His	Asp	Val
	370					375					380				
Asn	Ile	Glu	Glu	Glu	Met	Arg	Arg	Lys	Gln	Gln	Ala	Ala	Gln	Glu	Ala
385					390					395					400
Gln	Asp	Glu	Asp	Asp	Asp	Met	Pro	Gly	Gly	Ala	Gln	Arg	Val	Gln	Cys
			405					410						415	

Ala Gln Gln

<210> 33

<211> 1272

<212> ADN

5 <213> *Medicago sativa*

<400> 33

atgtttgggc	gcggaccaac	aaggaagagt	gataacacca	aatattacga	tattcttggt	60
gtttcaaaaa	gtgctagtga	agatgaaatc	aagaaagcct	atagaaaggc	agcgatgaag	120
aaccatccag	ataagggtgg	ggatcctgag	aagttcaagg	agttgggcca	agcatatgaa	180
gtgttgagcg	atcctgaaaa	gaaagaactg	tatgatcaat	atggtgaaga	tgcccttaaa	240
gaaggaatgg	ggggaggcgc	aggaagctca	tttcataatc	cgtttgatat	tttcgaatca	300
ttttttggtg	caggcttttg	tgggtggtgg	ccttcacgcg	caagaagaca	gaagcaagga	360
gaagatgtgg	tgcattctat	aaagggtttcc	ttggaggatg	tgtataacgg	cactacaaag	420
aagctatcac	tttctaggaa	tgcaactgtgc	tcaaaatgta	aagggaagg	ttcaaaaagt	480
ggaactgctg	gaagggtgtt	tggatgccag	ggcacaggta	tgaagattac	cagaaggcaa	540
attggactgg	gcatgattca	acaaatgcaa	cacgtctgtc	ctgactgcaa	aggaacaggc	600
gaggtcatta	gtgagagaga	tagatgccct	caatgcaagg	gaaacaagat	tactcaagaa	660
aagaagggtg	tggaggtgca	tgtggaaaaa	gggatgcagc	agggtcacaa	gattgtattc	720
gaaggacaag	ctgatgaact	ccctgataca	atcacaggag	acatagtttt	tgtcttgcaa	780
gtaaagggac	atccgaagtt	tcggagggag	cgtgatgacc	ttcacattga	acacaatttg	840
agcttaactg	atgctctctg	tggcttccag	tttaatgtca	cacatcttga	tggaaggcaa	900
ctattggtca	aatcgaaccc	cggcgaagtc	atcaagccag	gtcaacataa	agctataaat	960
gatgagggaa	tgccacaaca	tggtaggccg	ttcatgaagg	gacgcctata	catcaagttt	1020
agtgttgatt	tcccggattc	gggttttctt	tccccaagcc	aaagcctgga	attagaaaag	1080
atattacctc	aaaagacaag	caagaacttg	tcccaaaagg	aggtagatga	ttgtgaggag	1140
accaccctgc	atgatgtcaa	tattgcagag	gagatgagtc	gaaagaagca	acaataccgt	1200
gaggcatatg	atgacgatga	tgatgaagat	gatgagcact	cgcagcctcg	ggtgcaatgc	1260
gctcaacagt	ag					1272

<210> 34

<211> 423

<212> PRT

<213> *Medicago sativa*

<400> 34

Met	Phe	Gly	Arg	Gly	Pro	Thr	Arg	Lys	Ser	Asp	Asn	Thr	Lys	Tyr	Tyr	1	5	10	15
Asp	Ile	Leu	Gly	Val	Ser	Lys	Ser	Ala	Ser	Glu	Asp	Glu	Ile	Lys	Lys	20	25	30	
Ala	Tyr	Arg	Lys	Ala	Ala	Met	Lys	Asn	His	Pro	Asp	Lys	Gly	Gly	Asp	35	40	45	
Pro	Glu	Lys	Phe	Lys	Glu	Leu	Gly	Gln	Ala	Tyr	Glu	Val	Leu	Ser	Asp	50	55	60	
Pro	Glu	Lys	Lys	Glu	Leu	Tyr	Asp	Gln	Tyr	Gly	Glu	Asp	Ala	Leu	Lys	65	70	75	80
Glu	Gly	Met	Gly	Gly	Gly	Ala	Gly	Ser	Ser	Phe	His	Asn	Pro	Phe	Asp	85	90	95	
Ile	Phe	Glu	Ser	Phe	Phe	Gly	Ala	Gly	Phe	Gly	Gly	Gly	Gly	Pro	Ser	100	105	110	
Arg	Ala	Arg	Arg	Gln	Lys	Gln	Gly	Glu	Asp	Val	Val	His	Ser	Ile	Lys	115	120	125	
Val	Ser	Leu	Glu	Asp	Val	Tyr	Asn	Gly	Thr	Thr	Lys	Lys	Leu	Ser	Leu	130	135	140	
Ser	Arg	Asn	Ala	Leu	Cys	Ser	Lys	Cys	Lys	Gly	Lys	Gly	Ser	Lys	Ser	145	150	155	160
Gly	Thr	Ala	Gly	Arg	Cys	Phe	Gly	Cys	Gln	Gly	Thr	Gly	Met	Lys	Ile	165	170	175	
Thr	Arg	Arg	Gln	Ile	Gly	Leu	Gly	Met	Ile	Gln	Gln	Met	Gln	His	Val	180	185	190	
Cys	Pro	Asp	Cys	Lys	Gly	Thr	Gly	Glu	Val	Ile	Ser	Glu	Arg	Asp	Arg	195	200	205	
Cys	Pro	Gln	Cys	Lys	Gly	Asn	Lys	Ile	Thr	Gln	Glu	Lys	Lys	Val	Leu	210	215	220	
Glu	Val	His	Val	Glu	Lys	Gly	Met	Gln	Gln	Gly	His	Lys	Ile	Val	Phe	225	230	235	240
Glu	Gly	Gln	Ala	Asp	Glu	Leu	Pro	Asp	Thr	Ile	Thr	Gly	Asp	Ile	Val	245	250	255	
Phe	Val	Leu	Gln	Val	Lys	Gly	His	Pro	Lys	Phe	Arg	Arg	Glu	Arg	Asp	260	265	270	
Asp	Leu	His	Ile	Glu	His	Asn	Leu	Ser	Leu	Thr	Asp	Ala	Leu	Cys	Gly	275	280	285	
Phe	Gln	Phe	Asn	Val	Thr	His	Leu	Asp	Gly	Arg	Gln	Leu	Leu	Val	Lys	290	295	300	
Ser	Asn	Pro	Gly	Glu	Val	Ile	Lys	Pro	Gly	Gln	His	Lys	Ala	Ile	Asn				

# ES 2 375 488 T3

305		310		315		320
Asp Glu Gly Met Pro	Gln His Gly Arg Pro	Phe Met Lys Gly Arg Leu				
	325	330			335	
Tyr Ile Lys Phe Ser	Val Asp Phe Pro Asp	Ser Gly Phe Leu Ser Pro				
	340	345			350	
Ser Gln Ser Leu Glu	Leu Glu Lys Ile Leu	Pro Gln Lys Thr Ser Lys				
	355	360			365	
Asn Leu Ser Gln Lys	Glu Val Asp Asp Cys	Glu Glu Thr Thr Leu His				
	370	375			380	
Asp Val Asn Ile Ala	Glu Glu Met Ser Arg	Lys Lys Gln Gln Tyr Arg				
	385	390			395	400
Glu Ala Tyr Asp Asp	Asp Asp Asp Glu Asp	Asp Glu His Ser Gln Pro				
	405	410			415	
Arg Val Gln Cys Ala	Gln Gln					
	420					

<210> 35

<211> 1257

<212> ADN

5 <213> *Nicotiana tabacum*

<400> 35

atgtttggga	gaggaccaa	gaagagtgat	aatacagagt	actatgaaat	attgggtgtg	60
tcaaagaatg	catcagatga	tgaaatcaag	aaagcttata	gaaaagctgc	tatgaagaat	120
caccctgata	aggggtggtga	ccctgaaaag	tttaaggagc	ttgctcaagc	ttatgaggtg	180
ttgagtgcact	cacagaagcg	tgagatttat	gatcagtatg	gagaagatgc	attaaaagaa	240
ggaaatgggtg	gcggcgccgg	aatgcatgat	ccatttgaca	tctttgaatc	tttctttggt	300
ggcaatccat	ttggaggtgg	tggtagcagc	agaggaagaa	gacagagaag	gggtgaggat	360
gtagtgcac	cactgaaggt	ctctctcgag	gacctttaca	gtgggataac	caaaaaactc	420
tccctttcgc	gcaatgtcat	ttgctccaag	tgcaagtggga	aaggatcgaa	gtctggtgct	480
tcaatgaagt	gttctggttg	taaaggtagt	ggtatgaagg	tttcaattag	acaacttggc	540
ccttcaatga	tccagcaa	gcagcacgct	tgtaatgaat	gcaaggggtac	tggagagact	600
attgacgata	aggatcgggtg	ccctcgggtg	aaaggtgaaa	aagtgggttca	ggagaagaaa	660
gtccttgaag	ttcatgttga	gaaaggcatg	caaaatggac	agaaaattac	attccctgga	720
aaggctgatg	aaaccctga	tgcaattact	ggagatatag	tttttgtgct	ccagcagaaa	780
gacacccgag	gttccaagag	aaagggcgac	gatctgtttg	tagatcacac	attgagtcta	840
actgaggctt	tatgtggctt	ccagttcata	atgacacact	tggatggcag	acaactcctc	900
ataaaatcaa	atctcgggga	agttgtttaa	cctgatcaat	tcaaggcaat	caatgatgag	960
ggaacgcaa	tgatcagag	gccatttatg	aggggcaaat	tgtacattcg	tttcgtcggt	1020
gaattcccag	attcattgaa	cacagaacag	gtgaaggctc	tggaggcaat	cttaccacca	1080
agacctcagt	cacagtacac	agacatggaa	ttggatgagt	gtgaggagac	ttctttacat	1140
gatgtgaata	ttgaggagga	aatgagaagg	aaacaggcag	ctcaacaaga	ggcatatgat	1200
gaggatgatg	agatgcatgg	tggtggagga	cagagagtac	aatgtgcaca	gcagtaa	1257

<210> 36

<211> 418

10 <212> PRT

<213> *Nicotiana tabacum*

<400> 36

Met	Phe	Gly	Arg	Gly	Pro	Lys	Lys	Ser	Asp	Asn	Thr	Arg	Tyr	Tyr	Glu
1				5					10					15	

ES 2 375 488 T3

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

Gly Thr Pro Met Tyr Gln Arg Pro Phe Met Arg Gly Lys Leu Tyr Ile  
325 330 335

Arg Phe Val Val Glu Phe Pro Asp Ser Leu Asn Thr Glu Gln Val Lys  
340 345 350

Ala Leu Glu Ala Ile Leu Pro Pro Arg Pro Gln Ser Gln Tyr Thr Asp  
355 360 365

Met Glu Leu Asp Glu Cys Glu Glu Thr Ser Leu His Asp Val Asn Ile  
370 375 380

Glu Glu Glu Met Arg Arg Lys Gln Ala Ala Gln Gln Glu Ala Tyr Asp  
385 390 395 400

Glu Asp Asp Glu Met His Gly Gly Gly Gly Gln Arg Val Gln Cys Ala  
405 410 415

Gln Gln

<210> 37

<211> 1272

<212> ADN

5 <213> *Salix gilgiana*

<400> 37

atgtttgggc	gtgctccgag	gaggagtgc	aacaccaagt	attatgaggt	tttggctgtg	60
tcaaaagggtg	caagtcaaga	tgaactgaag	aaggcttata	agaaagctgc	cataaagaat	120
catcctgata	aagggtggaga	tcctgaaaag	ttcaaggagt	tgtctcaagc	ttatgaagtc	180
cttagtgatc	cagataaaaag	agaaatttat	gatcaatatg	gggaagatgc	acttaaggag	240
gggatgggac	ctgggtggtg	tgggggtggt	cacaatccat	ttgatataatt	cgaatcattt	300
tttgggtggag	gtgggttttg	tgggtggtagc	agctcaagag	gaagaaggca	gaagcaagggt	360
gaagatgtag	cgcaccctct	gaagggttcc	ttagaggatt	tgtacaatgg	aacttcaaag	420
aaactctctc	tttccagaaa	cattttgtgt	gccaaatgta	aagggaagg	ttcaaagagt	480
ggagcctttg	ggaaatgtcg	tggctgcca	ggtactggaa	tgaaagtttc	aatccgacaa	540
attggattgg	gcatgatgca	acaaatgcaa	catgtgtgtc	ctgaatgcag	gggctcaggt	600
gagctaatta	gtgagaaggga	taaatgcctt	cattgcagag	ggaacaagggt	aacgcaggaa	660
aagaggggtgc	tggaagtgc	tgttgaaagg	ggaatgcagc	atggccagaa	gatagttttc	720
gaagggtcaag	ctgatgaagc	tcctgacaca	attacagggg	atgttgtttt	tgtattgcaa	780
ctgaaaaagc	actccaagtt	tgaacggaaa	atggatgata	tccttggtga	acactctctc	840
agtttaacag	aggctctttg	cgggtatcag	tttgccctta	cccatcttga	tggctcgag	900
cttcttatca	aatcaaatcc	ttacgagatt	gtaaaacctg	gtcaatacaa	agcaattaac	960
gatgaaggaa	tgccacatca	tcacaggccc	ttcatgaggg	gcaagctcta	tatccatttt	1020
aatgtggtgt	tccttgactc	gggcactcta	tccttgagc	agtgcgtac	tttagagact	1080
atactacccc	caaggcaaag	caaaaacttg	tcagagatgg	agattgataa	ctgcgaagag	1140
acaattatgc	atgatgtcaa	tatggaggag	gagaaaaggc	ggaaacagca	gcagcgccac	1200
cagcatgaag	catatgatga	ggatgaggag	gaggaatcat	ccatgccccg	ggtgcagtgt	1260
gcccagcagt	aa					1272

<210> 38

<211> 423

10 <212> PRT

<213> *Salix gilgiana*



<400> 38

Met	Phe	Gly	Arg	Ala	Pro	Arg	Arg	Ser	Asp	Asn	Thr	Lys	Tyr	Tyr	Glu
1				5					10					15	

ES 2 375 488 T3

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

# ES 2 375 488 T3

325 330 335  
 Tyr Ile His Phe Asn Val Val Phe Pro Asp Ser Gly Thr Leu Ser Pro  
 340 345 350  
 Glu Gln Cys Arg Thr Leu Glu Thr Ile Leu Pro Pro Arg Gln Ser Lys  
 355 360 365  
 Asn Leu Ser Glu Met Glu Ile Asp Asn Cys Glu Glu Thr Ile Met His  
 370 375 380  
 Asp Val Asn Met Glu Glu Glu Lys Arg Arg Lys Gln Gln Gln Arg His  
 385 390 395 400  
 Gln His Glu Ala Tyr Asp Glu Asp Glu Glu Glu Ser Ser Met Pro  
 405 410 415  
 Arg Val Gln Cys Ala Gln Gln  
 420

<210> 39

<211> 1263

<212> ADN

5 <213> *Salix gilgiana*

<400> 39

atgtttggga	gagcaccaaa	gaaaagcgac	aacaccaagt	actatgaggt	tcttggagtc	60
tcaaagagtg	cttcacagga	tgatctaaag	aaggcttata	ggaaagcagc	tatcaagaac	120
catcctgata	agggcggtga	tcctgaaaag	ttcaaggagt	tggcgcaagc	atatgaggtt	180
ctgagtgacc	ctgagaagcg	tgagatatat	gatcagtatg	gagaggatgc	cctcaaggaa	240
ggaatgggta	gcggcggcag	cggcgctcac	gatccattcg	atatcttcca	atccttcttt	300
ggtggtggca	atccattcgg	tggtggaggt	agcagcaggg	gccgaaggca	aagaaggggc	360
gaggatgtga	tccaccctct	gaaagtttct	tttgaagacc	tttataatgg	cacatccaag	420
aagctttctc	tttcacgaaa	tgtaatctgc	tccaagtgca	agggcaaagg	ttccaaatcc	480
ggagcatcat	caaaatgtgc	tggttgccaa	ggttctggaa	tgaagggtctc	cataagacac	540
ctcggctcct	ctatgatcca	gcaaatgcag	catgcctgca	atgaatgcaa	gggcactggc	600
gagacaatta	acgataagga	ccgatgccct	caatgcaagg	gtgagaaggt	tgtccaggag	660
aagaaagtgt	tggaagtagt	tggtgagaag	ggcatgcaaa	atgggcagaa	ggtaacattt	720
cctggagaag	ctgatgaggc	gcctgacact	gttacagggg	acatagtctt	cgtcctgcag	780
caaaaggatc	accctaagtt	taagagaaa	ggtgatgacc	tatttggtga	gcacacacta	840
tctcttactg	aggcactatg	tggtcttcaa	ttcgtcttga	cccatttgga	tgggaaggcag	900
ctcctgataa	aatctcaacc	cgggggaagta	gtcaagcctg	atcaattcaa	ggctataaat	960
gatgaaggaa	tgccgatgta	ccaaaggcca	tttatgagag	ggaaactcta	cattcatttc	1020
agtgttgaat	tcccagaetc	cctgtcccct	gatatgtgca	aggcggttga	ggccgtgctt	1080
cctccgcgag	cctctgttca	gctgactgac	atggagcttg	atgaatgcga	ggaaactact	1140
ttacatgatg	tgaacatcga	tgaggagatg	aggaggaaac	agcaacagca	ggcccaagaa	1200
gcgtatgatg	aagatgatga	gatgcctggt	ggtgcccaga	gggtgcagtg	tgctcagcaa	1260
taa						1263

<210> 40

<211> 420

10 <212> PRT

<213> *Salix gilgiana*

<400> 40

Met Phe Gly Arg Ala Pro Lys Lys Ser Asp Asn Thr Lys Tyr Tyr Glu  
1 5 10 15

Val Leu Gly Val Ser Lys Ser Ala Ser Gln Asp Asp Leu Lys Lys Ala

ES 2 375 488 T3

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

Tyr Ile His Phe Ser Val Glu Phe Pro Asp Ser Leu Ser Pro Asp Met  
340 345 350

Cys Lys Ala Leu Glu Ala Val Leu Pro Pro Arg Ala Ser Val Gln Leu  
355 360 365

Thr Asp Met Glu Leu Asp Glu Cys Glu Glu Thr Thr Leu His Asp Val  
370 375 380

Asn Ile Asp Glu Glu Met Arg Arg Lys Gln Gln Gln Ala Gln Glu  
385 390 395 400

Ala Tyr Asp Glu Asp Asp Glu Met Pro Gly Gly Ala Gln Arg Val Gln  
405 410 415

Cys Ala Gln Gln  
420

<210> 41

<211> 1260

<212> ADN

5 <213> *Solanum tuberosum*

<400> 41

atgtttggga	gggcaccaga	gaagagcgac	aacacgaagt	actatgagat	cttaggtgtc	60
cctaagactg	ctgcacagga	agatctcaag	aaagcttacc	gtaaagctgc	tattaagaat	120
catcctgata	agggaggtga	tcctgaaaag	tttaaagagc	ttgcacaagc	ttatgagggt	180
ctgagtgatc	ccgagaagcg	tgagatatat	gatcagtatg	gagaagatgc	tctcaaggaa	240
ggaatgggtg	gtggaggtgg	tggaacacgac	ccatttgata	ttttctcatc	tttctttggt	300
ggcagcccat	ttggtggagg	tggtggaagc	agcagaggaa	gaagacaaag	aagaggagag	360
gatgttgtcc	atcctctcaa	agtttctctg	gaggatctgt	acaatggaac	atcaaagaag	420
ctgtcactat	ctcgcaatgt	attgtgctcg	aagtgcagg	ggaaaggatc	taaatcaggt	480
gcttcaatga	agtgttctgg	ctgtcaagg	tctgggatga	aagtcactat	tagacaactt	540
ggcccatcca	tgatccagca	gatgcagcac	ccttgcaacg	agtgttaagg	tactggtgag	600
atgatcaatg	ataaagatag	gtgtgggcag	tgtaaagggt	agaaagttgt	gcaggagaag	660
aaggtgttgg	aagttgttgt	cgagaagggt	atgcagaacg	gacagaagat	aacattcccc	720
ggcgaagctg	atgaagcacc	tgataccgct	actggggaca	tagtttttgt	cttgcaacag	780
aaggaacatc	ccaagtttaa	gcgaaaggga	gatgatctct	ttgtagagca	caccttgagc	840
ttaaccgagg	ccctgtgtgg	tttccagttc	atcttgactc	acctagataa	taggcagctg	900
atcatcaagc	ccaagccgg	agaagttgtc	aagcctgac	aatttaaagc	cataaatgat	960
gaaggaatgc	ctatgtacca	aaggccattt	atgagaggaa	aactatacat	tcactttact	1020
gtagaattcc	ccgacacatt	atcccccgag	caattgcaaga	accttgaagc	agtattgcca	1080
ccaaaaccga	aaacacaaat	gactgatatg	gaattggacg	agtgcgagga	gaccacctta	1140
catgatgtta	acatcgaaga	ggagatgcgg	aggaagcagc	aacaggccca	agaggcatat	1200
gacgaagatg	atgaagacat	gcatggaggt	gcacagagag	ttcagtggtc	acaacagtaa	1260

<210> 42

<211> 419

10 <212> PRT

<213> *Solanum tuberosum*

<400> 42

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

ES 2 375 488 T3

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



# ES 2 375 488 T3

Lys Asn Leu Glu Ala Val Leu Pro Pro Lys Pro Lys Thr Gln Met Thr  
355 360 365

Asp Met Glu Leu Asp Glu Cys Glu Glu Thr Thr Leu His Asp Val Asn  
370 375 380

Ile Glu Glu Glu Met Arg Arg Lys Gln Gln Gln Ala Gln Glu Ala Tyr  
385 390 395 400

Asp Glu Asp Asp Glu Asp Met His Gly Gly Ala Gln Arg Val Gln Cys  
405 410 415

Ala Gln Gln

<210> 43

<211> 1293

<212> ADN

5 <213> *Oryza sativa*

<400> 43

atggtcaagg	acaccaaatt	ctacgacacc	ctcggctgcg	cgcccgcgc	taccgagtct	60
cagctcaaga	ccgcataccg	caagggcgcc	ctcaagcacc	accccgcaca	gaacgcacac	120
tcgcccgaat	ccgaggagaa	gttcaaggag	atctcacacg	catacgaagt	cctctcagac	180
ccccaaaagc	gccaaatcta	cgaccagtat	ggtgaggagg	gtctcgagca	gggtggtgga	240
atgggcggcg	gcggaggcat	ggctgcccag	gacttgttcg	cacagttctt	cggcggcggc	300
ggtggaggcg	gaggcttcgg	tggcatgggc	ggcatgttcg	gcggtcgcg	gcccggcccc	360
aagaaggctc	gcacatcca	ccacgttcac	aaggctcttc	tcgaggacat	ctaccgcggc	420
aagggtttcca	agcttgccct	gcagaagagc	gtcatctgct	ccaagtgtga	tggccgcggt	480
ggtaaggagg	gtgctgtgaa	gacttgccag	ggctgccagg	gccagggtat	gaagaccatg	540
atgcgccaga	tgggtcccat	gatccagcga	ttccagaccg	tctgccccga	ctgcaacggt	600
gagggggagc	aggtccgcga	gaaggacaag	tgcaagcagt	gctccggaaa	gaagaccatc	660
atcgagcgca	aggtgctcca	cgtccacgtc	gacaagggtg	tgcaaagcgg	caccaagatc	720
gacttcagag	gcgagggtga	ccagatgcct	ggcgttgagc	ccggtgatgt	gcagttcgag	780
atcgagcaga	agcctcacc	tcgcttccag	cgcaagggtg	acgacctcta	ctaccacgcc	840
gagatcgacc	ttcttactgc	gctcgccggc	ggtgccatct	acgttgagca	ccttgacgag	900
cgctgggtga	ccgtcgagat	cctgcccggc	gaggttatcg	caccaggcga	ggtcaaggtc	960
atccgcggcc	agggtatgcc	ctcataccgc	caccacgacc	acggcaacct	ttacatccag	1020
ttcgacgtca	agttccccac	atccatccaa	ggccctgccg	acaaggacgg	ccagtccacc	1080
tccatgtccg	cacaacagat	caaggccctc	gaatccgtcc	ttcctcctcg	caagcccca	1140
tcgatccctc	ctcccgatgc	tatgaccgag	gacttcagc	tcgagcgcg	agaccccatg	1200
gagggctccc	gctccaagg	cgcccacagc	atggacgagg	acgatgacga	gatgggcggc	1260
ggtggcgagc	gcgtgcagtg	cgcgtcgag	taa			1293

<210> 44

<211> 430

10 <212> PRT

<213> *Oryza sativa*

<400> 44

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

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

# ES 2 375 488 T3

Ala	Leu	Glu	Ser	Val	Leu	Pro	Pro	Arg	Lys	Pro	Gln	Ser	Ile	Pro	Pro
370						375					380				
Pro	Asp	Ala	Met	Thr	Glu	Asp	Phe	Gln	Leu	Glu	Arg	Val	Asp	Pro	Met
385					390					395					400
Glu	Gly	Ser	Arg	Ser	Lys	Gly	Ala	His	Ser	Met	Asp	Glu	Asp	Asp	Asp
				405					410					415	
Glu	Met	Gly	Gly	Gly	Gly	Glu	Arg	Val	Gln	Cys	Ala	Ser	Gln		
		420						425					430		

<210> 45

<211> 1263

<212> ADN

5 <213> *Triticum aestivum*

<400> 45

atggtaaaaag	ataccaaact	atatgatact	ctgggtatatt	ccccgacctg	tactgaagcc	60
gagttaaaaa	aagcatataa	aatcggagca	cttaaaccacc	atcctgataa	aaacgcctca	120
aatccagccg	ccgcagaaaa	atttaaagaa	atatcgacacg	catatgaagt	actatctgac	180
cctcaaaaaa	gacacatata	cgaccaatat	ggcgaagagg	gccttgaggg	aggtggtggt	240
gctgcgggag	ggatgaacgc	agaagattta	ttctctcaat	tcttcagcgg	tggctctgcc	300
ttcggagggtg	gaggattggg	tggcatgttc	gggggagggc	cacagcaacg	tggcccccca	360
aaagcccgc	ccattcatca	cgttcacaag	gtatctctag	aagatatcta	ccgcggtaaa	420
atctcaaaac	tggcactaca	aaagtcagtc	atatgccaca	agtgtgaggg	acggggtggc	480
aaagatggtg	cagtaaaaaa	atgtgccggc	tgtgatggac	atggaatgaa	aacaatgatg	540
cgtcaaatgg	gtcctatgat	tcagcggttt	caaactcact	gccccgactg	caatggtgag	600
ggagaagtca	tccgagagaa	agataaatgt	aagacgtgta	acggtaaaaa	gaccaacgtg	660
gaacgcaaag	tactccacgt	tcatgtggac	agagggtgtc	gatcggggca	ccggattgaa	720
tttaaagggtg	aaggagacca	aacccccgga	gttcaacctg	gagatgttat	ctttgaaatt	780
gagcagaaac	cacatccaag	attccaacga	aaagacgatg	accttattta	ccacgcagag	840
atcgaccttg	ttactgcctt	agcgggcggg	tcaatcttca	ttgagcactt	agacgaaaga	900
tggctgagtg	tggagatact	tcctggagag	gttatctcac	ctggatccgt	taagatgata	960
cgcggtcagg	gtatgccatc	ccatcgtcac	cacgactatg	gaaatatgtt	tgtacagttt	1020
gatgtcaa	at	ccccgaaag	taactttgct	gcaaattccg	aggcatacgc	1080
agttattatc	cgccgactgt	ggtacctatc	actccaccca	ctgataccat	gactgaaact	1140
gtataacttcg	aagacattga	ccctactcaa	caagctcgtg	cacagggtgc	gacagcaatg	1200
gatgaagacg	atgaagatgg	ccatccagcc	ggcgccgaac	gggttcaatg	tgcgtcacag	1260
taa						1263

<210> 46

<211> 420

10 <212> PRT

<213> *Triticum aestivum*

<400> 46

# ES 2 375 488 T3

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

His 65	Ile	Tyr	Asp	Gln	Tyr 70	Gly	Glu	Glu	Gly	Leu 75	Glu	Gly	Gly	Gly	Gly	80
Ala	Ala	Gly	Gly	Met 85	Asn	Ala	Glu	Asp	Leu 90	Phe	Ser	Gln	Phe	Phe	Ser	95
Gly	Gly	Ser	Ala	Phe	Gly	Gly	Gly	Gly	Leu 105	Gly	Gly	Met	Phe	Gly	Gly	110
Gly	Pro	Gln	Gln	Arg	Gly	Pro	Pro	Lys	Ala	Arg	Thr	Ile	His	His	Val	115
His	Lys	Val	Ser	Leu	Glu	Asp	Ile	Tyr	Arg	Gly	Lys	Ile	Ser	Lys	Leu	125
Ala	Leu	Gln	Lys	Ser	Val	Ile	Cys	His	Lys	Cys	Glu	Gly	Arg	Gly	Gly	130
Lys	Asp	Gly	Ala	Val	Lys	Lys	Cys	Ala	Gly	Cys	Asp	Gly	His	Gly	Met	135
Lys	Thr	Met	Met	Arg	Gln	Met	Gly	Pro	Met	Ile	Gln	Arg	Phe	Gln	Thr	140
His	Cys	Pro	Asp	Cys	Asn	Gly	Glu	Gly	Glu	Val	Ile	Arg	Glu	Lys	Asp	145
Lys	Cys	Lys	Thr	Cys	Asn	Gly	Lys	Lys	Thr	Asn	Val	Glu	Arg	Lys	Val	150
Leu	His	Val	His	Val	Asp	Arg	Gly	Val	Arg	Ser	Gly	His	Arg	Ile	Glu	155
Phe	Lys	Gly	Glu	Gly	Asp	Gln	Thr	Pro	Gly	Val	Gln	Pro	Gly	Asp	Val	160
Ile	Phe	Glu	Ile	Glu	Gln	Lys	Pro	His	Pro	Arg	Phe	Gln	Arg	Lys	Asp	165
Asp	Asp	Leu	Ile	Tyr	His	Ala	Glu	Ile	Asp	Leu	Val	Thr	Ala	Leu	Ala	170
Gly	Gly	Ser	Ile	Phe	Ile	Glu	His	Leu	Asp	Glu	Arg	Trp	Leu	Ser	Val	175
Glu	Ile	Leu	Pro	Gly	Glu	Val	Ile	Ser	Pro	Gly	Ser	Val	Lys	Met	Ile	180
Arg	Gly	Gln	Gly	Met	Pro	Ser	His	Arg	His	His	Asp	Tyr	Gly	Asn	Met	185
Phe	Val	Gln	Phe	Asp	Val	Lys	Phe	Pro	Glu	Ser	Asn	Phe	Ala	Ala	Asn	190
Ser	Glu	Ala	Tyr	Ala	Ala	Leu	Lys	Ser	Ile	Ile	Pro	Pro	Thr	Val	Val	195

# ES 2 375 488 T3

Pro Ile Thr Pro Pro Thr Asp Thr Met Thr Glu Thr Val Tyr Phe Glu  
 370 375 380

Asp Ile Asp Pro Thr Gln Gln Ala Arg Ala Gln Gly Ala Thr Ala Met  
 385 390 395 400

Asp Glu Asp Asp Glu Asp Gly His Pro Ala Gly Ala Glu Arg Val Gln  
 405 410 415

Cys Ala Ser Gln  
 420

<210> 47

<211> 1320

<212> ADN

5 <213> *Caenorhabditis elegans*

<400> 47

atgtttggag	gtggaagtag	tggtcccgtg	gacaccactt	tatacacaac	actcaatgtg	60
agaccagacg	cttcgcaggc	cgacattaag	aaatcttact	tcaaacttgc	taaagaatac	120
catccagata	aaaacccgga	ccatggagat	aaattcaaag	agatcagttt	tgccatgaa	180
gttctttcga	gccctgaaaa	acgacgcttg	tatgacgcca	gaggtttgga	aggagttcaa	240
ggaggaggag	ctggtggttg	tggaggaggc	tttccctggag	gtctgttttc	tcactttctc	300
ggcgggtgctg	gcggtgatga	cgatgacgac	gatgatgata	tgggtggtca	tccatttggt	360
ggcttgttcg	gtggaatggg	tggaatggga	cgaggtggcc	cacgtcggcg	gaaattccaa	420
gatactgttc	atccccctcaa	tgttacactc	gaagagcttt	acgtcggaaa	aacatcaaag	480
ctgaagcttt	ccaaaaaggg	actctgtaaa	acttgcgaa	ggtcaggtgg	aaagaaggga	540
gaaaaatata	agtgtgatgc	atgccgtggg	cgtggagtga	agacgatcgt	tcagcaaatt	600
ggccccggaa	tgtccaaca	aatgcaggtt	cactgtgatg	cttghtaagg	ttctggaggc	660
aaagttccag	caggtgataa	gtgcaaagga	tgccatggag	aaaagtacga	aaacgtttcg	720
aaaatattgg	aggttcacgt	tcttccctggc	atgaaacata	acgataaaaat	tacattcaaa	780
ggagatggag	accaatctga	cccagatggt	gagccaggag	atgttgtcat	tggtattcaa	840
cagaaagatc	atgatatattt	caagagagat	ggagatgatc	ttcacatgac	caagaaacta	900
tcactgaatg	aggcactttg	cggctataat	ttccttatca	aacatcttga	tgccatcct	960
ttggttcttt	ctagtaaaca	aggagatggt	atcaagccag	gagtcatcag	aggagttctt	1020
ggaaaaggaa	tgccaaataa	gaaataccca	gaactcaaag	gaaacttggt	cgttgaattt	1080
gaagtccaat	ttccaaagga	gcatttcctc	gatgatgaaa	aagcttatgc	cgttctgaaa	1140
agctgcttcc	ctacctcaaa	agttgtcaat	gtcaccgccag	ctgccgcaga	agtttctctt	1200
atggaatatg	acgagaagaa	gtacagccga	ggacgtggcg	gagacgctta	caatgaagat	1260
tcggacgaag	aacaacacgg	aggacatcac	ggacaaggcg	tcagatgcca	acaccaatag	1320

<210> 48

<211> 439

10 <212> PRT

<213> *Caenorhabditis elegans*

<400> 48

# ES 2 375 488 T3

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



ES 2 375 488 T3

Pro	Glu	Lys	Arg	Arg	Leu	Tyr	Asp	Ala	Arg	Gly	Leu	Glu	Gly	Val	Gln	65	70	75	80
Gly	Gly	Gly	Ala	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Phe	Pro	Gly	Gly	Leu	Phe	85	90	95	
Ser	His	Phe	Phe	Gly	Gly	Ala	Gly	Gly	Asp	Asp	Asp	Asp	Asp	Asp	Asp	100	105	110	
Asp	Met	Gly	Gly	His	Pro	Phe	Gly	Gly	Leu	Phe	Gly	Gly	Met	Gly	Gly	115	120	125	
Met	Gly	Arg	Gly	Gly	Pro	Arg	Arg	Arg	Lys	Phe	Gln	Asp	Thr	Val	His	130	135	140	
Pro	Leu	Asn	Val	Thr	Leu	Glu	Glu	Leu	Tyr	Val	Gly	Lys	Thr	Ser	Lys	145	150	155	160
Leu	Lys	Leu	Ser	Lys	Lys	Ala	Leu	Cys	Lys	Thr	Cys	Glu	Gly	Ser	Gly	165	170	175	
Gly	Lys	Lys	Gly	Glu	Lys	Tyr	Lys	Cys	Asp	Ala	Cys	Arg	Gly	Arg	Gly	180	185	190	
Val	Lys	Thr	Ile	Val	Gln	Gln	Ile	Gly	Pro	Gly	Met	Leu	Gln	Gln	Met	195	200	205	
Gln	Val	His	Cys	Asp	Ala	Cys	Lys	Gly	Ser	Gly	Gly	Lys	Val	Pro	Ala	210	215	220	
Gly	Asp	Lys	Cys	Lys	Gly	Cys	His	Gly	Glu	Lys	Tyr	Glu	Asn	Val	Ser	225	230	235	240
Lys	Ile	Leu	Glu	Val	His	Val	Leu	Pro	Gly	Met	Lys	His	Asn	Asp	Lys	245	250	255	
Ile	Thr	Phe	Lys	Gly	Asp	Gly	Asp	Gln	Ser	Asp	Pro	Asp	Gly	Glu	Pro	260	265	270	
Gly	Asp	Val	Val	Ile	Val	Ile	Gln	Gln	Lys	Asp	His	Asp	Ile	Phe	Lys	275	280	285	
Arg	Asp	Gly	Asp	Asp	Leu	His	Met	Thr	Lys	Lys	Leu	Ser	Leu	Asn	Glu	290	295	300	
Ala	Leu	Cys	Gly	Tyr	Asn	Phe	Leu	Ile	Lys	His	Leu	Asp	Gly	His	Pro	305	310	315	320
Leu	Val	Leu	Ser	Ser	Lys	Gln	Gly	Asp	Val	Ile	Lys	Pro	Gly	Val	Ile	325	330	335	
Arg	Gly	Val	Leu	Gly	Lys	Gly	Met	Pro	Asn	Lys	Lys	Tyr	Pro	Glu	Leu	340	345	350	
Lys	Gly	Asn	Leu	Phe	Val	Glu	Phe	Glu	Val	Glu	Phe	Pro	Lys	Glu	His	355	360	365	
Phe	Leu	Asp	Asp	Glu	Lys	Ala	Tyr	Ala	Val	Leu	Lys	Ser	Cys	Phe	Pro	370	375	380	

# ES 2 375 488 T3

Thr Ser Lys Val Val Asn Val Thr Pro Ala Ala Ala Glu Val Ser Leu  
385 390 395 400

Met Glu Tyr Asp Glu Lys Lys Tyr Ser Arg Gly Arg Gly Gly Asp Ala  
405 410 415

Tyr Asn Glu Asp Ser Asp Glu Glu Gln His Gly Gly His His Gly Gln  
420 425 430

Gly Val Arg Cys Gln His Gln  
435

<210> 49

<211> 1194

<212> ADN

5 <213> *Homo sapiens*

<400> 49

atggtgaaag	aaacaactta	ctacgatgtt	ttgggggtca	aacccaatgc	tactcaggaa	60
gaattgaaaa	aggcttatag	gaaactggcc	ttgaagtacc	atcctgataa	gaacccaaat	120
gaaggagaga	agtttaaaca	gattttctcaa	gcttacgaag	ttctctctga	tgcaaagaaa	180
agggaattat	atgacaaagg	aggagaacag	gcaattaaag	agggtggagc	agggtggcgg	240
tttggctccc	ccatggacat	ctttgatatg	ttttttggag	gaggaggaag	gatgcagaga	300
gaaaggagag	gtaaaaatgt	tgtacatcag	ctctcagtaa	ccctagaaga	cttatataat	360
ggtgcaacaa	gaaaactggc	tctgcaaaaag	aatgtgattt	gtgacaaatg	tgaaggtaga	420
ggaggtaaga	aaggagcagt	agagtgtgtg	cccaattgcc	gaggtagctg	aatgcaaata	480
agaatttcac	agataggacc	tggaatgggt	cagcaaatc	agtctgtgtg	catggagtgc	540
cagggccatg	gggagcggat	cagtcctaaa	gatagatgta	aaagctgcaa	cgggaaggag	600
atagttcgag	agaaaaaat	tttagaagtt	catattgaca	aaggcatgaa	agatggccag	660
aagataacat	tccatggtga	aggagaccaa	gaaccaggac	tggagccagg	cgatattatc	720
attgtgttag	atcagaagga	ccatgctgtt	tttactcgac	gaggagaaga	ccttttcatg	780
tgtatggaca	tacagctcgt	tgaagcactg	tgtggcttcc	acaagccaat	atctactctt	840
gacaaccgaa	ccatcgtcat	cacctctcat	ccaggtcaga	ttgtcaagca	tggagatatc	900
aagtgtgtac	taaatgaagg	catgccaat	tatcgtagac	catatgaaaa	gggtcgccta	960
atcatcgaat	ttaaggtaaa	ctttcctgag	aatggctttc	tctctcctga	taaactgtct	1020
ttgctggaaa	aactcctacc	cgagaggaag	gaagtgggaag	agactgatga	gatggaccaa	1080
gtagaactgg	tggactttga	tccaaatcag	gaaagacggc	gccactacaa	tggagaagca	1140
tatgaggatg	atgaacatca	tcccagaggt	ggtgttcagt	gtcagacctc	ttaa	1194

<210> 50

<211> 397

10 <212> PRT

<213> *Homo sapiens*

<400> 50

# ES 2 375 488 T3

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

ES 2 375 488 T3

65					70					75				80	
Phe	Gly	Ser	Pro	Met	Asp	Ile	Phe	Asp	Met	Phe	Phe	Gly	Gly	Gly	Gly
				85					90					95	
Arg	Met	Gln	Arg	Glu	Arg	Arg	Gly	Lys	Asn	Val	Val	His	Gln	Leu	Ser
			100					105					110		
Val	Thr	Leu	Glu	Asp	Leu	Tyr	Asn	Gly	Ala	Thr	Arg	Lys	Leu	Ala	Leu
		115					120					125			
Gln	Lys	Asn	Val	Ile	Cys	Asp	Lys	Cys	Glu	Gly	Arg	Gly	Gly	Lys	Lys
	130					135					140				
Gly	Ala	Val	Glu	Cys	Cys	Pro	Asn	Cys	Arg	Gly	Thr	Gly	Met	Gln	Ile
145					150					155					160
Arg	Ile	His	Gln	Ile	Gly	Pro	Gly	Met	Val	Gln	Gln	Ile	Gln	Ser	Val
				165					170					175	
Cys	Met	Glu	Cys	Gln	Gly	His	Gly	Glu	Arg	Ile	Ser	Pro	Lys	Asp	Arg
			180					185					190		
Cys	Lys	Ser	Cys	Asn	Gly	Arg	Lys	Ile	Val	Arg	Glu	Lys	Lys	Ile	Leu
		195					200					205			
Glu	Val	His	Ile	Asp	Lys	Gly	Met	Lys	Asp	Gly	Gln	Lys	Ile	Thr	Phe
	210					215					220				
His	Gly	Glu	Gly	Asp	Gln	Glu	Pro	Gly	Leu	Glu	Pro	Gly	Asp	Ile	Ile
225					230					235					240
Ile	Val	Leu	Asp	Gln	Lys	Asp	His	Ala	Val	Phe	Thr	Arg	Arg	Gly	Glu
				245					250					255	
Asp	Leu	Phe	Met	Cys	Met	Asp	Ile	Gln	Leu	Val	Glu	Ala	Leu	Cys	Gly
			260					265					270		
Phe	Gln	Lys	Pro	Ile	Ser	Thr	Leu	Asp	Asn	Arg	Thr	Ile	Val	Ile	Thr
		275					280					285			
Ser	His	Pro	Gly	Gln	Ile	Val	Lys	His	Gly	Asp	Ile	Lys	Cys	Val	Leu
	290					295					300				
Asn	Glu	Gly	Met	Pro	Ile	Tyr	Arg	Arg	Pro	Tyr	Glu	Lys	Gly	Arg	Leu
305					310					315					320
Ile	Ile	Glu	Phe	Lys	Val	Asn	Phe	Pro	Glu	Asn	Gly	Phe	Leu	Ser	Pro
				325					330					335	
Asp	Lys	Leu	Ser	Leu	Leu	Glu	Lys	Leu	Leu	Pro	Glu	Arg	Lys	Glu	Val
			340					345					350		
Glu	Glu	Thr	Asp	Glu	Met	Asp	Gln	Val	Glu	Leu	Val	Asp	Phe	Asp	Pro
		355					360					365			
Asn	Gln	Glu	Arg	Arg	Arg	His	Tyr	Asn	Gly	Glu	Ala	Tyr	Glu	Asp	Asp
	370					375					380				

Glu His His Pro Arg Gly Gly Val Gln Cys Gln Thr Ser  
385 390 395

<210> 51

<211> 1230

<212> ADN

5 <213> *Sacharomyces cereviseae*

<400> 51

atggttaaag	aaactaagtt	ttacgatatt	ctaggtgttc	cagtaactgc	cactgatgtc	60
gaaattaaga	aagcttatag	aaaatgcgcc	ttaaaatacc	atccagataa	gaatccaagt	120
gaggaagctg	cagaaaagtt	caaagaagct	tcagcagcct	atgaaathtt	atcagatcct	180
gaaaagagag	atatatatga	ccaattttgt	gaagatggtc	taagtgggtg	tgggtggcgct	240
ggcggattcc	caggtgggtg	attcggtttt	ggtgacgata	tcttttccca	attcctttggt	300
gctgggtggcg	cacaaagacc	aagaggtccc	caaagaggta	aagatatcaa	gcatgaaatt	360
tctgcctcac	ttgaagaatt	atataagggg	aggacagcta	agttagccct	taacaaacag	420
atcctatgta	aagaatgtga	aggtcgtggg	ggtaagaaag	gcgccgtcaa	gaagtgtacc	480
agctgtaatg	gtcaagggtat	taaatttgta	acaagacaaa	tgggtccaat	gatccaaaga	540
ttccaaacag	agtgtgatgt	ctgtcacggt	actgggtgata	tcattgatcc	taaggatcgt	600
tgtaaatctt	gtaacggtaa	gaaagttgaa	aacgaaagga	agatcctaga	agtccatgtc	660
gaaccaggta	tgaaagatgg	tcaaagaatc	gttttcaaag	gtgaagctga	ccaagcccca	720
gatgtcattc	caggtgatgt	tgtcttcata	gtttctgaga	gaccacacaa	gagcttcaag	780
agagatgggtg	atgatttagt	atatgaggct	gaaattgata	tattgactgc	tatcgctggg	840
gggtgaatttg	cattggaaca	tgtttctggg	gattgggttaa	aggtcgggtat	tgttccagggt	900
gaagttattg	ccccagggtat	gcgtaagggtc	atcgaaggta	aaggatatgcc	aattccaaaa	960
tacgggtggct	atggtaattt	aatcatcaaa	tttactatca	agttcccaga	aaaccatttc	1020
acatcagaag	aaaacttgaa	gaagttagaa	gaaattttgc	ctccaagaat	tgtcccagcc	1080
attccaaaga	aagctactgt	ggacgaatgt	gtactcgcag	actttgaccc	agccaaatac	1140
aacagaacac	gggcctccag	gggtgggtgca	aactatgatt	ccgatgaaga	agaacaagggt	1200
ggcgaagggtg	ttcaatgtgc	atctcaatga				1230

<210> 52

<211> 409

10 <212> PRT

<213> *Sacharomyces cereviseae*

<400> 52

## ES 2 375 488 T3

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

ES 2 375 488 T3

115					120					125					
Lys	Gly	Arg	Thr	Ala	Lys	Leu	Ala	Leu	Asn	Lys	Gln	Ile	Leu	Cys	Lys
	130					135					140				
Glu	Cys	Glu	Gly	Arg	Gly	Gly	Lys	Lys	Gly	Ala	Val	Lys	Lys	Cys	Thr
145					150					155					160
Ser	Cys	Asn	Gly	Gln	Gly	Ile	Lys	Phe	Val	Thr	Arg	Gln	Met	Gly	Pro
				165					170					175	
Met	Ile	Gln	Arg	Phe	Gln	Thr	Glu	Cys	Asp	Val	Cys	His	Gly	Thr	Gly
			180					185					190		
Asp	Ile	Ile	Asp	Pro	Lys	Asp	Arg	Cys	Lys	Ser	Cys	Asn	Gly	Lys	Lys
		195					200					205			
Val	Glu	Asn	Glu	Arg	Lys	Ile	Leu	Glu	Val	His	Val	Glu	Pro	Gly	Met
	210					215					220				
Lys	Asp	Gly	Gln	Arg	Ile	Val	Phe	Lys	Gly	Glu	Ala	Asp	Gln	Ala	Pro
225					230					235					240
Asp	Val	Ile	Pro	Gly	Asp	Val	Val	Phe	Ile	Val	Ser	Glu	Arg	Pro	His
				245					250					255	
Lys	Ser	Phe	Lys	Arg	Asp	Gly	Asp	Asp	Leu	Val	Tyr	Glu	Ala	Glu	Ile
			260					265					270		
Asp	Leu	Leu	Thr	Ala	Ile	Ala	Gly	Gly	Glu	Phe	Ala	Leu	Glu	His	Val
		275					280					285			
Ser	Gly	Asp	Trp	Leu	Lys	Val	Gly	Ile	Val	Pro	Gly	Glu	Val	Ile	Ala
	290					295					300				
Pro	Gly	Met	Arg	Lys	Val	Ile	Glu	Gly	Lys	Gly	Met	Pro	Ile	Pro	Lys
305					310					315					320
Tyr	Gly	Gly	Tyr	Gly	Asn	Leu	Ile	Ile	Lys	Phe	Thr	Ile	Lys	Phe	Pro
				325					330					335	
Glu	Asn	His	Phe	Thr	Ser	Glu	Glu	Asn	Leu	Lys	Lys	Leu	Glu	Glu	Ile
			340					345				350			
Leu	Pro	Pro	Arg	Ile	Val	Pro	Ala	Ile	Pro	Lys	Lys	Ala	Thr	Val	Asp
		355					360					365			
Glu	Cys	Val	Leu	Ala	Asp	Phe	Asp	Pro	Ala	Lys	Tyr	Asn	Arg	Thr	Arg
	370					375					380				
Ala	Ser	Arg	Gly	Gly	Ala	Asn	Tyr	Asp	Ser	Asp	Glu	Glu	Glu	Gln	Gly
385					390					395					400
Gly	Glu	Gly	Val	Gln	Cys	Ala	Ser	Gln							
				405											

<210> 53

<211> 1239

<212> ADN

<213> *Homo sapiens*

5 <400> 53

atggctaacg	tggctgacac	gaagctgtac	gacatcctgg	gcgtcccgcc	cggcgccagc	60
gagaacgagc	tgaagaaggc	atacagaaa	ttagccaagg	aatatcatcc	tgataagaat	120
ccaaatgcag	gagacaaatt	taaagaaata	agttttgcat	atgaagtact	atcaaatacct	180
gagaagcgtg	agttatatga	cagatacggg	gagcaaggct	ttcgggaagg	cagcgccgga	240
gggtggtggc	tggatgatata	tttctctcac	atttttggtg	ggggattggt	cggcttcatg	300
ggcaatcaga	gtagaagtcg	aaatggcaga	agaagaggag	aggacatgat	gcatccactc	360
aaagtatctt	tagaagatct	gtataatggc	aagacaacca	aactacaact	tagcaagaat	420
gtgctctgta	gtgcatgcag	tggccaaggc	ggaaagtctg	gagctgtcca	aaagtgtagt	480
gcttgctcag	gtcagaggtg	gcgcatcatg	atcagacagc	tggctccagg	gatggtacaa	540
cagatgcagt	ctgtgtgctc	tgattgtaat	ggagaaggag	aggtaattaa	tgaaaaagac	600
cgctgtaaaa	aatgtgaagg	gaagaagggt	attaaagaag	tcaagattct	tgaaagtccac	660
gtagacaaa	gcatgaaaca	tggacagaga	attacattca	ctggggaagc	agaccaggcc	720
ccaggagtgg	aaccgggaga	cattgttctt	ttgctacagg	agaaagaaca	tgaggatattt	780
cagagagatg	ggaatgattt	gcacatgaca	tataaaatag	gacttggtga	agctctatgt	840
ggatttcagt	tcacatttaa	gcaccttgat	ggacgtcaga	ttgtggtgaa	atacccccct	900
ggcaaagtaa	ttgaaccagg	gtgtgttcgt	gtagttcgag	gtgaagggat	gccgcagtat	960
cgtaatccct	ttgaaaaagg	tgatctttac	ataaagtttg	atgtgcagtt	tcctgaaaac	1020
aactggatca	acccagacaa	gctttctgaa	ctagaagatc	ttctgccatc	tagaccggaa	1080
gttcctaaca	taattggaga	aacagaggag	gtagagcttc	aggaatttga	tagcactcga	1140
ggctcaggag	gtggtcagag	gcgtgaagcc	tataatgata	gctctgatga	agaaagcagc	1200
agccatcatg	gacctggagt	gcagtgtgcc	catcagtaa			1239

<210> 54

<211> 412

<212> PRT

10 <213> *Homo sapiens*

<400> 54



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

Ala	Cys	Ser	Gly	Gln	Gly	Gly	Lys	Ser	Gly	Ala	Val	Gln	Lys	Cys	Ser	145	150	155	160
Ala	Cys	Arg	Gly	Arg	Gly	Val	Arg	Ile	Met	Ile	Arg	Gln	Leu	Ala	Pro	165	170	175	
Gly	Met	Val	Gln	Gln	Met	Gln	Ser	Val	Cys	Ser	Asp	Cys	Asn	Gly	Glu	180	185	190	
Gly	Glu	Val	Ile	Asn	Glu	Lys	Asp	Arg	Cys	Lys	Lys	Cys	Glu	Gly	Lys	195	200	205	
Lys	Val	Ile	Lys	Glu	Val	Lys	Ile	Leu	Glu	Val	His	Val	Asp	Lys	Gly	210	215	220	
Met	Lys	His	Gly	Gln	Arg	Ile	Thr	Phe	Thr	Gly	Glu	Ala	Asp	Gln	Ala	225	230	235	240
Pro	Gly	Val	Glu	Pro	Gly	Asp	Ile	Val	Leu	Leu	Leu	Gln	Glu	Lys	Glu	245	250	255	
His	Glu	Val	Phe	Gln	Arg	Asp	Gly	Asn	Asp	Leu	His	Met	Thr	Tyr	Lys	260	265	270	
Ile	Gly	Leu	Val	Glu	Ala	Leu	Cys	Gly	Phe	Gln	Phe	Thr	Phe	Lys	His	275	280	285	
Leu	Asp	Gly	Arg	Gln	Ile	Val	Val	Lys	Tyr	Pro	Pro	Gly	Lys	Val	Ile	290	295	300	
Glu	Pro	Gly	Cys	Val	Arg	Val	Val	Arg	Gly	Glu	Gly	Met	Pro	Gln	Tyr	305	310	315	320
Arg	Asn	Pro	Phe	Glu	Lys	Gly	Asp	Leu	Tyr	Ile	Lys	Phe	Asp	Val	Gln	325	330	335	
Phe	Pro	Glu	Asn	Asn	Trp	Ile	Asn	Pro	Asp	Lys	Leu	Ser	Glu	Leu	Glu	340	345	350	
Asp	Leu	Leu	Pro	Ser	Arg	Pro	Glu	Val	Pro	Asn	Ile	Ile	Gly	Glu	Thr	355	360	365	
Glu	Glu	Val	Glu	Leu	Gln	Glu	Phe	Asp	Ser	Thr	Arg	Gly	Ser	Gly	Gly	370	375	380	
Gly	Gln	Arg	Arg	Glu	Ala	Tyr	Asn	Asp	Ser	Ser	Asp	Glu	Glu	Ser	Ser	385	390	395	400
Ser	His	His	Gly	Pro	Gly	Val	Gln	Cys	Ala	His	Gln					405	410		

<210> 55

<211> 1239

<212> ADN

5 <213> *Mus musculus*

ES 2 375 488 T3

<400> 55

atggcgaaacg	tggccgacac	gaagctgtac	gacatcctgg	gcgtccctcc	cggcgctagc	60
gagaacgagc	tgaagaaggc	ataccgaaag	ttagccaaag	aataccaccc	tgataagaat	120

c caaatgctg	gagacaaatt	t aaagaaata	agttttgcat	atgaagtatt	gtcaaatcca	180
gagaagcgag	agctgtatga	cagatatgga	gaacaaggcc	tacgggaagg	cagcggcgga	240
ggcggtgcca	tggatgatat	cttctcacat	atttttggtg	gaggattggt	tggctttatg	300
ggcaatcaga	gtagaagtcg	aaatggcaga	agaagaggcg	aggacatgat	gcatccacta	360
aaagtatctt	tagaagacct	gtacaatggc	aagacaacca	aactacaact	tagcaagaat	420
gtgctctgta	gtgcatgcag	tggccaaggt	gggaagtctg	gagctgttca	gaaatgcagc	480
gcttgctcgg	gtcgaggtgt	gcgcattatg	atcagacagc	tggctccagg	aatggtgcag	540
cagatgcagt	ccgtgtgctc	cgactgtaat	ggagaagggg	aggtcatcaa	tgaaaaagac	600
cgctgtaaaa	aatgtgaagg	gaagaaggta	atcaaagaag	tcaagattct	ggaagtccat	660
gtagacaaag	gcatgaaaca	tggacagagg	attacgttca	ctggggaagc	agaccaggct	720
ccaggagtgg	aacctggaga	tattgttctt	ttgctacagg	aaaaagaaca	tgagggtgtt	780
cagagagatg	ggaatgattt	gcatatgaca	tataagatag	gactcgttga	agcttttatgt	840
ggattttcagt	tcacatttaa	acatcttgat	gctcgtcaga	ttgtggtgaa	ataccccctt	900
ggcaaagtaa	ttgaaccagg	atgtgttctg	gttggttcgag	gtgaaggaat	gccacagtat	960
cgtaatccct	tgtaaaaagg	tgatctctac	ataaagtttg	atgtcagatt	tcctgagaat	1020
aactgcatca	accagacaaa	actttctgaa	ttagaagatc	tcctgccatc	tagaccagaa	1080
gttcctaata	ttattggaga	gacagaagaa	gtggagcttc	aggaatttga	tagcactcga	1140
ggctctggcg	gtggtcagag	acgtgaagcc	tataatgata	gctctgatga	agaaagtagc	1200
agccatcatg	gacctggagt	gcagtgtgcc	catcagtaa			1239

<210> 56

5       $\langle 211 \rangle$  412

<212> PRT

<213> *Mus musculus*

<400> 56

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

Gly	Met	Val	Gln	Gln	Met	Gln	Ser	Val	Cys	Ser	Asp	Cys	Asn	Gly	Glu			
			180					185					190					
Gly	Glu	Val	Ile	Asn	Glu	Lys	Asp	Arg	Cys	Lys	Lys	Cys	Glu	Gly	Lys			
		195					200					205						
Lys	Val	Ile	Lys	Glu	Val	Lys	Ile	Leu	Glu	Val	His	Val	Asp	Lys	Gly			
	210					215					220							
Met	Lys	His	Gly	Gln	Arg	Ile	Thr	Phe	Thr	Gly	Glu	Ala	Asp	Gln	Ala			
225					230					235					240			
Pro	Gly	Val	Glu	Pro	Gly	Asp	Ile	Val	Leu	Leu	Leu	Gln	Glu	Lys	Glu			
				245					250					255				
His	Glu	Val	Phe	Gln	Arg	Asp	Gly	Asn	Asp	Leu	His	Met	Thr	Tyr	Lys			
			260					265					270					
Ile	Gly	Leu	Val	Glu	Ala	Leu	Cys	Gly	Phe	Gln	Phe	Thr	Phe	Lys	His			
		275					280					285						
Leu	Asp	Ala	Arg	Gln	Ile	Val	Val	Lys	Tyr	Pro	Pro	Gly	Lys	Val	Ile			
	290					295					300							
Glu	Pro	Gly	Cys	Val	Arg	Val	Val	Arg	Gly	Glu	Gly	Met	Pro	Gln	Tyr			
305					310					315					320			
Arg	Asn	Pro	Phe	Glu	Lys	Gly	Asp	Leu	Tyr	Ile	Lys	Phe	Asp	Val	Gln			
				325					330					335				
Phe	Pro	Glu	Asn	Asn	Trp	Ile	Asn	Pro	Asp	Lys	Leu	Ser	Glu	Leu	Glu			
			340					345					350					
Asp	Leu	Leu	Pro	Ser	Arg	Pro	Glu	Val	Pro	Asn	Val	Ile	Gly	Glu	Thr			
	355						360					365						
Glu	Glu	Val	Glu	Leu	Gln	Glu	Phe	Asp	Ser	Thr	Arg	Gly	Ser	Gly	Gly			
	370					375					380							
Gly	Gln	Arg	Arg	Glu	Ala	Tyr	Asn	Asp	Ser	Ser	Asp	Glu	Glu	Ser	Ser			
385					390					395					400			
Ser	His	His	Gly	Pro	Gly	Val	Gln	Cys	Ala	His	Gln							
				405					410									

<210> 57

<211> 654

<212> ADN

5 <213> *Oryza sativa*

<400> 57

cttctacatc	ggcttaggtg	tagcaacacg	actttattat	tattattatt	attattatta	60
ttattttaca	aaaatataaa	atagatcagt	ccctcaccac	aagtagagca	agttggtgag	120
ttattgtaaa	gttctacaaa	gctaatttaa	aagttattgc	attaacttat	ttcatattac	180
aaacaagagt	gtcaatggaa	caatgaaaac	catatgacat	actataattt	tgtttttatt	240
attgaaatta	tataattcaa	agagaataaa	tccacatagc	cgtaaagttc	tacatgtggt	300
gcattaccaa	aatatatata	gcttacaaaa	catgacaagc	ttagtttgaa	aaattgcaat	360
ccttatcaca	ttgacacata	aagtgagtga	tgagtcataa	tattattttc	tttgctaccc	420
atcatgtata	tatgatagcc	acaaagttac	tttgatgatg	atatcaaaga	acatttttag	480
gtgcacctaa	cagaatatcc	aaataatatg	actcacttag	atcataatag	agcatcaagt	540
aaaactaaca	ctctaaagca	accgatggga	aagcatctat	aaatagacaa	gcacaatgaa	600
aatcctcatc	atccttcacc	acaattcaaa	tattatagtt	gaagcatagt	agta	654

<210> 58

<211> 51

5 <212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> cebador: prm04266

<400> 58

ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctt cacaatgtac ggacgcatgc c 51

10

<210> 59

<211> 50

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

15 <220>

<223> Cebador: prm04267

<400> 59

ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtg catogaattg ttctactgc 50

## REIVINDICACIONES

1. Método para aumentar el rendimiento de semillas en plantas hechas crecer en condiciones de crecimiento normales con respecto a plantas control, que comprende
  - (i) transformar una planta, una parte de planta o una célula vegetal con un constructo que comprende un ácido nucleico de DnaJ de tipo I exógeno que codifica para un polipéptido DnaJ de tipo I que comprende un motivo CaaX en su extremo carboxilo terminal y comprende adicionalmente, desde el extremo amino terminal hasta el extremo carboxilo terminal: (i) un dominio J con referencia de InterPro IPR001623; (ii) una región de dominio G/F de aproximadamente 30 residuos de aminoácidos, rico en glicina (G) y fenilalanina (F); (iii) un dominio de dedo de zinc rico en Cys que contiene cuatro repeticiones de CXXCXGXG, en el que X representa un residuo cargado o polar (referencia de InterPro IPR001305); y (iv) un dominio carboxilo terminal (CTD; referencia de InterPro IPR002939),
  - (ii) expresar dicho ácido nucleico; y
  - (iii) en el que dicho polipéptido DnaJ de tipo I tiene una ubicación subcelular citosólica.
2. Método según la reivindicación 1, en el que dicho polipéptido DnaJ de tipo I tiene, en orden creciente de preferencia, una identidad de al menos el 75%, 80%, 85%, 90% o 95% con SEQ ID NO: 2.
3. Método según las reivindicaciones 1 a 2, en el que dicho ácido nucleico de DnaJ de tipo I es de origen procariota o eucariota, preferiblemente de origen eucariota, más preferiblemente dicho ácido nucleico de DnaJ de tipo I es de origen vegetal tal como una planta monocotiledónea, preferiblemente de la familia *Poaceae*, más preferiblemente el ácido nucleico es de *Oryza sativa*.
4. Método según una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 3, en el que dicho ácido nucleico de DnaJ de tipo I está operativamente unido a un promotor específico de semilla.
5. Método según la reivindicación 4, en el que dicho promotor específico de semilla es un promotor específico de endospermo.
6. Método según la reivindicación 5, en el que dicho promotor específico de endospermo es un promotor RP6 de prolamina de arroz.
7. Método según la reivindicación 1, en el que dicho rendimiento de semillas aumentado es un índice de cosecha aumentado.
8. Constructo que comprende:
  - (i) un ácido nucleico que codifica para un polipéptido DnaJ de tipo I según la reivindicación 1; y
  - (ii) una o más secuencias de control que pueden dirigir la expresión de la secuencia de ácido nucleico de (i) en una semilla de planta y que comprenden un promotor RP6 de prolamina de arroz; y opcionalmente
  - (iii) una secuencia de terminación de la transcripción.
9. Planta transgénica que tiene rendimiento de semillas aumentado en condiciones de crecimiento normales con respecto a plantas control, comprendiendo dicha planta transgénica un constructo según la reivindicación 8.
10. Planta transgénica según la reivindicación 9, en la que dicha planta es una planta monocotiledónea, tal como caña de azúcar o en la que la planta es un cereal, tal como arroz, maíz, trigo, cebada, mijo, centeno, avena o sorgo.

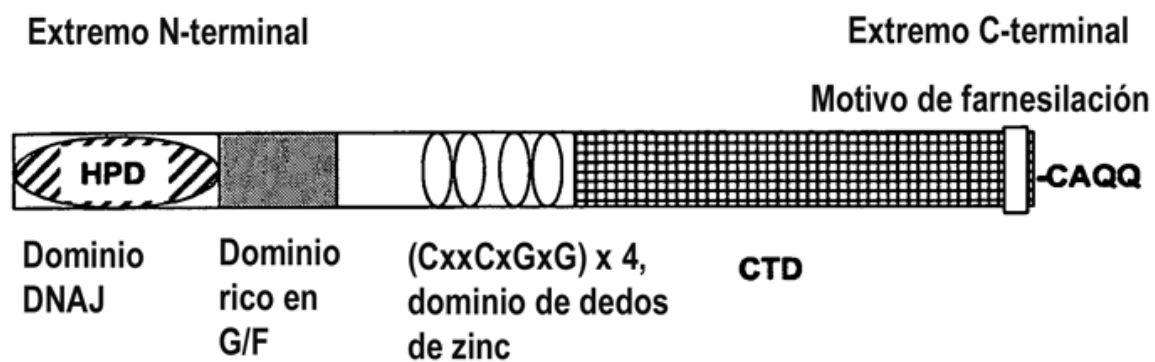


FIGURA 1



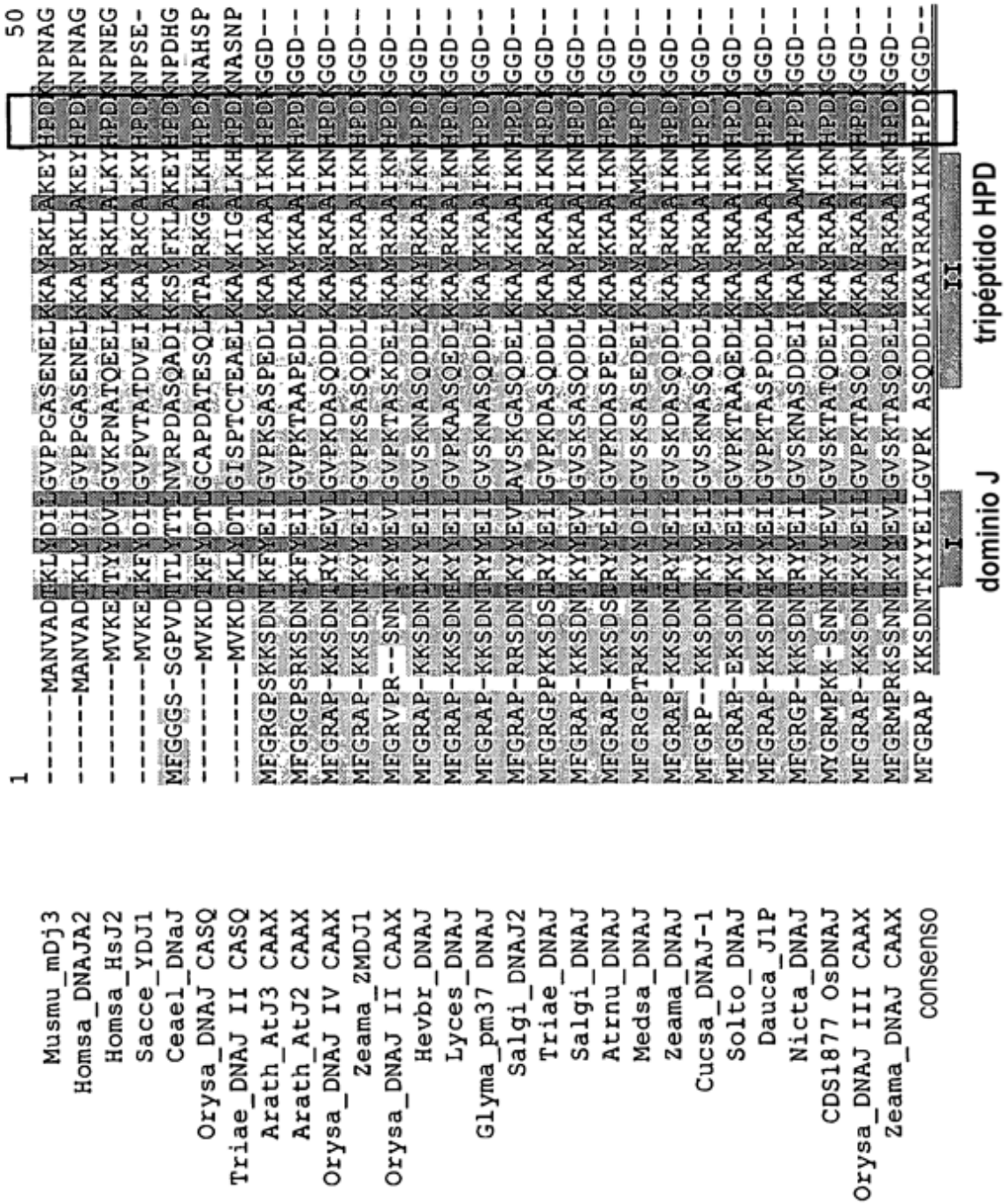


FIGURA 2

110

**FIGURA 2 (continuación)**

112

**FIGURA 2 (continuación)**



		251	300
Musmu_mdj3	(217)	LEVHVDKGMKHKQRITETGEADQ-APGVPEPDIIVLLDQKEHEVEFOR DGN	
Homsa_DNAJ2	(217)	LEVHVDKGMKHKQRITETGEADQ-APGVPEPDIIVLLDQKEHEVEFOR DGN	
Homsa_HsJ2	(208)	LEVHIDKGMKDGQKITEHCEGDQ-EPGLEPDIIVLDQKDHAVFTRRGE	
Sacce_YDJ1	(216)	LEVHVEPMPKMDGQRIVKGEAQ-APDVIPGDVVFIVSERPHKSKFKR DGD	
Ceael_DNAJ	(243)	LEVHVLPMKMHNDKITEKSGDQSDPEDEGPDVWIVIQKDHIDIFKR DGD	
Orysa_DNAJ_CASQ	(226)	LHVHVDKGVQSGTKIDRCEGDQ-MPGVEPDDVQFEIEQKPHPRFQRKGD	
Triae_DNAJ II CASQ	(225)	LHVHVDKGVRSGRHIEEKCEGDQ-TFQVQPGDVIFEEIEQKPHPRFQRKDD	
Arath_AtJ3 CAAX	(222)	LEVHVEKGMQHSQKITEGQADE-AEDTVTGDIVFVLQKKEHPKFKR KGE	
Arath_AtJ2 CAAX	(223)	LEVHVEKGMQHNQKITESQADE-APDTVTGDIVFVLQKKEHPKFKR KGE	
Orysa_DNAJ IV CAAX	(220)	LEVHVEKGMQNGQKITEPGEADE-APDTVTGDIVFVLQKKEHPKFKR KGD	
Zeama_ZMDJ1	(222)	LEVHVEKGMQHNQKITEPGEADE-AEDTVTGDIVFVLQKQKDHKSFKR KGE	
Orysa_DNAJ II CAAX	(220)	LEVHIEKGMQHGQKIVFQGEADE-APDTVTGDIVFVLQKQKDHKSFKR KYD	
Hevbr_DNAJ	(221)	LEVHVEKGMQNGQKITEPGEADE-APDTITGDIVFVLQKKEHPKFKR KGD	
Lycles_DNAJ	(224)	LEVHVEKGMQNGQKITEPGEADE-APDTITGDIVFVLQKKEHPKFKR KGD	
Glyma_pm37_DNAJ	(222)	LEVHVEKGMQNGQKITEPGEADE-APDTITGDIVFVLQKKEHPKFKR KAE	
Salgi_DNAJ2	(224)	LEVHVERGMQHGQKIVFQGEADE-APDTITGDVWFVLQKKSFKR KMD	
Triae_DNAJ	(224)	LEVHVEKGMQHGQKITEPGEADE-APDTVTGDIVFVLQKKEHPKFKR KGD	
Salgi_DNAJ	(224)	LEVHVEKGMQNGQKITEPGEADE-APDTVTGDIVFVLQKQKDHKSFKR KGD	
Atrnu_DNAJ	(222)	LEVHVEKGMQHGQKITEPGEADE-APDTVTGDIVFVLQKKEHPKFKR KGE	
Medsa_DNAJ	(224)	LEVHVEKGMQHGQKITEPGEADE-APDTITGDIVFVLQKQKDHKSFKR ERD	
Zeama_DNAJ	(223)	LEVHVEKGMQNGQKITEPGEADE-APDTVTGDIVFVLQKKEHPKFKR KGD	
Cucsa_DNAJ-1	(220)	LEVHVEKGMQNAQKITEPGEADE-APDTVTGDIVFVLQKKEHPKFKR KGD	
Solto_DNAJ	(223)	LEVHVEKGMQNGQKITEPGEADE-APDTVTGDIVFVLQKKEHPKFKR KGD	
Dauca_J1P	(223)	LEVHVEKGMQNGQKITEPGEADE-APDTVTGDIVFVLQKKEHPKFKR KGD	
Nicta_DNAJ	(222)	LEVHVEKGMQNGQKITEPGEADE-TPDAITGDIVFVLQKQKDHKSFKR KGD	
CDS1877_OsDNAJ	(221)	LEVHVEKGMQHGQKIVFQGEADE-APDTVTGDIVFVLQKQKDHKSFKR KFD	
Orysa_DNAJ III CAAX	(221)	LEVHVEKGMQHNQKITEPGEADE-APDTVTGDIVFVLQKQKDHKSFKR KGD	
Zeama_DNAJ CAAX	(225)	LEVHVEKGMQHNQKIVFQGEADE-APDTVTGDIVFVLQKQKDHKSFKR MYD	
Consenso	(251)	LEVHVEKGMQ GQKITFPGEADE APDTVTGDIVFVLQKKEHPKFKR KGD	

Figura 2 (continuación)

		301	350
Musmu_mDj3	(266)	DLHMTYKIGLVEALCGFQFTFKHLDAQIVVVKYPPGKVIIEGCVRVVRGE	
Homsa_DNAJA2	(266)	DLHMTYKIGLVEALCGFQFTFKHLDAQIVVVKYPPGKVIIEGCVRVVRGE	
Homsa_HsJ2	(257)	DLFMCMDIQEVEALCGFQKPISTLDNRTIVITSHPGQIVVKHGDIKCVLNE	
Sacce_YDJ1	(265)	DLVYEAIEDLTAIAGGEFALEHVSQDWLKVGIIVPGEVIAPGMRKVVIEGK	
Ceael_DNAJ	(293)	DLHMTKKLSLNEALCGYNFLIKHLDGHPVLSSKQGDVIKPGVIRGVLGK	
Orysa_DNAJ_CASQ	(275)	DLYYHAEIDLTAIAGGAIYVEHLDERWLTVEILPGEVIAPGEVKVIRGQ	
Triae_DNAJ_II_CASQ	(274)	DLIYHAEIDLVTALAGGSIFIEHLDERWLSVEILPGEVISPGSVKMIRGQ	
Arath_AtJ3_CAAAX	(271)	DLFEHTLSLTEALCGFQFVLTHLDGRSLLIKSNPGEVVKPDSYKAISDE	
Arath_AtJ2_CAAAX	(272)	DLFEHTLSLTEALCGFQFVLTHLDKRQLLIKSKPGEVVKPDSYKAISDE	
Orysa_DNAJ_IV_CAAAX	(269)	DLFEHTLSLTEALCGFQFVLTHLDNRQLLIKSKPGEVVKPDSYKAISDE	
Zeama_ZMDJ1	(271)	DLFEHTLSLTEALCGFQFVLTHLDNRQLLIKSDPGEVVKPDPQFKAINDE	
Orysa_DNAJ_II_CAAAX	(269)	DLFIERTLSLTEALCGFQFILTLDNRQLLIKSNPGEIIPGQHKAINDE	
Hevbr_DNAJ	(270)	DLIVDHTLSLTEALCASQFILTLDG-DLLIKSQPGEVVKPDPQFKAINDE	
Lyces_DNAJ	(273)	DLFEHTLSLDESICGQFQFVLTHLDNRQLLIKSKPGEVVKPDPQFKAINDE	
Glyma_pm37_DNAJ	(271)	DLFEHTLSLTEALCGFQFVLTHLDNRQLLIKSNPGEVVKPDSYKAINDE	
Salgi_DNAJ2	(273)	DLFEHSLSLTEALCGYQFALTLDGRQLLIKSNPYEIVKPGQYKAINDE	
Triae_DNAJ	(273)	DLFEHTLSLTEALCGFYVLAHLDGRLLIKSNPGEVVKPDSYKAINDE	
Salgi_DNAJ	(273)	DLFEHTLSLTEALCGFQFVLTHLDGRQLLIKSKPGEVVKPDPQFKAINDE	
Atrnu_DNAJ	(271)	DLFEHTLSLTEALCGFRFVLTHLDGRQLLIKSNLGEVVKPDPQFKAIIDE	
Medsa_DNAJ	(273)	DLHIEHNLSETDALCGFQFNVTHLDGRQLLIKSNPGEVVKPQHKAINDE	
Zeama_DNAJ	(272)	DLFEHTLSLTESLCGFQFVVTLDNRQLLIKSNPGEVVKPDSYKAINDE	
Cucsa_DNAJ-1	(269)	DLFEHTLSLVEALCGFQFILTLDGRQLLIKSLPGEVVKPDPQFKAINDE	
Solto_DNAJ	(272)	DLFEHTLSLTEALCGFQFILTLDNRQLLIKPOAGEVVKPDPQFKAINDE	
Dauca_J1P	(272)	DLFEHSLTLSEALCGFQFILTLDGRQLLIKSKPGEVVKPDPQFKGINDE	
Nicta_DNAJ	(271)	DLFVDHTLSLTEALCGFQFIMTHLDGRQLLIKSNLGEVVKPDPQFKAINDE	
CDS1877_OsDNAJ	(270)	DLFTEHTLSLTEALCGFQFVLTHLDGRQLLIKSNPGEVVKPQHKAINDE	
Orysa_DNAJ_III_CAAAX	(270)	DLFEHTLSLTEALCGFQFVLTHLDNRQLLIKSNPGEVVKPDPQFKAINDE	
Zeama_DNAJ_CAAAX	(274)	DLVYEHTLSLTEALCGFQFVLTHLDGRQLLIKSDPGEVVKPQHKAINDE	
Consenso	(301)	DLFEHTLSLTEALCGFQFVLTHLDGRQLLIKSNPGEVVKPDPQFKAINDE	

FIGURA 2 (continuación)

		351	400
Musmu_mdj3	(316)	GMPOYRNPFEEKGDLIYIKEDVQFPENN	WINPDKLSELEDL
Homsa_DNAJA2	(316)	GMPOYRNPFEEKGDLIYIKEDVQFPENN	WINPDKLSELEDL
Homsa_HsJ2	(307)	GMPIYRRPYEKGRLIIEFKVNFENG	FLSPDKLSLLEKL
Sacce_YDJ1	(315)	GMPIPKYGG-YENLIIEFKTIKFEH	H--FTSEENLKKLEEI
Ceacl_DNAJ	(343)	GMFNKKYPELKNLFVEVEVEFKEH	FLDDEKAYAVLKS
Orysa_DNAJ_CASQ	(325)	GMPSYRHH-D-HGNLYIQEDVKFPTS	IQGPADKDGQSTMSAQIKALESV
Triae_DNAJ II CASQ	(324)	GMPSHRRHD-YGNMFVQEDVKEPE	SNFAANSEAYAAKSI
Arath_AtJ3 CAAX	(321)	GMPIYQRPFMKGKLYIHFVVEFPDS	LSPDQTKALEAV
Arath_AtJ2 CAAX	(322)	GMPIYQRPFMKGKLYIHFVVEFPDS	LSPDQTKALEAV
Orysa_DNAJ IV CAAX	(319)	GMPIYQRPFMKGKLYIHFVVEFPDS	LNPDQCKALETV
Zeama_ZMDJ1	(321)	GMPIYQRPFMKGKLYIHFVVEFPDS	LAPEQCKALETV
Orysa_DNAJ II CAAX	(319)	GMPIYQRPFMKGKLYIHFVVEFPDS	VLSDQCKALEMI
Hevbr_DNAJ	(319)	GMPIYQRPFMKGKLYIHFVVEFPDS	LNPDQCKALEAV
Lycles_DNAJ	(323)	GMPIYQRPFMKGKLYIHFVVEFPDS	LHAEQCKNLEAV
Glyma_pm37 DNAJ	(321)	GMPIYQRPFMKGKLYIHFVVEFPDS	LNPDQCKALEAV
Salgi_DNAJ2	(323)	GMPIYQRPFMKGKLYIHFVVEFPDS	FLSPEQCKRTLETI
Triae_DNAJ	(323)	GMPIYQRPFMKGKLYIHFVVEFPDS	LSLDQCKALETV
Salgi_DNAJ	(323)	GMPIYQRPFMKGKLYIHFVVEFPDS	LSPDMCKALEAV
Atrnu_DNAJ	(321)	GMPIYQRPFMKGKLYIHFVVEFPDS	LNPDQCKALEAI
Medsa_DNAJ	(323)	GMPIYQRPFMKGKLYIHFVVEFPDS	FLSPSQSLELEKI
Zeama_DNAJ	(322)	GMPIYQRPFMKGKLYIHFVVEFPDS	LSPEQCKALEAV
Cucsa_DNAJ-1	(319)	GMPIYQRPFMKGKLYIHFVVEFPDS	LNPEQCKALEGV
Solto_DNAJ	(322)	GMPIYQRPFMKGKLYIHFVVEFPDS	LSPEQCKNLEAV
Dauca_J1P	(322)	GMPIYQRPFMKGKLYIHFVVEFPDS	LTPEQCKALEAV
Nicta_DNAJ	(321)	GMPIYQRPFMKGKLYIHFVVEFPDS	LNTEQCKALEAI
CDS1877 OsDNAJ	(320)	GMPIYQRPFMKGKLYIHFVVEFPDS	ALTPGQCRSLEKI
Orysa_DNAJ III CAAX	(320)	GMPIYQRPFMKGKLYIHFVVEFPDS	LAPEQCKALEAV
Zeama_DNAJ CAAX	(324)	GMPIYQRPFMKGKLYIHFVVEFPDS	ALSPAQCRSLEKI
Consenso	(351)	GMPIYQRPFMKGKLYIHFVVEFPDS	LSPDQCKALEAV

FIGURA 2 (continuación)



		401			450
	Musmu_mdJ3	(355)	LPSRP-----EVPNVIGETEEVELEQEFD-----STRGSGGGQRRREAYNDSS		
	Homsa_DNAJA2	(355)	LPSRP-----EVPNIIGETEEVELEQEFD-----STRGSGGGQRRREAYNDSS		
	Homsa_HsJ2	(346)	LPER-----KEVEETDEMDOVELVDFD-----PNQERRRRHYNGEAYEDDE		
	Sacce_YDJ1	(353)	LPRIVP-AIPKATVDECVLADFDPAK-----YNRTRASRGGANYSDE		
	Ceael_DNAJ	(382)	CFPTS-----KVNVNTPAAAEVSLMEYD-----EKKYSRG-RGGDAYNEDS		
	Orysa_DNAJ_CASQ	(374)	LPKRKQSIPPPDMATDFQLERVDPM-----GSRSKGAHSMDEDDDEM		
	Triae_DNAJ_II CASQ	(363)	IPPTVVPIPTPTDTMTETVYFEDIPTQ-----QARAQGATAMDEDDDG		
	Arath_AtJ3 CAAX	(358)	LPKPSTA--QLSDMEIDECEETTLHDVN-IEDEMRRKAQA-QREAYDDDD		
	Arath_AtJ2 CAAX	(359)	LPKPTKA--AISDMEIDDCEETTLHDVN-IEDEMRRKAQA-QREAYDDDE		
	Orysa_DNAJ_IV CAAX	(356)	LPPRPVS--QYTMELDECEETMPYDVN-IEEEMRRRQQQQQQAAYEDE		
	Zeama_ZMDJ1	(358)	LPPRPS--KLTDMEIDECEETTMHDVNNIEEEMRRRQAHAQAAYEEDD		
	Orysa_DNAJ_II CAAX	(358)	LPKPFGH--QLSDMDLDQCEETTMHDVN-IEEEMRRKQYQRKQQAAYEDE		
	Hevbr_DNAJ	(356)	LPRTSV--QLSDMELDECEETTLHDVN-FDEEMRRKQQQ-AQEAAYEDD		
	Lyces_DNAJ	(360)	LPKTKL--QISDMELDEWEETTLHDVN-IEEEMRRKQQA-AQEAQDEDD		
	Glyma_pm37 DNAJ	(358)	LPKPSS--QLTDMELDECEETTLHDVN-MEEETRRKQQQ-AQEAAYEDD		
	Salgi_DNAJ2	(362)	LPQRQSK--NLSEMEIDNCEETIMHDVNMEEERKRKQQQRHQHEAYEDE		
	Triae_DNAJ	(360)	LPKPAS--QYTMELDECEETMAYDID-IEEEMRRRQQQQQAAYEDE		
	Salgi_DNAJ	(360)	LPRASV--QLTDMELDECEETTLHDVN-IEEEMRRKQQQQAAYEDD		
	Atrnu_DNAJ	(358)	LPKPSPM--SLTYMELDECEETTLHNVN-IEEEMKRKQTQAQQAAYEDD		
	Medsa_DNAJ	(362)	LPQKTSK--NLSQKEVDDCEETTLHDVNI AEEMSRKKQQQYREAYDDDDDE		
	Zeama_DNAJ	(359)	LPKPVS--QYTMELDECEETMPYDVN-IEAEMRRRQQQ-HQEAYEDE		
	Cucsa_DNAJ-1	(356)	LPRTSV--QLSDMELDECEETTLHDVN-IEEEMRRKQ---AQEAAYEDE		
	Solto_DNAJ	(359)	LPKPPT--QMTDMELDEGEETTLHDVN-IEEEMRRKQQQ-AQEAAYEDD		
	Dauca_J1P	(359)	LPRPPI--QMTDMELDECEETTLHDVN-IEEEMRRKQQA-AQEAAYEDE		
	Nicta_DNAJ	(358)	LPRPQS--QYTMELDECEETSLHDVN-IEEEMRRK-QAAQQAAYEDD		
	CDS1877 OsDNAJ	(359)	LPRPRI--QLSDMELDQCEETTMHDVN-IEEEMRRRQQHRRQQAAYEDD		
	Orysa_DNAJ_III CAAX	(357)	LPKPAS--QLTEMEIDECEETTMHDVNNIEEEMRRK-AQAAQAAYEDD		
	Zeama_DNAJ CAAX	(363)	LPKPFGS--QLSDMELDQCEETTLHDVN-IEEEMRRRQQQKKQAAYEDE		
	Consenso	(401)	LPGRP QLTDMEIDCEETTLHDVN IEEEMRRKQQ QEAYEDE		

FIGURA 2 (continuación)

		451			469
Musmu_mDj3	(396)	DEESS-HHGPGVQ	AAHQ		
Homsa_DNAJA2	(396)	DEESS-HHGPGVQ	AAHQ		
Homsa_HsJ2	(386)	HHPRG-----GVQ	QTS		
Sacce_YDJ1	(397)	EE-----QGEGVQ	CASQ		
Ceael_DNAJ	(422)	DEEQHGHHGQGVQ	QHQ		
Orysa_DNAJ_CASQ	(419)	G-----GGGVQ	CASQ		
Triae_DNAJ II CASQ	(408)	HP-----AGAERVQ	CASQ		
Arath_AtJ3 CAAX	(404)	EDDHP-GGAQRVQ	CAQQ		
Arath_AtJ2 CAAX	(405)	ED--HP-GGAQRVQ	CAQQ		
Orysa_DNAJ IV CAAX	(403)	DM--HG-GGAQRVQ	CAQQ		
Zeama_ZMDJ1	(406)	E--MP-GGAQRVQ	CAQQ		
Orysa_DNAJ II CAAX	(405)	EED-----APRVQ	CAQQ		
Hevbr_DNAJ	(402)	D---MH-GGQQRVQ	CAQQ		
Lyces_DNAJ	(406)	D---MP-GGAQRVQ	CAQQ		
Glyma_pm37_DNAJ	(404)	D---MP-GGAQRVQ	CAQQ		
Salgi_DNAJ2	(410)	EE---E-SSMPRVQ	CAQQ		
Triae_DNAJ	(407)	DM--PG-GGQQRVQ	CAQQ		
Salgi_DNAJ	(407)	E---MP-GGAQRVQ	CAQQ		
Atrnu_DNAJ	(405)	EP--AG-G--QRVQ	CAQQ		
Medsa_DNAJ	(410)	DD---E-HSQPRVQ	CAQQ		
Zeama_DNAJ	(405)	DM--PG-G-AQRVQ	CAQQ		
Cucsa_DNAJ-1	(400)	D---MH-GGAQRVQ	CAQQ		
Solto_DNAJ	(405)	ED--MH-GGAQRVQ	CAQQ		
Dauca_J1P	(405)	D---MH-GGAQRVQ	CAQQ		
Nicta_DNAJ	(404)	EM--HG-GGQQRVQ	CAQQ		
CDS1877 OsDNAJ	(406)	DEDAGA-G--PRVQ	CAQQ		
Orysa_DNAJ III CAAX	(404)	E---MP-GGAQRVQ	CAQQ		
Zeama_DNAJ CAAX	(410)	EEDAQ-----PRVQ	CAQQ		
Consenso	(451)	D	GGAQRVQ	CAQQ	
					Motivo de farnesilación

FIGURA 2 (continuación)

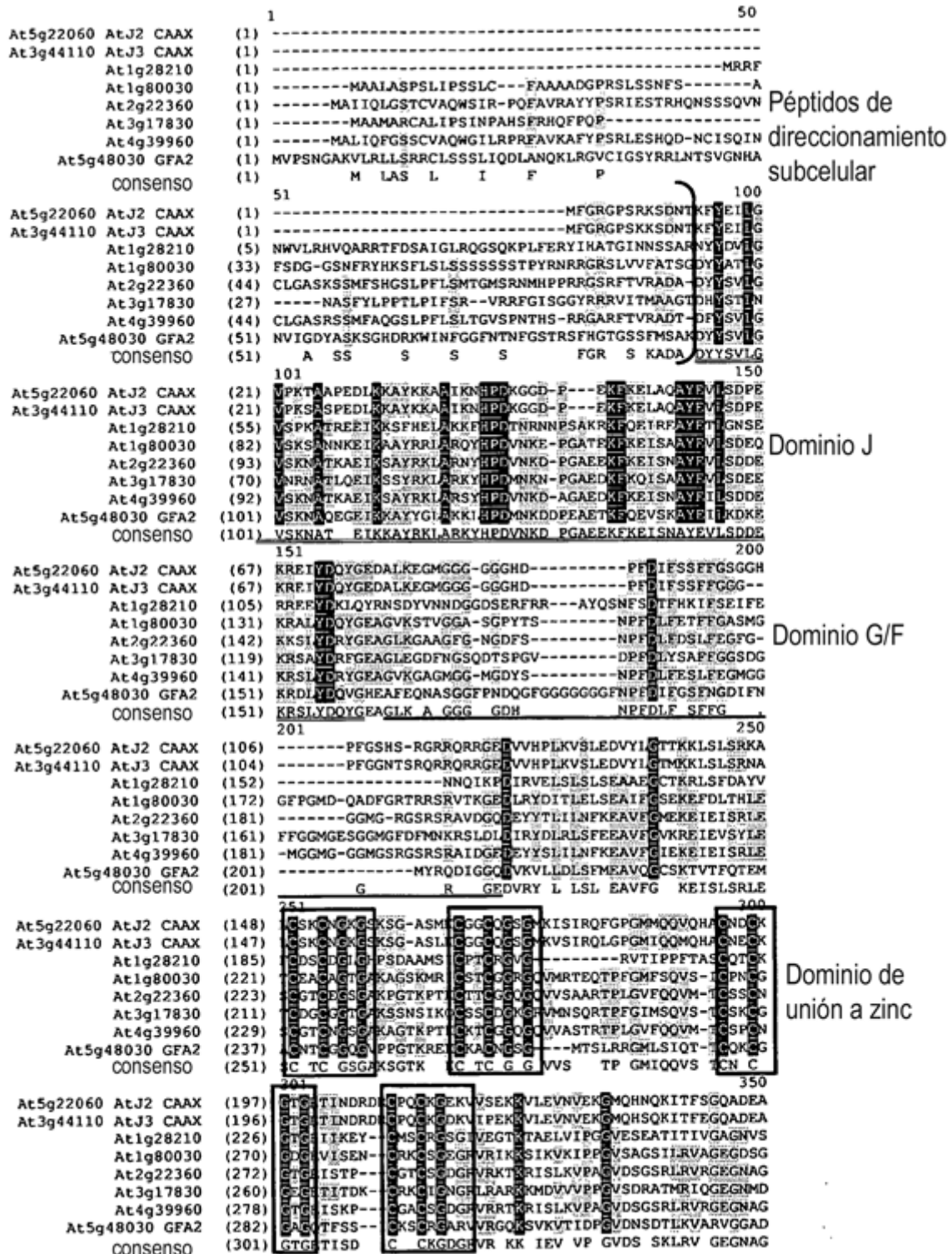


FIGURA 3

			351		400	
At5g22060	AtJ2	CAAX	(247)	P-DVTGDIVFVIOQKEHPKFKKGGEDLFVENTISLTERLCGQFVLTHL		
At3g44110	AtJ3	CAAX	(246)	P-DVTGDIVFVLQOKEHPKFKKGGEDLFVENTISLTERLCGQFVLTHL		
At1g28210			(274)	SRTSQPCNLYIKLVANDSTFTDGGSDIYVDANISFTQILCGKVVVPTL		
At1g80030			(318)	PRGGPPGDLVYVLDVEDVRGIERDGINLLSTLSISYLDAILCAVVKVKT		
At2g22360			(319)	KRGGSFGDLFVVIEVIPDPILKDDTNILYTKISYIDAILCTTLKVPTV		
At3g17830			(308)	KRSGRACDLFIVLQVDEKRGIRFEGNLYSNINIDFTDAILCATTKVETV		
At4g39960			(325)	KRGGSFGDLFAVIEVIPDPVLKDDTNILYTKISYVDAILCTTLKVPTV		
At5g48030	GFA2		(330)	PEGDQPGDLVYVTLKVREDVFRFEGSDIHVDAVLSVTQAILGGTIQVPTL		
		consenso	(351)	PRGG PGDLFVVL V EDP FKRDGSNIFVD ISYTDAILGATLKVPTL		
			401		450	
At5g22060	AtJ2	CAAX	(296)	DKRQLLIKSKPEVVKDDSYKAISDEMPYQRPFMKKLYIHFTVEFP		
At3g44110	AtJ3	CAAX	(295)	DGRSLLIKSNPEVVKDDSYKAISDEMPYQRPFMKKLYIHFTVEFP		
At1g28210			(324)	SG-KIQLDIPK--TQPDQLLVLRGKELPKQGGFFVDHGDQYVRFVNFPT		
At1g80030			(368)	EG-DTELQIPK--TQPGDVLVLAKKVPKLNRPISRDHLEFTVKVSVFN		
At2g22360			(369)	DG-TVDLKVPK--TQSTTLVMAKKVFPVLNKSNNMRGQDLVRVQVEIPK		
At3g17830			(358)	EG-SMDLRIPK--TQPGDTVKLPRKVPDTRPSIRGDHCFVVKISIPK		
At4g39960			(375)	DG-EVDLKVPA--TQSTTLVMAKKVFPVLNKSNNMRGQDLVRVQVEIPK		
At5g48030	GFA2		(380)	TG-DVVVKVRP--TQGHKVVLRNKKIRAR-KSTKFGDQYVHFVNSIPA		
		consenso	(401)	DG VDLKIPPG TQP S LVLAKKGVPI NRP MRGDQYV V VEIP		
			451		500	
At5g22060	AtJ2	CAAX	(346)	SLSPDQTKAIDAVLPKPTKAAISDMEIDDCETTLDHVNIED----EMKR		
At3g44110	AtJ3	CAAX	(345)	SLSPDQTKAIDAVLPKPTAQLSDMEIDCEETTLDHVNIED----EMRR		
At1g28210			(371)	EVNERQRAILDEFAKEEINNELSDSAEGSWNLTGPQIIRDPSLMVLLAL		
At1g80030			(415)	QISAGERELLDELASLKDTSNNRSRTRAKPQQPSTLSTAPSG----SENK		
At2g22360			(416)	RLSKEEKKLIDELADMSKNKTANSTSR-----		
At3g17830			(405)	KLSEERERKLVEFSSLRSSSSTGPTETRQEEQSFSGSEPRKEPSLWHKMK		
At4g39960			(422)	RLSKEEKKLIDELADMSKNKVANSRR-----		
At5g48030	GFA2		(426)	NITQRQRELLDEFSKAEQGEYEQRTATGSSQ-----		
		consenso	(451)	LS DQKILLEELA L A S T K		
			501		550	
At5g22060	AtJ2	CAAX	(392)	KAQAQREAYDDDEED--HPGGAQRVQCAQQ-----		
At3g44110	AtJ3	CAAX	(391)	KAQAQREAYDDDEDDHPGGAQRVQCAQQ-----		
At1g28210			(421)	L.LSRIMG-----		
At1g80030			(461)	KDEVKEENEPEQENYLWNNIKEFAGSVANGALKWLRLNL-----		
At2g22360			(443)	-----		
At3g17830			(455)	NFIRPEDSRTKFGTMSLNPSLPLRRMKVSETSIASFVLALCVITSAVALV		
At4g39960			(448)	-----		
At5g48030	GFA2		(457)	-----		
		consenso	(501)	E		
			551		563	
At5g22060	AtJ2	CAAX	(420)	-----		
At3g44110	AtJ3	CAAX	(421)	-----		
At1g28210			(428)	-----		
At1g80030			(501)	-----		
At2g22360			(443)	-----		
At3g17830			(505)	QKKNRLKQKKET		
At4g39960			(448)	-----		
At5g48030	GFA2		(457)	-----		
		consenso	(551)			

Dominio  
CTD

Motivo  
CaaX

FIGURA 3 (continuación)

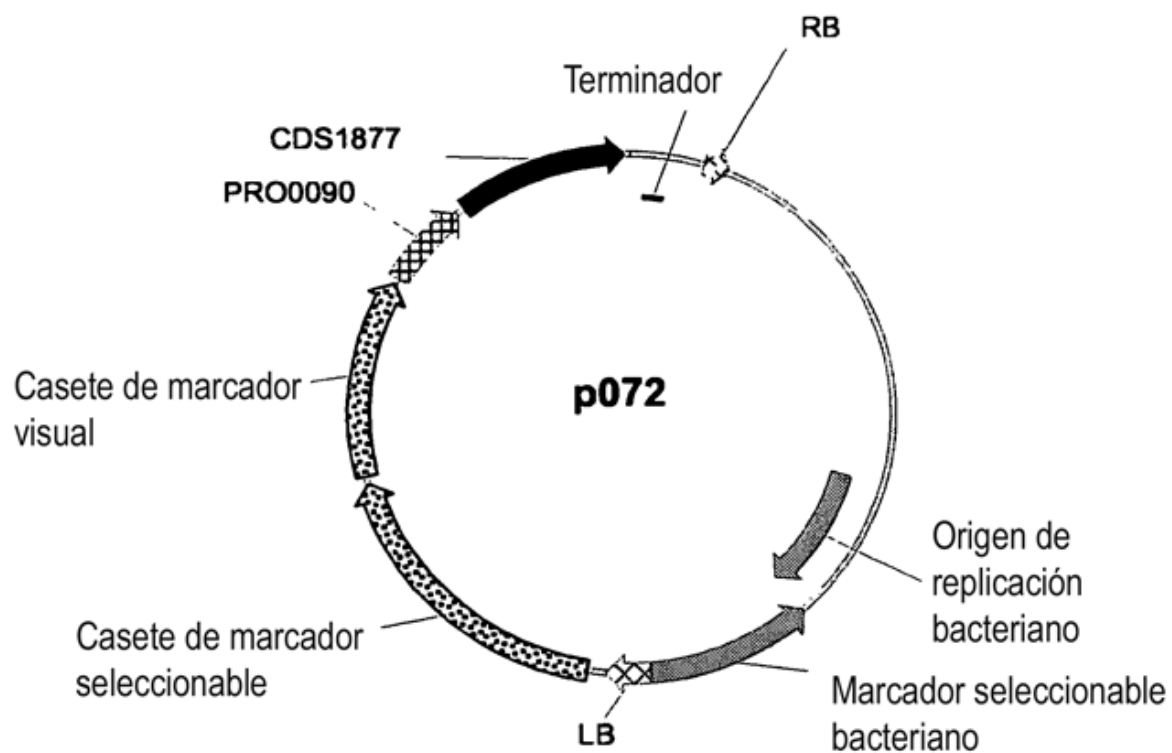


FIGURA 4

**seq id no 01: ADN de DnaJ CDS1877 de *Oryza sativa* (AK066420)**

**ATGTACGGACGCATGCCAAAGAAGAGTAACAATACCAAGTATTATGAGGTGCTTGGTGT**  
**ATCTAAGACAGCAACCCAGGATGAGCTGAAGAAAGCGTACCGTAAAGCTGCCATTAAAA**  
**ACCACCCTGATAAGGGTGGAGACCCTGAGAAGTTTAAAGAATTGGCTCAAGCTTACGAG**  
**GTTCTTAATGATCCTGAAAAGAGGGAAATCTATGACCAATATGGCGAGGATGCACTCAA**  
**AGAAGGAATGGGAGGAGGCAGCAGCAGTGATTTCCATAGTCCCTTCGATTTATTTGAGC**  
**AAATTTTTCAGAATCGTGGTGGCTTTGGGGGTAGAGGACACAGACAAAAGCGTGGCGAA**  
**GATGTGGTACATACTATGAAGGTTTCTTTAGAAGACCTGTATAATGGTACTACCAAAAA**  
**ACTGTCTTTGTACGGAATGCTCTGTGCACAAAGTGCAAGGGTAAAGGATCCAAGAGTG**  
**GGGCAGCAGCAACTTGCCATGGTTGTCTGTCATGGTGCAGGAATGAGAACAATAACAAGACAA**  
**ATTGGGCTTGGCATGATCCAACAGATGAACACTGTTTGCCCTGAATGCAGAGGATCAGG**  
**TGAGATGATAAGTGACAAGGATAAATGCCCGAGTTGTAAGGGAAACAAAGTAGTCCAGC**  
**AGAAGAAGGTCTTGGAGGTTTCTGTTGAGAAGGGAATGCAACATGGCCAAAAGATTGTA**  
**TTCCAGGGTGAAGCTGATGAAGCTCCTGATACAGTGACAGGAGACATAGTTTTTGTCTT**  
**GCAACTTAAAGACCACCCAAAATTTAAGAGGAAGTTTGATGACCTCTTTACTGAGCACA**  
**CAATCTCCCTGACCGAGGCTCTGTGTGGCTTCCAGTTTGTCTAACCCATCTTGATGGT**  
**CGGCAACTCCTAATCAAATCTAATCCAGGGGAGGTTATAAAACCTGGTCAACACAAGGC**  
**CATCAATGATGAAGGCATGCCCCAGCATGGCCGCCCTTTCATGAAAGGTCGTCTTTTG**  
**TTGAATTCAACGTGGAGTTTCTGAGCCTGGTGCCTCACTCCTGGCCAATGCCGATCG**  
**CTTGAGAAGATTTTGCCACCACGACCCAGGAATCAATTGTCAGACATGGAGCTAGATCA**  
**ATGTGAGGAGACCACCATGCATGATGTCAACATAGAAGAGGAGATGAGGCGCAGGCAGC**  
**AGCACAGGCGGCAGGAAGCATATGATGAAGACGACGACGAGGATGCTGGAGCTGGACCA**  
**AGGGTACAGTGTGCCCAGCAGTAA**

**seq id no 02: Traducción de SEQ ID NO: 1 de proteína DnaJ  
CDS1877 de *Oryza sativa***

MYGRMPKKSNNTKYYEVLGVSKTATQDELKKAYRKAAIKNHPDKGGDPEKFKELAQAYE  
VLNDPEKREIYDQYGEDALKEGMGGSSSDFHSPFDLFEQIFQNRGGFGGRGHRQKRGE  
DVVHTMKVSLEDLYNGTTKKLSLSRNALCTKCKGKSGKSGAAATCHGCHGAGMRTITRQ  
IGLGMIIQQMNTVCPECRGSGEMISDKDKCPSCKGNKVQKQKVLVHVEKGMQHGQKIV  
FQGEADEAPDVTGDIVFVLQLKDHKPKFRKFDLFTHTISLLEALCGFQFVLTHLDG  
RQLLIKSNPGEVIKPGQHKAINDEGMPQHGRPFMKGRLFVEFNVEFPEPGALTPGQCRS  
LEKILPPRPRNQLSDMELDQCEETTMHDVNIIEEMRRRQQRHRRQEAYDEDDDEDAGAGP  
RVQCAQQ

**seq id no 03: ADN de Orysa \_ADNJ CAAX II de *Oryza sativa*  
(AK101956)**

**ATGTTTGGGCGGTACCGAGGAGTAACAACACCAAGTACTATGAGGTTCTTGGAGTTCC**  
**TAAAACTGCAAGCAAGGATGAGCTAAAGAAGGCATACCGGAAGGCTGCCATAAAAAACC**  
**ATCCTGACAAGGGAGGGGATCCAGAAAAGTTTAAAGAATTATCACAAGCGTATGAGGTT**  
**CTCACTGATCCTGAGAAGAGAGACATATATGACCAATATGGGGAGGATGCTCTTAAGGA**  
**TGGAATGGGAGGAGGCAGTGACTTCCATAATCCATTTGACATATTTGAGCAGTTTTTCG**  
**GGGGTGGTGCCTTTGGGGGGAGTAGCTCAAGAGTACGCAGACAGAGACGTGGTGAAGAT**  
**GTGGCGCATACTTTGAAGGTGTCTTTAGAAGATGTGTATAATGGATCTATGAAGAACT**  
**ATCATTATCACGAAATATTCTGTGCCCAAAGTGCAAAGGAAAAGGGACCAAATCTGAGG**

**FIGURA 5**

CTCCAGCAACATGCTATGGTTGTCATGGTGTAGGAATGAGGAATATAATGCGACAGATA  
GGACTAGGCATGATTCAACATATGCAGACTGTCTGTCCTGAATGCAGAGGATCAGGTGA  
GATCATAAGTGACAGGGATAAATGCACAACTGCAGAGCTAGCAAAGTTATTCAGGAGA  
AAAAGGTGCTTGAGGTTTCATATTGAGAAGGGAATGCAACATGGCCAAAAAATTGTATTC  
CAAGGTGAAGCTGATGAAGCTCCTGATACAGTGACAGGAGATATAGTATTTATCTTGCA  
AGTTAAGGTACATCCAAGATTTAAGAGGAAATATGATGACCTGTTTCATTGAGCGCACAA  
TCTCTTTAACTGAGGCATTGTGTGGGTTCCAATTCATCCTCACTCATCTGGACAGTAGG  
CAGCTCCTAATCAAGGCAAATCCTGGCGAAATTATTAACCTGGTCAACACAAGGCCAT  
AAATGATGAGGGAATGCCACACCATGGCCGGCCTTTCATGAAGGGCCGTCTCTTTGTGG  
AATTCAATGTTGAGTTCCCTGAATCTGGTGTACTCTCCCGTGACCAATGCCGGGCACTT  
GAGATGATCCTACCACCTAAACCTGGGCACCAATTATCAGATATGGACCTGGATCAATG  
TGAGGAACTACCATGCATGATGTGAACATAGAAGAGGAGATGAGGCGCAAGCAGTATC  
AAAGGAAGCAGGAAGCGTACGACGAAGATGAGGAGGAGGATGCTCCAAGAGTACAGTGT  
GCTCAACAGTAA

**seq id no 04:** Traducción de SEQ ID NO: 3 de proteína  
Orysa \_ DNAJ II CAAX de *Oryza sativa*

MFGRVPRSNNTKYEEVLGVPKTASKDELKKAYRKAAIKNHDPKGGDPEKFKELSQAYEV  
LTDPEKRDIDYQYGEDALKDGMGGSDFFHNPFDFIEQFFGGGAFGGSSSRVRRQRRGED  
VAHTLKVSLVDVYNGSMKKLSLSRNILCPKCKGKGTSEAPATCYGCHGVGMRNIMRQI  
GLGMIQHMQTVCPECRGSGEIIISDRDKCTNCRASKVIEKKVLEVHIEKGMQHGQKIVF  
QGEADEAPDVTVDIVFILQVKVHPRFKRYDDLFIERITISLALCGFQFILTDLDSR  
QLLIKANPGEIIKPGQHKAINDEGMPHHGRPFMKGRLFVEFNVEFPESGVLSDQCRAL  
EMILPPKPGHQLSDMDLDQCEETTMHVDNIEEEMRRKQYQRKQEAYDEDEEEDAPRVQC  
AQQ

**seq id no 05:** ADN de Orysa \_DNAJ III CAAX de *Oryza sativa*  
(AK105028)

ATGTTTCGGGCGCGCGCCGAAGAAGAGCGACAACACCAAGTACTACGAGATCCTGGGGGT  
CCCCAAGACCGCTCCCAGGACGACCTCAAGAAGGCGTACCGCAAGGCCCGCCATCAAGA  
ACCACCCCGACAAGGGCGGCGACCCCGAGAAGTTCAAGGAGCTTGACACAAGCTTATGAG  
GTATTGAGTGACCCGGAGAAACGTGAAATCTATGACCAATATGGTGAAGATGCCCTCAA  
GGAAGGAATGGGTGGAGGCGGATCCCATGTTGATCCATTTGACATCTTTTCATCATTCT  
TTGGACCTTCTTTTGGTGGTGGTGGCAGCAGCAGGGGCAGAAGGCAAAGGAGGGGAGAG  
GATGTGATCCATCCGCTTAAGGTTTCTCTAGAAGATCTTTACAATGGTACTTCAAAGAA  
GCTCTCTCTTTCCCGCAATGTCCTCTGCGCCAAGTGCAAGGGCAAGGGTTCCAAGTCTG  
GTGCTTCCATGAGGTGCCAGGTGCCCAGGGTCTGGCATGAAATCACCATCCGCCAG  
CTGGGGCCCTCCATGATACAGCAGATGCAGCAGCCTTGCAATGAGTGTAAGGGGACTGG  
AGAGAGCATTAAATGAGAAGGATCGCTGCCAGGCTGCAAGGGCGAGAAGGTTATTCAGG  
AGAAGAAGGTTCTGGAGGTTACGTTGAGAAGGGGATGCAACACAATCAGAAGATCACT  
TTCCCTGGTGAAGCTGATGAGGCGCCTGATACCGTTACGGGAGACATTGTATTTCGTCT  
CCAGCAGAAGGACCACTCCAAGTTCAAAGGAAGGGCGATGATCTCTTTATGAGCACA  
CCTTATCTCTGACTGAAGCACTTTGTGGTTTCCAATTTGTCCTGACACATCTGGACAAC  
AGACAGCTGCTCATTAAAGTCAAACCCCGGTGAAGTTGTTAAGCCTGACCAATTCAAGGC  
AATAAACGATGAGGGAATGCCAATGTACCAGAGGCCTTTCATGAAGGGGAAGCTCTACA

**FIGURA 5 (continuación)**



TTCATTTACGGTGGAGTTCCCTGATTCCCTGGCGCCTGAACAATGCAAGGCTCTCGAG  
GCTGTGCTTCCACCGAAGCCTGCATCCCAGCTGACAGAAATGGAGATAGATGAATGCGA  
GGAGACCACGATGCACGATGTCAACAACATTGAGGAAGAGATGCGCAGGAAAGCCCAAG  
CTGCTCAGGAGGCGTATGATGAGGACGATGAGATGCCTGGAGGTGCCAGAGAGTTTCA  
TGCGCGCAACAGTAA

**seq id no 06:** Traducción de SEQ ID NO: 05 de proteína  
**Orysa \_ DNAJ III CAAX de *Oryza sativa***

MFGRAPKKSNDNTKYIEILGVPKTASQDDLKKAYRKAAIKNHPDKGGDPEKFKELAQAYE  
VLSDPEKREIYDQYGEDALKEGMGGGGSHVDPFDIFSSFFGPFSGGGGSSRRRQRRGE  
DVIHPLKVSLEDLYNGTSKKLSLSRNVLCCKGKSGSKSGASMRCPGCGSGMKITIRQ  
LGPSMIQMQPCNECKGTGESINEKDRCPGCKGEKVIQEKVLEVHVEKGMQHNQKIT  
FPGEADEAPDVTVDIVFVLQKDHSEKFKRGDDLFYEHTLSLALCGFQFVLTHLDN  
RQLLIKSNPGEVVKPDQFKAINDGMPMYQRPFMKGKLYIHFTVEFPDSLAEQCKALE  
AVLPPKPASQLTEMEIDECEETTMHDVNNIEEMRRKAQAAQEAYDEDDDEMPGGAQRVQ  
CAQQ

**seq id no 07:** ADN de Orysa \_DNAJ IV CAAX *Oryza sativa*  
**(AK104315)**

ATGTTTCGGGCGCGCGCCGAAGAAGAGCGACAACACGCGGTACTACGAGGTGCTTGGGGT  
GCCCAAGGATGCGTCCCAGGATGACCTCAAGAAGGCGTACCGCAAGGCCGCCATCAAGA  
ACCACCCCGACAAGGGCGGAGACCCCGAGAAGTTCAAGGAATTGGCTCAGGCTTATGAA  
GTCCTGAGTGACCCTGAGAAGCGTGAAATCTATGATCAGTACGGTGAAGATGCTCTCAA  
GGAGGGGATGGGTCTTGGTGGTGGGATGCATGACCCATTTGACATTTTTCTCTATTCT  
TTGGAGGTGGCTTTGGAGGTGGTAGCAGTAGGGGAGGAGACAGCGTAGGGGAGAGGAT  
GTGGTTACCCCTCTGAAGGTTTCTCTGGAGGAATTGTACAATGGCACATCAAAGAAGCT  
CTCCCTTTCTCGCAATGTGCTCTGCTCCAAGTGCAATGGCAAGGGCTCGAAATCTGGTG  
CTTCCATGAAGTGCTCTGGTTGTCAAGGTTCTGGTATGAAGGTCCAAATTCGCCAGTTG  
GGGCCAGGAATGATTAGCAAATGCAACATCCCTGCAATGAGTGCAAGGGAACTGGTGA  
GACCATCAGCGACAAGGATAGATGCCAGGCTGCAAGGGTGAGAAGGTGGCGCAGGAGA  
AGAAGGTTCTTGAGGTGGTGGTTCGAGAAGGGCATGCAGAATGGACAGAAGATCACCTTC  
CCTGGTGAGGCTGATGAAGCGCCCGATACTGTCACTGGAGACATTATCTTCGTCTCCA  
GCAGAAGGAGCATCCCAAGTTCAAGAGAAAGGGAGATGACCTCTTCTACGAGCACACCC  
TGAACCTCACTGAGGCCCTTTGTGGCTTCCAGTTTGTCTCACTCACTTGGACAACAGG  
CAGCTGCTTATCAAGTCCAAGCCCGGTGAAGTTGTCAAGCCTGATTCAATCAAGGCTGT  
CAACGACGAGGGCATGCCGATGTACCAGCGGCCATTATGAAGGGGAAGCTCTACATCC  
ACTTCTCCGTGGAATTCCCCGACTCTTTGAACCCTGACCAGTGCAAGGCCCTGGAGACC  
GTCCTCCCGCCAAGGCCGGTGTGCGAGTACACCGACATGGAGCTCGACGAGTGCGAGGA  
GACCATGCCGTACGACGTGAACATCGAGGAGGAGATGAGGAGGCGGCAGCAACAGCAGC  
AGCAGGAGGCATACGACGAGGACGAGGACATGCACGGCGGCGGCGCCAGCGCGTGCAG  
TGCGCGCAGCAGTAA

**seq id no 08:** Traducción de SEQ ID NO: 07 de  
**proteína Orysa \_ DNAJ IV CAAX de *Oryza sativa***

MFGRAPKKSNDNTKYIEVLGVPKDASQDDLKKAYRKAAIKNHPDKGGDPEKFKELAQAYE  
VLSDPEKREIYDQYGEDALKEGMGPGGGMHDPFDIFSSFFGGGFGGGSSRRRQRRGED  
VVHPLKVSLEELYNGTSKKLSLSRNVLCCKNGKSGSKSGASMKCSGCGSGMKVQIRQL

**FIGURA 5 (continuación)**



GPGMIQQMQHPCNECKGTGETISDKDRCPGCKGEKVAQEKKVLEVVEKGMQNGQKITF  
PGEADEAPDVTVDIIFVLQQKEHPKFKRKGDLLFYEHLLNLTEALCGFQFVLTHLDNR  
QLLIKSKPGEVVKPDSFKAVNDEGMFMYQRPFMKGKLYIHFSVEFPDSLNPQCKALET  
VLPPRPVSQYTDMEDECEETMPYDVNIEEEMRRRQQQQQEQEAYDEDEDMHGGGAQRVQ  
CAQQ

seq id no 09: ADN de ZMDJ de *Zea mays* (BT0016805) corregido

**ATG**TTTCGGGCGCGCGCCGAAGAAGAGCGACAACACCAAGTACTACGAGATCCTCGGGGT  
GCCCAAGTCGGCGTCCCAGGACGATCTCAAGAAGGCCTACCGCAAGGCTGCTATCAAGA  
ACCACCCCGACAAGGGCGGTGACCCGAGAAGTTCAAGGAGCTCGCACAAAGCCTATGAG  
GTTTTGAGTGATCCAGAGAAACGTGAGATTTATGATCAGTATGGTGAAGATGCCCTTAA  
GGAAGGAATGGGCGGTGGAGGATCCCATGTTGATCCATTTGACATCTTCTCATCATTTT  
TTGGACCCTCTTTTGGAGGAGGTGGTGGAAAGCAGCAGGGGAAGAAGGCAAAGGAGGGGA  
GAAGATGTAGTTACCCACTTAAAGTTTCTCTGGAAGATCTTTACAATGGCACCTCAAA  
GAAGCTCTCTCTTTTCGCGCAATGTCTCTGCTCCAAGTGCAAGGGCAAGGGCTCGAAGT  
CTGGTGCCTCAATGAGGTGCCCTGGTTGCCAGGGCTCAGGCATGAAAGTCACTATTTCGT  
CAGCTGGGCCCTTCCATGATACAGCAGATGCAGCAGCCTTGCAATGAGTGCAAGGGGAC  
TGGAGAGAGCATCAATGAGAAGGACCGCTGTCCAGGGTGCAAGGGTGAGAAGGTCATT  
AAGAGAAGAAAGTTCTTGAGGTTTATGTTGAGAAGGGGATGCAACACAACCAGAAGATC  
ACCTTCCCTGGTGAAGCTGATGAAGCGCCTGATACTGTCACTGGAGACATTGTATTTCGT  
CCTCCAACAGAAGGATCACTCCAAATTCAAAAGAAAGGGTGAAGATCTGTTCTATGAGC  
ACACCTTGTCTCTGACCGAAGCACTATGTGGGTTCCTCAATTTGTTCTTACACATCTGGAC  
AACAGGCAGCTTCTCATCAATCAGACCCCTGGTGAAGTTGTTAAACCTGACCAATTCAA  
GGCGATTAATGATGAGGGGATGCCAATTTACCAGAGGCCTTTCATGAAGGGGAAGCTGT  
ACATCCATTTACGGTGGAGTTCCCTGACTCGTTGGCACCAGAGCAGTGCAAGGCTCTC  
GAGACAGTACTTCCACCAAGGCCTTCATCCAAGCTGACAGACATGGAGATAGATGAATG  
CGAGGAGACGACTATGCATGATGTGAACAACATCGAGGAAGAGATGCGCAAGAAGCAAG  
CTCACGCTGCCAGGAGGCGTACGAGGAGGACGACGAGATGCCGGGCGGAGCCAGAGA  
GTGCACTGCGCGCAGCAG**TAA**

seq id no: 10: proteína ZMDJ de *Zea mays* (T01643)

MFGRAPKKSNDNTKYEILGVPKSASQDDLKKAYRKAAIKNHPDKGGDPEKFKELAQAYE  
VLSDPEKREIYDQYGEDALKEGMGGGGSHVDPFDFSSFFGPSFGGGGSSRGRRRRG  
EDVVHPLKVSLEDLYNGTSKKLSLSRNVICSKCKGKSGSKGASMRCPGCQSGMKVTIR  
QLGPSMIQQMQPCNECKGTGESINEKDRCPGCKGEKVIQEKKVLEVHVEKGMQHNQKI  
TFPGEADEAPDVTVDIIFVLQQKDHSKFKRKGEDLLFYEHLLSLTEALCGFQFVLTHLD  
NRQLLIKSDPGEVVKPDQFKAINDEGMPIYQRPFMKGKLYIHFTVEFPDSLAPQCKAL  
ETVLPPRPSSKLTDEIDECEETTMHDVNNIEEEMRRKQAHAAQEAYEEDDEMPGGAQR  
VQCAQQ

seq id no 11: ADN de DNAJ I CAAX de *Zea mays* (AY103727)

**ATG**TTTCGGGCGCGCGCCGAAGAAGAGCGACAACACACGGTACTACGAGATCCTCGGGGT  
CTCCAAGGACGCGTCCCAGGATGACCTCAAGAAAGCCTACCGCAAGGCCGCCATCAAGA  
ACCACCCCGACAAGGGCGGCGATCCCGAGAAGTTCAAGGAGCTAGCTCAGGCTTATGAG  
GTCCTCAGTGATCCTGAAAAGCGGGAGATTTATGATCAATATGGTGAGGATGCCCTCAA

FIGURA 5 (continuación)

GGAGGGAATGGGAGGTGGTGGAGGGATGCACGATCCCTTTGACATATTCCAGTCATTCT  
 TTGGTGGTGGAGCCCTTTTGGAGGTGGTGGCAGCAGTAGGGGCAGAAGGCAGCGAAGG  
 GGAGAGGATGTGGTTTCATCCTCTAAAGGTTTCTCTGGAGGATTGTACAATGGCACATC  
 AAAGAAGCTCTCTGTCCCGCAGTGTCTCTGCTCCAAGTGCAATGGTAAGGGTTCAA  
 AGTCTGGAGCTTCATCGAGGTGTGCTGGTTGCCAAGGTTCTGGCTTTAAGGTCCAAATC  
 CGGCAGTTGGGGCCTGGAATGATCCAGCAAATGCAGCATCCTTGCAACGAGTGCAAGGG  
 TTCTGGAGAGACAATCAGCGACAAGGATAGATGCCACAGTGCAAGGGTGATAAAGTTG  
 TGCAGGAGAAGAAGGTTCTTGAAGTGTTGTGGAGAAAGGCATGCAGAATGGGCAGAAG  
 ATCACATTCCCTGGTGAAGCTGATGAAGCGCCTGACACTGTCACTGGAGATATCATTTT  
 TGTTCTCCAGCAGAAGGAGCATCCCAAGTTCAAGAGAAAGGGCGATGACCTCTTCTACG  
 AGCACACCCTGACCTTGACTGAATCTCTGTGTGGCTTCCAGTTTGTGTGACTCACTTG  
 GATAACAGGCAGCTGCTGATCAAATCAAATCCGGGCGAAGTTGTGAAGCCTGATTCTTT  
 CAAGGCGATCAACGACGAAGGCATGCCCATGTACCAGAGGCCGTTTATGAAGGGCAAGC  
 TGTACATCCACTTCTCGGTGGAGTTCCCGGACTCGCTGAGCCCGGAGCAGTGCAAGGCC  
 CTGGAGGCTGTGCTCCCGCCCAAGCCGGTGTGCGAGTACACCGACATGGAGCTGGACGA  
 GTGCGAGGAGACGATGCCCTATGACGTGAACATCGAAGCGGAGATGCGGAGGCGGCAGC  
 AGCAGCACAGGAGGCCTACGACGAGGATGAGGACATGCCGGGCGGCGCGCAGAGGGTG  
 CAGTGCGCCCAGCAGTAG

seq id no 12: Traducción de SEQ ID NO:11 de proteína DNAJ CAAX de *Zea Mays*

MFGRAPKKSNDTRYEILGVSKDASQDDLKKAYRKAAIKNHPDKGGDPEKFKELAQAYE  
 VLSDPEKREIYDQYGEDALKEGMGGGGGMHDPFDIFQSFFGGGSPFGGGGSSRRRRRR  
 GEDVHPLKVSLEDLYNGTSKKLSLSRSLVLSKNGKSGSKSGASSRCAGCQSGFKVQI  
 RQLGPGMIQQMQHPCNECKSGSETISDKDRCPQCKGDKVVQEKKVLEVFVEKGMQNGQK  
 ITFPGEADEAPDVTVDIIFVLQQKEHPKFKRKGGDLFYEHLLTLES LCGFQFVTHL  
 DNRQLLIKSNPGEVVKPDSFKA INDEGMPMYQRPFMKGKLYIHF SVEFPDLSPEQCKA  
 LEAVLPKPVSYQYTDMELECEETMPYDVNIEAEMRRRQQQHQEAYDEDEDMPGGAQRV  
 QCAQQ

seq id no 13: ADN de DNAJ CAAX de *Zea mays* (AY108160)

ATGTTTGGACGCGATGCCAAGGAAGAGTAGTAACAATACCAAGTATTACGAGGTTCTTGG  
 TGTGTCTAAGACCGCAAGTCAGGATGAGCTTAAGAAAGCATAACAGAAAAGCTGCCATAA  
 AAAACCATCCTGATAAGGGTGGAGACCCTGAGAAGTTTAAAGAGCTGTCTCAAGCTTAT  
 GATGTTCTTAGTGACCCGGAGAAGAGGGAGATCTATGACCAGTATGGAGAAGATGCCCT  
 TAAGGAAGGAATGGGAGGAGGCAGCAGCAGTGATTTCATAGCCCTTTCGACATTTTGG  
 AGCAACTTTTTCCGGGTCTAGCACCTTTGGGGGTGGTAGCTCAAGAGGACGCAGACAA  
 AAGCGTGGTGAAGATGTGGTGCATACTATGAAGGTTTCCTTAGACGATCTGTACAATGG  
 GACAACCAAGAACTATCTTTATCGCGGAGTGCTTTGTGCTCCAAGTGCAAGGGGAAAG  
 GATCCAAGAGTGGGGCATCAGGAACATGCCATGGTTGTCTGGTGGTGGTGAATGAGAACA  
 ATCACAAGACAGATAGGCCTTGGCATGATCCAACAGATGAACACTGTTTGCCCTGAATG  
 CAAAGGATCAGGTGAGATCATAAGTGACAAGGACAAATGCCCAAGCTGTAAAGGAAACA  
 AGGTAGTCCAGGAGAAGAAGGTGTTAGAGGTTTATGTGGAGAAAGGAATGCAACATAAC  
 CAAAAGATTGTATTCCAGGGTCAAGCTGATGAAGCTCCTGATACGGTTACAGGAGACAT  
 TGTTTTTGTCTTGCAACTTAAAGACCATCCAAAATTTAAGAGGATGTACGATGACTTAT  
 ATGTTGAGCACACAATCTCTCTCACCAGGATTTGTGTGGCTTCCAGTTTGTCTTACT  
 CATCTTGATGGGCGACAGCTTCTGATCAAATCTGACCCCGGGAGGTTATTAAACCAGG

FIGURA 5 (continuación)

TCAACACAAGGCCATTAACGATGAAGGTATGCCTCAGCATGGCCGTCCTTTTCATGAAGG  
GCCGTCTGTTTGTGAATTCAACGTGGTGTTCCTCCGAGCCTGGTGCCTCTCCCTGCC  
CAGTGCCGATCGTTGGAGAAGATCCTTCCGCCGAAACCAGGGAGCCAACTGTCGGACAT  
GGAGCTGGACCAGTGCAGGAGACCACCTTCACGATGTCAACATTGAAGAGGAGATGA  
GGCGCAGGCAGCAGCAGAAGAAGCAGGAAGCCTACGATGAAGACGAGGAGGAGGATGCT  
CAACCAAGGGTGCAATGTGCCAGCAGTAA

seq id no 14: Traducción de SEQ ID NO: 13 de proteína DNAJ CAAX de *Zea Mays*

MFGRMPRKSSNNTKYYEVLGVSKTASQDELKKAYRKAAIKNHPDKGGDPEKFKELSQAY  
DVLSDPEKREIYDQYGEDALKEGMGGSSDFHSPFDIFEQLFPGSSFTGGGSSRGRRQ  
KRGEDVVHTMKVSLDDLYNGTTKKLSLSRSALCSKCKGKGSKSGASGTCHGCRGAGMRT  
ITRQIGLGMIIQQMNTVCPECKGSGEIISDKDKCPSCKGNKVVEKVKLEVHVEKGMQHN  
QKIVFQGGADEAPDVTVDIVFVLQKDHKPKFKRMYDDLYVEHTISLALCGFQFVLT  
HLDGRQLLIKSDPGEVIKPGQHKAINDEGMPQHGRPFMKGRLFVEFNVPFEPGALSPA  
QCRSLEKILPPKPGSQLSDMELDQCEETTLHDVNIIEEMRRRQQKKQEAYDEDEEEDA  
QPRVQCAQQ

seq id no 15: ADN de DnaJ de *Triticum aestivum* (BT008914)

ATGTTTCGGGCGCGGGCCGCCGAAGAAGAGCGACAGCACGCGCTACTACGAGATCCTGGG  
CGTGCCCAAGGACGCGTCCCAGGACGACCTCAAGAAGGCCTACCGCAAGGCCGCCATCA  
AGAACCACCCGACAAGGGAGGCGACCCAGAGAAGTTCAAGGAGCTAGCTCAGGCTTAT  
GAGGTTCTGAGTGATCCTGAGAAGCGAGAGATCTATGACCAGTATGGTGAGGATGCCCT  
CAAGGAGGGAATGGGAGGTGGAGGAATGCATGATCCTTTTGACATCTTCCAGTCATTCT  
TTGGTGGTGGCGGCAACCCCTTCGGAGGTGGCGGGAGCAGTAGGGGCAGGCGGCAGCGC  
AGGGGTGAGGATGTGGTTCATCCTCTGAAGGTTAGCCTTGAGGAAGTGTACAACGGAAC  
ATCAAAGAAGCTCTCTCTTGCCCGCAATGTGCTCTGCTCGAAGTGCAATGGCAAGGGGT  
CAAAGTCCGGGGCTTCGATGAAGTGTGCCGGCTGCCAAGGTGCTGGTTACAAGGTGCAG  
ATAAGGCAGCTGGGACCAGGAATGATTTCAGCAAATGCAGCAGCCTTGCAATGAGTGCAG  
GGGAAGTGGGGAGACCATCAGCGACAAGGATCGCTGTGGGCAGTGCAAAGGCGAGAAGG  
TGGTGACGAGAAGAAAGTCCTGGAGGTGGTGGTCGAGAAGGGAATGCAGCATGGGCAG  
AAGATCACCTTCCCCGGCGAGGCGGATGAAGCGCCTGATACTGTTACTGGAGACATAAT  
CTTCGTCTCCAGCAGAAGGAGCACCCCAAATTCAAGCGGAAGGGCGATGACCTCTTCT  
ACGAGCACACCCTGACCCTGACCGAGGCACTGTGTGGCTTCCAGTATGTCTGGCTCAT  
TTGGACGGCAGGACGCTGCTCATCAAGTCCAACCCTGGCGAAGTCGTCAAGCCTGATTC  
GTTCAAGGCGATCAACGACGAGGGCATGCCCATGTACCAGAGGCCGTTTCATGAAGGGCA  
AGCTGTACATCCACTTCACGGTTGATTTTCCCGACTCGCTGAGCCTGGACCAGTGCAAG  
GCGCTCGAGACTGTCTGCCGCCCAAGCCGGCGTCGCAGTACACGGACATGGAGCTGGA  
CGAGTGCGAGGAGACGATGGCCTACGACATTGACATCGAGGAGGAGATGCGGAGGCGAC  
AGCAGCAGCAGGCACAGGAGGCCTACGACGAGGACGAGGACATGCCCGGTGGCGGCGGC  
CAGCGGGTGCAGTGCGCCAGCAGTAG

FIGURA 5 (continuación)

**seq id no 16: Traducción de SEQ ID NO: 15 de proteína DnaJ de *Triticum aestivum***

MFGRGPPKSDSTRYYEILGVPKDASQDDLKKAYRKAAIKNHPDKGGDPEKFKELAQAY  
 EVLSDPEKREIYDQYGEDALKEGMGGGGMHDPFDIFQSFFGGGGNPFGGGGSSRGRQR  
 RGEDVVHPLKVSLEELYNGTSKKLSLARNVLCSCNGKGSKSGASMKCAGCQAGYKVQ  
 IRQLGPGMIQQMQPCNECRGSGETISDKDRCGQCKGEKVVHEKKVLEVVEKGMQHGQ  
 KITFPGEADEAPDVTVDIIFVLQQKEHPKFKRKGDLLFYEHTLTLTEALCGFQYVLAH  
 LDGRQLLIKSNPGEVVKPDSFKAINDGMPMYQRPFMKGKLYIHFTVDFPDSLSDQCK  
 ALETVLPPKSPASQYTDMEDECEETMAYDIDIEEMRRRQQQQAQEAYDEDEDMPGGGG  
 QRVQCAQQ

**seq id no 17: ADN de AtJ2 de *Arabidopsis thaliana* (L36113)**

ATGTTTGGAAGAGGACCTTCAAGGAAGAGCGATAACACAAAGTTCTACGAGATCCTTGG  
 TGTTCCCTAAGACCGCAGCACCAGAAGATCTCAAGAAAGCTTATAAGAAAGCCGCTATCA  
 AAAACCATCCTGATAAGGGTGGTGATCCCGAAAAGTTTAAAGAGTTAGCACAGGCTTAT  
 GAAGTTTTAAGTGATCCTGAGAAGCGTGAGATCTATGATCAATATGGGGAAGATGCCT  
 CAAGGAAGGAATGGGTGGTGGAGGTGGTGGACACGATCCATTTGATATCTTCTCTTCT  
 TCTTTGGTAGTGGTGGACACCCATTCGGAAGTCATAGCCGGGGAAGGAGGCAGAGGCGT  
 GGTGAAGATGTTGTTTCATCCCTTGAAGTTTTCTTAGAGGATGTTTATCTCGGAACAAC  
 AAAGAAGCTCTCACTTTCTAGGAAGGCTTTGTGCTCAAAGTGTAACGGCAAGGGTTCAA  
 AGTCTGGAGCTTCACTGAAATGTGGTGGCTGTCAAGGCTCGGGAATGAAGATCTCGATC  
 AGGCAGTTTGGACCTGGAATGATGCAGCAGGTGCAGCATGCTTGTAATGATTCCAAAGG  
 CACAGGAGAGACCATCAATGATCGGGACAGGTGTCCACAATGCAAAGGAGAGAAGGTTG  
 TCTCTGAGAAGAAGGTGCTTGAAGTAAATGTGGAGAAGGGAATGCAACACAATCAGAAG  
 ATCATTTCAGTGACACAAGCCGATGAAGCGCCTGATACTGTACCCGGAGATATAGTGTT  
 TGTCATTTCAGCAGAAGGAGCACCCTAAAGTTCAAAAGAAAGGGTGAGGATCTCTTTGTGG  
 AGCACACCATCTCTTAACCGAGGCCTTGTGTGGCTTCCAGTTTGTCTTGACCCATTTG  
 GACAAAAGACAGCTTCTCATCAAATCCAAGCCCGGAGAGGTCGTCAAACCTGATTTCATA  
 CAAGGCGATAAGTGATGAGGGAATGCCAATATACCAAAGTCCGTTTCATGAAGGGTAAGC  
 TATACATTCACTTCACGGTTGAATTCCTCGGAATCGCTGAGCCCGGATCAGACAAAGGCC  
 ATTGAAGCAGTTTTGCCAAAGCCAACCAAGGCAGCTATAAGCGATATGGAAATAGACGA  
 CTGCGAAGAGACGACTCTGCATGATGTGAACATTGAGGATGAGATGAAAAGGAAGGCGC  
 AAGCTCAAAGAGAGGCTTATGATGTCGATGAGGAAGATCACCCAGGCGGTGCTCACCCT  
 GTGCAATGTGCCCAGCAGTGA

**seq id no 18: Proteína AtJ2 de *Arabidopsis thaliana* (ABB6799)**

MFGRGPSRKSDNTKFYEILGVPKTAAPEDLKKAYKKAAIKNHPDKGGDPEKFKELAQAY  
 EVLSDPEKREIYDQYGEDALKEGMGGGGGGHDPFDIFSSFFGSGGHPFGSHSRGRQR  
 GEDVVHPLKVSLEDVYLGTTKKLSLSRKALCSKNGKGSKSGASMKCGGCQSGSMKISI  
 RQFGPGMMQVQHACNDCKGTGETINDRDRCPQCKGEKVVSEKKVLEVNVEKGMQHNQK  
 ITFSGQADEAPDVTVDIVFVIQQKEHPKFKRKGEDLFVEHTISLLEALCGFQFVLTSL  
 DKRQLLIKSKPGEVVKPDSYKAISDEGMPYIYQRPFMKGKLYIHFTVEFPESLSPDQTKA  
 IEAVLPKPTKAAISDMEIDDCEETTLHDVNIIDEMKRKAQAQREAYDDDEEDHPGGAQR  
 VQCAQQ

FIGURA 5 (continuación)

seq id no 19: ADN de AtJ3 de *Arabidopsis thaliana* (NM\_114279)

**ATG**TTTCGGTAGAGGACCCTCGAAGAAGAGCGACAACACTAAGTTCTACGAGATCTTAGG  
TGTTCCCTAAGAGCGCTTCACCAGAAGATCTCAAGAAAGCTTACAAAAAGCCGCTATCA  
AGAATCATCCTGATAAGGGTGGAGATCCCGAGAAGGTGAATAATTTCTTAGATCCGTAT  
GAAGTGCTTAGTGACCCGGAGAAGCGTGAGATTTATGACCAGTATGGAGAGGATGCACT  
CAAGGAAGGAATGGGTGGTGGAGGAGGTGGACATGATCCATTTGATATTTTCTCATCCT  
TCTTTGGTGGAGGCCCTTTGGAGGTGAGTCTCCTTGGACACTGTGGCAGAGGCGTGGT  
GAGGATGTTGTTTCATCCCTTGAAGGTATCTCTTGAGGATGTGTACCTTGGTACAATGAA  
GAAGCTTTCACTTTCTAGGAATGCTCTCTGCTCTAAGTGTAAACGGGTAGTACATTCGA  
CTCGATCCTCCTTGAATGTGGAGGGTGTGAGGATCTGGTATGAAGGTGTCTATTAGG  
CAGCTTGGACCTGGAATGATCCAGCAGATGCAGCATGCATGTAATGAATGCAAAGGGAC  
AGGTGAGACCATCAATGATCGGGACAGGTGTCCACAATGCAAAGGAGACAAGGTCATTC  
CTGAGAAGAAGGTGCTTGAAGTGAATGTGGAGAAGGGAATGCAACACAGTCAGAAGATC  
ACATTTGAAGGACAAGCAGATGAAGCGGTATCTACTCTCATACATTTAATAGTGTGTGT  
CCTTCAGCAGAAAAGAGCACCCAAAGTTCAAGAGAAAGGGAGAAGACCTCTTTGTGGAGC  
ACACACTTTCTCTAACCAGCTTTGTGTGGCTTCCAATTTGTTCTGACTCACTTGGAT  
GGCAGAAGTCTTCTCATTAAATCTAATCCTGGGGAGGTCTGTAAACCTGGTACGTATTC  
AGATGCATCGTATGAAGGAATGCCGATATACCAGAGGCCATTTCATGAAGGGTAAGCTCT  
ACATCCACTTCACAGTGGAGTTCCCGGACTCGTTGAGCCCAGATCAGACCAAAGCACTG  
GAAGCTGTTCTACCTAAGCCGTCAACAGCTCAGTTGAGTGACATGGAGATAGATGAATG  
CGAGGAGACCACGCTCCACGATGTCAACATTGAGGATGAGATGAGGAGGAAGGCACAAG  
CTCAAAGAGAGGCTTATGATGATGACGATGAAGATGATGACCATCCGGGTGGTGTCTCAA  
AGGGTGCAATGTGCCAGCAGTAA

seq id no 20: Proteína AtJ3 de *Arabidopsis thaliana* (S71199)

MFGRGPSKKSNDTKFYEILGVPKSASPEDLKAYKKAAIKNHPDKGGDPEKFKELAQAY  
EVLSDPEKREIYDQYGEDALKEGMGGGGGGHDPFDIFSSFFGGGPFGGNTSRQRRQRRG  
EDVVHPLKVSLEDVYLGTMKKLSLSRNALCSKNGKSGSKSGASLKCGGCQSGMKVSI  
QLGPGMIQQMQHACNECKGTGETINDRDRCPQCKGDKVPEKKVLEVNVEKGMQHSQKI  
TFEGQADEAPDVTGDIVFVLQQKEHPKFKRKGEDLFVEHTLSLLEALCGFQFVLTHLD  
GRSLLIKSNPGEVVKPDSYKAISDEGMPYIQRPFMKGKLYIHFTVEFPDLSLSPDQTKAL  
EAVLPKPSTAQLSDMEIDECEETTLHDVNIEMRRKAQAQREAYDDDDDDHDPGGAQ  
RVQCAQQ

seq id no 21: ADN de ANJ1 de *Atriplex nummularia* (L09124)

**ATG**TTTGGGAAGAGCACCAAAGAAGAGTGATAGCACCAGATATTACGAGATCTTAGGCGT  
ACCAAAAGATGCATCTCCTGAAGATTTGAAGAAGGCTTATAAAAAAGCTGCCATTAAAA  
ATCATCCTGACAAGGGAGGTGATCCCGAGAAGTTTAAAGAGCTAGCTCATGCTTATGAG  
GTCCTCAGTGATCCCGAAAAGCGTGAGATCTATGATCAATATGGTGAGGATGCACTTAA  
GGAAGGAATGGGTGGAGGTGGCGGTATGCATGATCCATTGACATCTTCCAATCCTTCT  
TTGGAGGAAGTCCATTTGGTGGTGTGGTTCTAGCCGAGGAAGAAGGCAAAGGCGGGGA  
GAAGATGTAGTTCATCCTCTTAAGGTTTCACTCGAGGATCTCTTTACCGGTACAACAAA  
GAAGCTCTCACTCTCTCGCAATGTAATTTGTTCAAAGTGTACTGGCAAAGGATCAAAT  
CGGGAGCTTCTATGAAGTGTCTGGATGTCAAGGTACTGGTATGAAGGTTTCTATCAGA  
CATCTGGGACCCTCAATGATCCAGCAGATGCAGCACCCTTGTAATGAATGCAAAGGAAC  
TGGAGAGACGATTAATGACAAAGATCGTTGCCCTCAGTGCAAAGGTGAGAAGGTTGTGC  
AGGAGAAGAAGGTCTTAGAGGTTGTTGTGGAGAAGGGCATGCAACATGGACAGAAAATT

FIGURA 5 (continuación)

ACTTTCCCTGGAGAGGCTGATGAAGCTCCTGATACTGTCACTGGAGATATAGTCTTTGT  
CCTGCAGCAGAAAGAGCACCCTAAGTTCAAGAGAAAGGGTGAAGATCTCTTCTACGAGC  
ACACTCTAAGCCTGACTGAAGCTCTTTGCGGCTTTAGATTTGTGCTGACTCACCTTGAT  
GGAAGGCAACTTCTTATCAAATCAAACCTGGGAGAAGTTGTCAAGCCTGATCAATTCAA  
GGCAATTGAGGATGAGGGTATGCCTATATACCAAAGGCCGTTTCATGAAGGGCAAGATGT  
ACATCCATTTACAGTGGAGTTCCCCGATTTCGTTAAACCCTGATCAAGTTAAATCCTTG  
GAAGCGATCCTTCTCCTAAGCCATCAATGTCTCTCACATACATGGAGTTAGATGAATG  
TGAAGAGACAACACTGCATAATGTCAACATTGAAGAAGAGATGAAAAGGAAGCAGACAC  
AAGCACAGCAGGAGGCATACGATGAAGATGACGAACCTGCCGGTGGTCAGAGGGTCCAA  
TGTGCTCAACAGTGA

seq id no 22: Traducción de SEQ ID NO: 21 de proteína ANJ1 de *Atriplex nummularia*

MFGRAPKKSDSTRYYEILGVPKDASPEDLKKAYKKAALKNHDPKGGDPEKFKELAHAYE  
VLSDPEKREIYDQYGEDALKEGMGGGGMHDPFDIFQSFFGGSPFGGVGSSRGRQR  
EDVVHPLKVSLEDLFTGTTKKLSLSRNVICSKCTGKGSKSGASKSGCQGTGMKVSIR  
HLGPSMIQQMQHPCNECKGTGETINDKDRCPQCKGEKVVQEKKVLEVVVEKGMQHGQKI  
TFPGEADEAPDVTGDIVFVLQKEHPKFKRKGEDLFYEHTLSLALCGFRFVLTHLD  
GRQLLIKSNLGEVVKPDQFKAIIEDEGMPYQRPFMKGKMYIHFTVEFPDSLNPQVKSL  
EAILPPKPSMSLTMELECEETTLHNVNIEEEMKRKQTQAQQEAYDEDEPAGGQRVQ  
CAQQ

seq id no 23: ADN de DNAJ de *Cucumis sativus* (X67695)

ATGTTTGAAGGCCGAAGAAGAGCGATAATACCAAATATTATGAGATTCTTGGAGTCTC  
GAAGAATGCGTCGCAAGACGATCTAAAGAAGGCTTATAGAAAGGCCGCCATCAAGAACC  
ATCCTGATAAAGGTGGCGACCCTGAAAAATTCAAGGAGTTAGCACAAAGCCTACGAGGTG  
CTGAGTGATCCAGAGAAACGTGAGATATATGATCAATATGGCGAGGATGCCCTCAAGGA  
AGGAATGGGAGGTGGCGGTGGTCATGATCCATTTGACATATTCCAGTCTTTCTTTGGTG  
GAAGCCCGTTTGGTGGTGGTGAAGCAGCAGAGGCCGAAGGCAGAGAAGGGGAGAGGAT  
GTTATCCATCCTCTCAAGGTCTCGTTGGAAGATCTCTACAACGGTACTTCAAAGAAGCT  
CTCTCTTTACGTAATGTAATTTGCTCAAAGTGCAAGGGTAAGGGTTCTAAATCTGGTG  
CTTCAATGAAGTGTCTCTGGCTGTCAAGGTTCTGGTATGAAAGTTTCCATCAGACACCTT  
GGCCCTCTATGATTTCAGCAAATGCAGCATCCTTGCAATGAATGTAAAGGAAGTGGTGA  
GACCATCAATGATAAAGATCGCTGCTCACAATGCAAGGGTGAAGAGGTTGTTTCAGGAGA  
AAAAAGTTTGGAAAGTTATTGTGGAGAAGGGTATGCAAAATGCACAAAAGATTACATTC  
CCTGGTGAAGCAGATGAAGCGCCCGACACTGTTACTGGGGACATTGTCTTTGTCCTACA  
ACAAAAAGAGCACCCCAAGTTTAAAGAGAAAGGGCGATGACCTCTTTGTAGAGCATACT  
TGTCTCTCGTCGAGTCTCTGTGTGGTTTTCCAATTTATTCTGACTCATTTGGATGGCCGA  
CAGCTACTCATCAAATCACTTCCCGGTGAAGTAGTGAAGCCTGACCAATTCAAGGCCAT  
AAACGATGAGGGTATGCCTATGTACCAGAGGCCATTTCATGAAGGGCAAACCTTACATCC  
ACTTCAGTGTGAGTTCCCAGACTCCTTGAACCCCGAACAGTGCAAGGCGCTGGAGGGC  
GTTCTGCCTCCCAGGACCTCAGTGCAGCTCTCAGATATGGAATTGGATGAATGTGAAGA  
GACCACTCTCCACGATGTCAACATTGAAGAGGAGATGCGCAGGAAGCAAGCACAAGAGG  
CATACGATGAAGATGAGGATATGCACGGTGGTGCACAGAGAGTGCAGTGTGCTCAACAA  
TGA

FIGURA 5 (continuación)



seq id no 24: Traducción de SEQ ID NO: 23 de proteína DnaJ de *Cucumis sativus* (X67695)

MFGRPKKSDNTKYEILGVSKNASQDDLKKAYRKAAIKNHPDKGGDPEKFKELAQAYEV  
LSDPEKREIYDQYGEDALKEGMGGGGGHDPFDIFQSFFGGSPFGGGGSSRRRQRRGED  
VIHPLKVSLEDLYNGTSKKLSLSRNVICSKCKGKSGSKSGASMKCPGCQSGSMKVSIRHL  
GPSMIQQMQHPCNECKGTGETINDKDRCSQCKGEKVVQEKKVLEVIVEKGMQNAQKI TF  
PGEADEAPDVTGDIVFVLQQKEHPKFKRKGDLLFVEHTLSLVESLCGFQFILTHLDGR  
QLLIKSLPGEVVKPDQFKAINDEGMMPYQRPFMKGKLYIHFSVEFPDSLNEQCKALEG  
VLPPTSQVQLSDMELDECEETTLHDVNIEEEMRRKQAAQEAYDEDEDMHGGAQRVQCAQQ

seq id no 25: ADN de DnaJ de *Daucus carota* (AF308737)

**ATG**TTTGGGAGAGCACCAAAGAAGAGTGACAATACAAAGTACTATGAAATTCTTGGTGT  
CCCAAAAACAGCATCACCTGATGATCTGAAGAAAGCTTACAGGAAGGCTGCTATCAAGA  
ATCATCCTGATAAGGGTGGCGATCCTGAAAAGTTTAAAGAGCTTGCAGCAAGCATATGAG  
GTTCTGAGTGACCCAGAGAAGCGTGAAATCTATGATCAGTATGGAGAGGATGCTCTCAA  
GGAGGGAATGGGTGGTGGTGGAGGTGGTGGCCATGACCCATTTGACATTTTCCAATCCT  
TCTTTGGTGGCAGCCCGTTTGGTGGAGGTGGCAGCAGCAGAGGACGAAGGCAAAGAAGG  
GGGGAGGATGTCATTTCATCCCTTAAGGTTTCACTGGAAGATCTTTGCAATGGGACTTC  
CAAGAAGCTTTCCCTTTTACGTAATGTAATTTGTTCTAAATGCAAGGGAAAGGGGTCCA  
AGTCGGGTGCTTCAATGACATGTCCTGGCTGCCAGGGTTCTGGAATGAAGTTTCTATC  
AGGCACTTGGGCCCATCTATGATCCAGCAGATGCAGCATCCCTGCAATGACTGCAAGGG  
TACTGGAGAAACAATCAACGACAAGGATCGCTGCCCTCAATGCAAAGGTCAAAGGTTG  
TGCAGGAGAAGAAAGCAATAGAAGTTATTGTGGAGAAGGGTATGCAAAACGGACAGAAG  
ATTACATTCCCTGGAGAAGCTGATGAAGCGCCTGACACGGTTACTGGGGACATAGTGT  
TGTGTTGCAACAAAAGGAGCACCCCAAGTTTAAAGAGGAAGGGTGATGATCTTTTTGTTG  
AACATTCATTAACCTCTCAGTGAAGCACTTTGTGGCTTCCAATTTACTTTGACTCACCTG  
GACGGCAGGCAGCTTCTTATTAAATCCCAGCCAGGAGAAGTTATCAAGCCAGATCAATT  
TAAGGGGATAAATGATGAAGGAATGCCAATGTATCAGAGGCCATTTATGCGAGGAAAGC  
TTTACATTCACCTTAGTGTAGATTTCCCAGAGTCCTTGACCCCTGAGCAGTGCAAAGCT  
CTTGAAGCTGTGTTACCTCCGAGGCCTTCAATTGAGATGACAGACATGGAAGCTGGATGA  
ATGTGAAGAAACAACACTGCATGATGTGAATATTGAAGAGGAGATGCGTCGGAAACAGC  
AAGCTGCCCAAGAGGCATATGACGAAGACGAAGATATGCATGGCGGTGCTCAGAGGGTG  
CAGTGTGCTCAACAATGA

seq id no 26: Traducción de SEQ ID NO: 25 de proteína DnaJ de *Daucus carota*

MFGRAPKSDNTKYEILGVPKTASPDLLKKAYRKAAIKNHPDKGGDPEKFKELAQAYE  
VLSDPEKREIYDQYGEDALKEGMGGGGGGGHDPFDIFQSFFGGSPFGGGGSSRRRQRR  
GEDVIHPLKVSLEDLCNGTSKKLSLSRNVICSKCKGKSGSKSGASMTCPGCQSGSMKVS I  
RHLGPSMIQQMQHPCNDCKGTGETINDKDRCPQCKGQKVVQEKKAEVIVEKGMQNGQK  
ITFPGEADEAPDVTGDIVFVLQQKEHPKFKRKGDLLFVEHSLTLSEALCGFQFTLTHL  
DGRQLLIKSPGEVIKPDQFKGINDEGMMPYQRPFMRGKLYIHFSVDFPESLTPEQCKA  
LEAVLPPRPSIQMTDMELDECEETTLHDVNIEEEMRRKQAAQEAYDEDEDMHGGAQRV  
QCAQQ

FIGURA 5 (continuación)

seq id no 27: ADN de DnaJ de *Glycine max* (AF1690022)

**ATG**TTTGGGAGGGCACC GAAGAAGAGCGATAATACGAGGTACTACGAAATCCTCGGCGT  
 CTCCAAGAACGCTTCGCAGGATGATCTGAAGAAGGCTTACAAGAAAGCCGCCATTAAGA  
 ATCACCCCGACAAGGGCGGTGATCCCGAGAAGTTTAAAGAGCTGGCGCAAGCTTATGAG  
 GTTCTGAGTGACCCTGAGAAGCGTGAGATATATGATCAGTATGGTGAAGATGCGCTTAA  
 GGAAGGAATGGGTGGTGGCGGTGGCCATGATCCATTTGATATCTTTTCATCTTTCTTTG  
 GCGGTGGGAGTCCCTTTGGATCAGGTGGAAGTAGTCGAGGTAGGAGGCAGAGGCGCGGA  
 GAAGACGTGGTTACCCCTCTCAAGGTCTCTTTGGAGGACCTTTATCTTGGAACCTTCAA  
 GAAGCTCTCCCTCTCCAGAAATGTTATATGCTCCAAGTGCAGTGGCAAGGGTTCTAAGT  
 CTGGTGCTTCGATGAAGTGTGCTGGTTGTCAAGGAAGTGGTATGAAGGTTTCTATAAGA  
 CATCTTGCCCATCCATGATTACGAGATGCAGCATGCCTGCAATGAATGTAAGGGTAC  
 TGGAGAACTATCAATGACAGAGATCGCTGCCACAGTGCAAGGGAGAGAAGGTTGTGC  
 AGGAGAAGAAAGTCCCTGAAGTTATTGTAGAAAAGGGGATGCAGAATGGGCAGAAGATA  
 ACATTCCCTGGCGAAGCTGATGAAGCGCCGGACACAATTACTGGGATATCGTCTTTGT  
 CCTTCAGCAGAAGGAACATCCCAAATTCAAAAGAAAGGCTGAAGATCTTTTGTAGAGC  
 ACACTTTGTCCCTTACCGAGGCCTTGTGTGGCTTCCAATTTGTGCTGACTCACTTGGAT  
 AGCCGTCAGCTTCTTATTAAATCAAATCCCGGGGAAGTTGTGAAGCCTGATTACATCAA  
 GGCTATAAATGATGAGGGAATGCCCATGTATCAGAGGCCATTATGAAGGGGAACTTT  
 ACATTCACCTTCACTGTGGAGTTTCCAGATTCTCTAAACCCTGATCAAGTTAAGGCCTTG  
 GAGGCTGTTCTGCCACCAAAGCCTTCTTCACAATTGACAGACATGGAGCTGGATGAATG  
 TGAGGAACTACACTCCATGATGTCAACATGGAGGAGGAGACTAGGAGGAAGCAGCAAC  
 AAGCTCAGGAGGCATATGATGAGGATGATGACATGCCTGGTGGTGCACAGAGGGTACAG  
 TCGCCCGACGAG**TAA**

seq id no 28: Traducción de SEQ ID NO: 27 de proteína DnaJ de *Glycine max*

MFGRAPKKS DNTRYEILGVSKNASQDDLKKAYKKAAIKNHPDKGGDPEKFKELAQAYE  
 VLSDPEKREIYDQYGEDALKEGMGGGGGHDPFDIFSSFFGGGSPFGSGGSSRGRRQRRG  
 EDVVHPLKVSLEDLYLGTSSKLSLSRNVICSKCSGKSGSKSGASMKCAGCQGTGMKVSIR  
 HLGPSMIQQMQHACNECKGTGETINDRDRCPQCKGEKVVQEKVLEVIVEKGMQNGQKI  
 TFPGEADEAPDTITGDIVFLQKEHPKFKRKAEDLFVEHTLSLTEALCGFQFVLTHLD  
 SRQLLIKSNPGEVVKPDSYKAINDEGMPMYQRPFMKGKLYIHFTVEFPDSLNPQVQKAL  
 EAVLPPKPSSQLTDMELDECEETTLHDVNMEETRRKQQQAQEAYDEDDDMPGAQRVQ  
 CAQQ

seq id no 29: ADN de DnaJ de *Hevea brasiliensis* (AF085275)

**ATG**TTTGGAAAGAGCACCCAAAAAAGCGATAACACCAAGTACTATGAGATTCTTGGGGT  
 CTCAAAGAACGCTTCACAGGATGATCTAAAGAAGGCTTATAGAAAAGCTGCCATCAAGA  
 ACCATCCTGACAAGGGTGGTGTATCCTGAAAAGTTTAAAGAGTTGGCCCAAGCTTATGAG  
 GTTTTGAGTGATCCAGAGAAACGTGAGATATATGATCAATATGGAGAGGACGCCCTCAA  
 GGAGGGAATGGGCAGTGGAGGTGGTGCTCATGACCCATTTGACATTTTCCAATCCTTCT  
 TTGGTGGCAACCCATTTGGTGGTGGTGGTAGCAGCAGAGGCCGTAGGAAGGAGGGAGAG  
 GATGTTATCCATCCTCTCAAGGTTTCTTTGGAAGATCTCTACAATGGCACCTCAAAGAA  
 GCTGTCTCTTTCCCGTAATGTTATCTGCTCAAAGTGCAAAGGTAAAGGGTCCAAATCAG  
 GTGCATCAATGAAATGTTCTGGGTGGCAAGGTTCTGGAATGAAGGTCTCCATAAGACAA  
 CTTGGTCCCTCTATGATCCAGCAAATGCAGCATCCTTGTAATGAATGTAAGGGTACTGG  
 TGAGACCATTAATGATAAGGATCGTTGCCCTCAATGTAAAGGTGAAAAGGTTGTTTCAGG

FIGURA 5 (continuación)



AGAAGAAAGTGCTGGAAGTTATTGTTGAGAAGGGTATGCAAAATGGACAGAGGATTACT  
TTCCCTGGAGAAGCTGATGAAGCTCCTGATACTATTACAGGGGACATTGTTTTTGTCTCT  
TCAGCAAAAGGAGCATCCTAAGTTCAAGCGAAAGGGTATGACCTAATTGTTGATCACA  
CTTTATCTCTTACAGAGGCACCTTTGTGCCTCCAGTTTATATTAACCCATCTAGATGGA  
GACCTCCTCATAAAATCCCAACCTGGGGAGGTAGTGAAGCCTGATCAATTCAAGGCCAT  
AAATGATGAAGGGATGCCAATGTATCAGAGGCCATTTCATGAGGGGGAACTGTACATTCT  
ATTTGAGTGTGATTTCCTCAGACTCTCTGCCCCCTGATCAGTGCAAAGCCCTAGAGGCA  
GTTCTTCCCTCAAGAACATCAGTCCAGCTGTCTGACATGGAGCTGGATGAATGTGAGGA  
GACAACCTTTACACGATGTGAACCTTTGACGAGGAGATGCGAAGGAAGCAACAACAGGCCC  
AAGAGGCATATGATGAAGATGATGATATGCATGGTGGTGGCCAGAGGGTGCAATGTGCT  
CAGCAATAA

seq id no 30: Proteína DnaJ de *Hevea brasiliensis* (AAD120555)

MFGRAPKKSDNTKYEILGVSKNASQDDLKKAYRKAAIKNHPDKGGDPEKFKELAQAYE  
VLSDPEKREIYDQYGEDALKEGMGSGGGAHDPFDIFQSFFGGNPFGGGGSSRGRKEGE  
DVIHPLKVSLEDLYNGTSKKLSLSRNVICSKCKGKSGSKGASMKCSGCQSGSMKVSIRQ  
LGPSMIQQMQHPCNECKGTGETINDKDRCPQCKGEKVQEKVLEVIVEKGMQNGQRIT  
FPGEADEAPDTITGDIVFVLQQKEHPKFKRKGDLLIVDHTLSLALCASQFILTHLDG  
DLLIKSQPGEVVKPDQFKAINDEGMPMYQRPFMRGKLYIHFVDFPDSLPPDQCKALEA  
VLPSTSVQLSDMELDECEETTLHDVNFDEEMRRKQQAQAYDEDDDMHGGGQVRVQCA  
QQ

seq id no 31: ADN de DnaJ de *Lycopersicon esculentum* (AF124139)

ATGTTTGAAGAGCACCGAAGAAGAGCGATAATACAAAGTATTATGAGATCTTAGGAGT  
TCCTAAGGCTGCTTCTCAGGAAGATCTCAAAAAGGCTTATCGTAAAGCTGCTATCAAAA  
ATCACCTGATAAGGGAGGCGATCCTGAGAAGTTTAAAGAGCTTGCTCAAGCTTATGAG  
GTTCTGAGTGACCCGGAGAAGCGTGAGATATATGATCAGTATGGAGAGGATGCTCTAAA  
GGAAGGAATGGGTGGTGGAGGTGGTGGACATGAACCATTGATATATTTCAATCATTCT  
TCGGTGGTGGTGGAAACCCCTTTGGTGGTGGTGGGAAGCAGCAGAGTCCGAAGACAGAGA  
AGAGGAGAGGATGTTATCCACCCGCTCAAGGTTTCTTTAGAGGATCTTTACAATGGGAC  
ATCAAAGAAGCTTTCACTATCTCGCAATGTGTTGTGCTCAAAGTGCAAGGGCAAAGGTT  
CCAAGTCAGGTGCTTCAATGAAATGTTCTGGCTGTCAAGGGTCTGGAATGAAAGTTTCT  
ATCAGACAGCTCGGTCCATCCATGATCCAGCAGATGCAGCACCTTGCAATGAGTGCAA  
GGGTACTGGAGAGACGATCAGTGACAAAGATAGGTGCCCTCAGTGCAAGGGTGAGAAGG  
TTGTGCAGGAGAAGAAGGTGTTGGAAGTTCACGTGGAGAAGGGTATGCAGAATGGGCAA  
AAGATAACATTTCCAGGCGAGGCAGATGAAGCGCCAGATACCATCACTGGAGACATTGT  
TTTTGTCTTGCAACAAAAGGAACATCCTAAGTTCAAGCGAAAGGGAGATGATCTTTTGT  
TTGAGCACACATTGAGCCTTGACGAGTCTCTATGTGGTTTCCAGTTTGTCTGACTCAC  
CTAGACAACAGACAGCTGCTCATTAAAGTCCCAACCTGGCGAAGTTGTCAAGCCTGATCA  
GTTTAAGGCTATCAACGATGAAGGAATGCCGATGTACCAAAGGCCGTTTCATGAAGGGCA  
AAATGTACATTCACTTCACTGTTGATTTCCCGAGTCATTACACGCAGAGCAGTGCAAG  
AACCTTGAGGCTGTGCTGCCTCCCAAAACCAATTGCAGATATCAGATATGGAATTGGA  
CGAGTGGGAGGAGACTACTTTGCACGATGTCAACATTGAGGAGGAGATGCGAAGGAAGC  
AGCAAGCTGCCCAAGAGGCACAGGACGAAGATGACGATATGCCTGGTGGTGCACAGAGA  
GTCCAATGTGCACAGCAGTAA

FIGURA 5 (continuación)

seq id no 32: proteína DnaJ de *Lycopersicum esculentum* (AAF28382)

MFGRAPKKS DNTKYYE ILGVPKAAS QEDLKKAYRKAA IKNHPDKGGDPEKFKELAQAYE  
VLS DPEKREIYDQYGEDALKEGMGGGGGGHEPFDIFQSFFGGGGNPFGGGSSRVRRQR  
RGEDVIHPLKVSLEDLYNGTSKKLSLSRNVLC SKCKGKSGSKSGASMKCSGCQSGMKVS  
IRQLGPSMIQQMQHPCNECKGTGETI SDKDRCPQCKGEKVVQEKVLEVHVEKGMQNGQ  
KITFPGEADEAPDTITGDIVFVLQQKEHPKFKRKGGDLFVEHTLSLDES LCGFQFVLTH  
LDNRQLLIK SQPGEVVKPDQFKAINDEGMPMYQRPFMKGKMYIHFTVDFPESLHAEQCK  
NLEAVLPPKTKLQISDMELDEWEETTLHDVNIIEEMRRKQQAQEAQDEDDDMPGAQR  
VQCAQQ

seq id no 33: ADN de DnaJ de *Medicago sativa* (AJ000995)

ATGTTTGGGCGCGGACCAACAAGGAAGAGTGATAACACCAAATATTACGATATTCTTGG  
TGTTTCAAAAAGTGCTAGTGAAGATGAAATCAAGAAAGCCTATAGAAAGGCAGCGATGA  
AGAACCATCCAGATAAGGGTGGGGATCCTGAGAAGTTCAAGGAGTTGGGCCAAGCATAT  
GAAGTGTGTGAGCGATCCTGAAAAGAAAGAACTGTATGATCAATATGGTGAAGATGCCCT  
TAAAGAAGGAATGGGGGGAGGCGCAGGAAGCTCATTTCATAATCCGTTTGATATTTTCG  
AATCATTTTTTTGGTGCAGGCTTTGGTGGTGGTGGTCCCTTCACGCGCAAGAAGACAGAAG  
CAAGGAGAAGATGTGGTGCATTCTATAAAGGTTTCTTGGAGGATGTGTATAACGGCAC  
TACAAAGAAGCTATCACTTTCTAGGAATGCACTGTGCTCAAAATGTAAAGGGAAAGGTT  
CAAAAAGTGGAACTGCTGGAAGGTGTTTTGGATGCCAGGGCACAGGTATGAAGATTACC  
AGAAGGCAAATTTGGAAGTGGGCTGATTCAACAAATGCAACACGCTCTGTCTGACTGCAA  
AGGAACAGGCGAGGTCATTAGTGAGAGAGATAGATGCCCTCAATGCAAGGGAAACAAGA  
TTACTCAAGAAAAGAAGGTGCTGGAGGTGCATGTGGAAGGGGATGCAGCAGGGTCAC  
AAGATTGTATTCTGAAGGACAAGCTGATGAAGTCCCTGATACAATCACAGGAGACATAGT  
TTTTGTCTTGCAAGTAAAGGGACATCCGAAGTTTTCGGAGGGAGCGTGATGACCTTCACA  
TTGAACACAATTTGAGCTTAAGTATGCTCTCTGTGGCTTCCAGTTTAATGTACACAT  
CTTGATGGAAGGCAACTATTGGTCAAATCGAACCCCGGCGAAGTCATCAAGCCAGGTCA  
ACATAAAGCTATAAATGATGAGGGAATGCCACAACATGGTAGGCCGTTTCATGAAGGGAC  
GCCTATACATCAAGTTTAGTGTTGATTTCCCGGATTTCGGGTTTTCTTTCCCAAGCCAA  
AGCCTGGAATTAGAAAAGATATTACCTCAAAGACAAGCAAGAACTTGTCCCAAAAGGA  
GGTAGATGATTGTGAGGAGACCACCCTGCATGATGTCAATATTGCAGAGGAGATGAGTC  
GAAAGAAGCAACAATACCGTGAGGCATATGATGACGATGATGATGAAGATGATGAGCAC  
TCGACGCTCGGGTGCAATGCGCTCAACAGTAG

seq id no 34: Proteína DnaJ de *Medicago sativa* (CAA0447)

MFGRGPTRKSDNTKYYDILGVSKSASEDEIKKAYRKAAAMKNHPDKGGDPEKFKELGQAY  
EVLSDPEKKELYDQYGEDALKEGMGGGAGSSFHNPFDIFESFFGAGFGGGGPSRRARRQK  
QGEDVVHSIKVSLEDVYNGTTKKLSLSRNALCSKCKGKSGKSGTAGRCFGCQGTGMKIT  
RRQIGLGMIIQQMQHVCPDCKGTGEVISEDRCPPQCKGNKITQEKVLEVHVEKGMQQGH  
KIVFEGQADELPDTITGDIVFVLQVKGHPKFRERDDLHIEHNLSLTDALCGFQFNVTH  
LDGRQLLVKSNPGEVIKPGQHKAINDGMPQHGRPFMKGRLYIKFSVDFPDSPGFLSPSQ  
SLELEKILPQKTSKNLSQKEVDDCEETTLHDVNI AEEMSRRKKQYREAYDDDDDEDEH  
SQRVQCAQQ

FIGURA 5 (continuación)

seq id no 35: ADN de DnaJ de *Nicotiana tabacum* (AJ2999254)

**ATG**TTTGGGAGAGGACCAAAGAAGAGTGATAATACGAGGTACTATGAAATATTGGGTGT  
 GTCAAAGAATGCATCAGATGATGAAATCAAGAAAGCTTATAGAAAAGCTGCTATGAAGA  
 ATCACCCTGATAAGGGTGGTGACCTGAAAAGTTTAAGGAGCTTGCTCAAGCTTATGAG  
 GTGTTGAGTGACTCACAGAAGCGTGAGATTTATGATCAGTATGGAGAAGATGCATTAAA  
 AGAAGGAATGGGTGGCGGCGCGGAATGCATGATCCATTTGACATCTTTGAATCTTTCT  
 TTGGTGGCAATCCATTTGGAGGTGGTGGTAGCAGCAGAGGAAGAAGACAGAGAAGGGGT  
 GAGGATGTAGTGCATCCACTGAAGGTCTCTCTCGAGGACCTTTACAGTGGGATAACCAA  
 AAACTCTCCCTTTTCGCGCAATGTCATTTGCTCCAAGTGCAGTGGGAAAGGATCGAAGT  
 CTGGTGCTTCAATGAAGTGTTCTGGTTGTAAAGGTAGTGGTATGAAGGTTTCAATTAGA  
 CAACTTGGCCCTTCAATGATCCAGCAAATGCAGCACGCTTGTAATGAATGCAAGGGTAC  
 TGGAGAGACTATTGACGATAAGGATCGGTGCCCTCGGTGCAAAGGTGAAAAAGTGGTTC  
 AGGAGAAGAAAGTCCTTGAAGTTCATGTTGAGAAAGGCATGCAAAATGGACAGAAAAT  
 ACATTCCCTGGAAAGGCTGATGAAACCCCTGATGCAATTACTGGAGATATAGTTTTTGT  
 GCTCCAGCAGAAAGACACCCGAGGTTCGAAGAGAAAGGGCGACGATCTGTTTGTAGATC  
 ACATTGAGTCTAACTGAGGCTTTATGTGGCTTCCAGTTCATAATGACACACTTGGAT  
 GGCAGACAACCTCTCATAAAATCAAATCTCGGGGAAGTTGTTAAACCTGATCAATTCAA  
 GGCAATCAATGATGAGGGAACGCCAATGTATCAGAGGCCATTTATGAGGGGCAAATTGT  
 ACATTGTTTTCGTTCGTTGAATTTCCAGATTCAATTGAACACAGAACAGGTGAAGGCTCTG  
 GAGGCAATCTTACCACCAAGACCTCAGTCACAGTACACAGACATGGAATTGGATGAGTG  
 TGAGGAGACTTCTTTACATGATGTGAATATTGAGGAGGAAATGAGAAGGAAACAGGCAG  
 CTAACAAGAGGCATATGATGAGGATGATGAGATGCATGGTGGTGGAGGACAGAGAGTA  
 CAATGTGCACAGCAG**TAA**

seq id no 36: Proteína DnaJ de *Nicotiana tabacum* (CAC12824)

MFGRGPKKSDNTRYEILGVSKNASDDEIKKAYRKAAMKNHPDKGGDPEKFKELAQAYE  
 VLSDSQKREIYDQYGEDALKEGMGGGGGMHDPFDIFESFFGGNPFGGGGSSRRRQRRG  
 EDVVHPLKVSLEDLYSGITKKLSLSRNVICSKCSGKSGSKSGASMKCSGCKSGMKVSIR  
 QLGPSMIQQMQHACNECKGTGETIDDKDRCPCKGEKVVQEKKVLEVHVEKGMQNGQKI  
 TFPGKADETPDAITGDIVFLQQKDRGSKRKGDLLFVDHTLSLLEALCGFQFIMTHLD  
 GRQLLIKSNLGEVVKPDQFKAINDEGTPMYQRPFMRGKLYIRFVVEFPDLSLNTQVKAL  
 EAILPPRPQSQYTDMELECEETSLHDVNIIEEMRRKQAAQQAAYDEDEMHGGGGQRV  
 QCAQQ

seq id no 37: ADN de DnaJ2 de *Salix gilgiana* (AB003137)

ATGTTTGGGCGTGCTCCGAGGAGGAGTGACAACACCAAGTATTATGAGGTTTTGGCTGT  
 GTCAAAAGGTGCAAGTCAAGATGAACTGAAGAAGGCTTATAAGAAAGCTGCCATAAAGA  
 ATCATCCTGATAAAGGTGGAGATCCTGAAAAGTTCAAGGAGTTGTCTCAAGCTTATGAA  
 GTCCTTAGTGATCCAGATAAAAGAGAAATTTATGATCAATATGGGGAAGATGCACTTAA  
 GGAGGGGATGGGACCTGGTGGTGGTGGGGGTGGTCACAATCCATTTGATATATTCGAAT  
 CATTTTTTGGTGGAGGTGGTTTTTGGTGGTGGTAGCAGCTCAAGAGGAAGAAGGCAGAAG  
 CAAGGTGAAGATGTAGCGCACCTCTGAAGGTTTCCTTAGAGGATTTGTACAATGGAAC  
 TTCAAAGAACTCTCTCTTTCCAGAAACATTTTGTGTGCCAAATGTAAAGGGAAAGGTT  
 CAAAGAGTGGAGCCTTTGGGAAATGTCGTGGCTGCCAAGGTACTGGAATGAAAGTTTCA  
 ATCCGACAAATTGGATTGGGCATGATGCAACAAATGCAACATGTGTGTCCTGAATGCAG  
 GGGCTCAGGTGAGCTAATTAGTGAGAAGGATAAATGCCCTCATTGCAGAGGGAACAAGG  
 TAACGCAGGAAAAGAGGGTGCTGGAAGTGCATGTTGAAAGGGGAATGCAGCATGGCCAG

FIGURA 5 (continuación)

AAGATAGTTTTTCGAAGGTCAAGCTGATGAAGCTCCTGACACAATTACAGGGGATGTTGT  
TTTTGTATTGCAACTGAAAAAGCACTCCAAGTTTGAACGGAAATGGATGATCTCTTTG  
TGGAACACTCTCTCAGTTTAAACAGAGGCTCTTTGCGGGTATCAGTTTGCCCTTACCCAT  
CTTGATGGTCGGCAGCTTCTTATCAAATCAAATCCTTACGAGATTGTAAAACCTGGTCA  
ATACAAAGCAATTAACGATGAAGGAATGCCACATCATCACAGGCCCTTCATGAGGGGCA  
AGCTCTATATCCATTTTAATGTGGTGTTCCTGACTCGGGCACTCTATCCCCTGAGCAG  
TGCCGTACTTTAGAGACTATACTACCCCCAAGGCAAAGCAAAAACCTTGTGAGAGATGGA  
GATTGATAACTGCGAAGAGACAATTATGCATGATGTCAATATGGAGGAGGAGAAAAGGC  
GGAAACAGCAGCAGCGCCACCAGCATGAAGCATATGATGAGGATGAGGAGGAGGAATCA  
TCCATGCCCCGGGTGCAGTGTGCCCAGCAGTAA

seq id no 38: Proteína DnaJ2 de *Salix gilgiana* (BAA76883)

MFGRAPRRSDNTKYYEVLAVSKGASQDELKKAYKKAIAKNHPDKGGDPEKFKELSQAYE  
VLSDPDKREIYDQYGEDALKEGMGPGGGGGGHNPFDIFESFFGGGGFGGGSSSRGRRQK  
QGEDVAHPLKVSLEDLYNGTSKKLSLSRNILCAKCKGKGSKSGAFGKCRGCQGTGMKVS  
IRQIGLGMQMOMHVCPECRGSGELISEKDKCPHCRGNKVTQEKRVLEVHVERGMQHGQ  
KIVFEGQADEAPDTITGDVVFVLQLKKHSKFERKMDDLFEHSLSLTEALCGYQFALTH  
LDGRQLLIKSNPYEIVKPGQYKAINDEGMPHHHRPFMRGKLYIHFNVVFPDSGTLSPSEQ  
CRTLETILPPRQSKNLSEMEIDNCEETIMHDVNMEEEKRRKQQQRHQHEAYDEDEEEES  
SMPRVQCAQQ

seq id no 39: ADN de DnaJ de *Salix gilgiana* (AB15601)

**ATG**TTTGGGAGAGCACCAAAGAAAAGCGACAACACCAAGTACTATGAGGTTCTTGGAGT  
CTCAAAGAGTGCTTACAGGATGATCTAAAGAAGGCTTATAGGAAAGCAGCTATCAAGA  
ACCATCCTGATAAGGGCGGTGATCCTGAAAAGTTCAAGGAGTTGGCGCAAGCATATGAG  
GTTCTGAGTGACCCTGAGAAGCGTGAGATATATGATCAGTATGGAGAGGATGCCCTCAA  
GGAAGGAATGGGTAGCGGCGGCAGCGGCGCTCACGATCCATTGATATCTTCCAATCCT  
TCTTTGGTGGTGGCAATCCATTGCGGTGGTGGAGGTAGCAGCAGGGGCGGAAGGCAAAGA  
AGGGGCGAGGATGTGATCCACCCTCTGAAAGTTTCTTTTGAAGACCTTTATAATGGCAC  
ATCCAAGAAGCTTTCTCTTTTACGAAATGTAATCTGCTCCAAGTGCAAGGGCAAAGGT  
CCAAATCCGGAGCATCATCAAAATGTGCTGGTTGCCAAGGTTCTGGAATGAAGGTCTCC  
ATAAGACACCTCGGTCTTCTATGATCCAGCAAATGCAGCATGCCTGCAATGAATGCAA  
GGGCACTGGCGAGACAATTAACGATAAGGACCGATGCCCTCAATGCAAGGGTGAGAAGG  
TTGTCCAGGAGAAGAAAGTGTGGAAGTAGTTGTTGAGAAGGGCATGCAAAATGGGCAG  
AAGGTAACATTTCTGAGAGAAGCTGATGAGGCGCCTGACACTGTTACAGGGGACATAGT  
CTTCGTCTGACAGCAAAAGGATCACCCCTAAGTTTAAAGAGAAAGGGTGATGACCTATTTG  
TTGAGCACACACTATCTCTTACTGAGGCACTATGTGGCTTCCAATTGCTCTTGACCCAT  
TTGGATGGAAGGCAGCTCCTGATAAAATCTCAACCCGGGGAAGTAGTCAAGCCTGATCA  
ATTCAAGGCTATAAATGATGAAGGAATGCCGATGTACCAAAGGCCATTTATGAGAGGGA  
AACTCTACATTTCATTTCAGTGTGGAATCCAGACTCCCTGTCCCCTGATATGTGCAAG  
GCGTTGGAGGCCGTGCTTCTCCGCGAGCCTCTGTTGAGCTGACTGACATGGAGCTTGA  
TGAATGCGAGGAACTACTTTACATGATGTGAACATCGATGAGGAGATGAGGAGGAAAC  
AGCAACAGCAGGCCCAAGAAGCGTATGATGAAGATGATGAGATGCCTGGTGGTGCCAG  
AGGGTGCAGTGTGCTCAGCA**TAA**

FIGURA 5 (continuación)

seq id no 40: Proteína DnaJ2 de *Salix gilgiana* (BAA35121)

MFGRAPKSDNTKYEVLGVSKSASQDDLKAYRKAAIKNHPDKGGDPEKFKELAQAYE  
 VLSDPEKREIYDQYGEDALKEGMGSGSGAHPDIFQSFFGGGNPFGGGSSRGRRQR  
 RGEDVIHPLKVSFEDLYNGTSKKLSLSRNVICSKCKGKGSKSGASSKACGCQSGSMKVS  
 IRHLGPSMIQQMQHACNECKGTGETINDKDRCPQCKGEKVVEKKVLEVVVEKGMQNGQ  
 KVTFPGEADEAPDVTGDIVFVLQKQDHPKFKRKGGDLFVEHTLSLALCGFQFVLTH  
 LDGRQLLIKSPGEVVKPDQFKAINDEGMMPYQRPFMRGKLYIHFVSEFPDLSLSPDMCK  
 ALEAVLPPRASVQLTDMELDECEETTLHDVNIIDEMRRKQQQAQEAAYDEDEMPGGAQ  
 RVQCAQQ

seq id 41: ADN de DnaJ de *Solanum tuberosum* (X94301)

**ATG**TTTGGGAGGGCACCAGAGAAGAGCGACAACACGAAGTACTATGAGATCTTAGGTGT  
 CCTAAGACTGCTGCACAGGAAGATCTCAAGAAAGCTTACCGTAAAGCTGCTATTAAGA  
 ATCATCCTGATAAGGGAGGTGATCCTGAAAAGTTTAAAGAGCTTGCACAAGCTTATGAG  
 GTTCTGAGTGATCCCGAGAAGCGTGAGATATATGATCAGTATGGAGAAGATGCTCTCAA  
 GGAAGGAATGGGTGGTGGAGGTGGTGGACACGACCCATTTGATATTTTCTCATCTTCT  
 TTGGTGGCAGCCCATTTGGTGGAGGTGGTGGAGCAGCAGAGGAAGAAGACAAAGAAGA  
 GGAGAGGATGTTGTCCATCCTCTCAAAGTTTCTCTGGAGGATCTGTACAATGGAACATC  
 AAAGAAGCTGTCACTATCTCGCAATGTATTGTGCTCGAAGTGCAAGGGGAAAGGATCTA  
 AATCAGGTGCTTCAATGAAGTGTCTGGCTGTCAAGGGTCTGGGATGAAAGTCACTATT  
 AGACAACCTTGCCCATCCATGATCCAGCAGATGCAGCACCCCTTGCAACGAGTGTAAGGG  
 TACTGGTGAGATGATCAATGATAAAGATAGGTGTGGGCAGTGTAAGGTGAGAAAGTTG  
 TGCAGGAGAAGAAGGTGTTGGAAGTTGTTGTGCGAGAAGGGTATGCAGAACGGACAGAAG  
 ATAACATTCCCGGGCGAAGCTGATGAAGCACCTGATACCGTCACTGGGGACATAGTTTT  
 TGTCTTGCAACAGAAGGAACATCCCAAGTTTAAGCGAAAGGGAGATGATCTCTTTGTAG  
 AGCACACCTTGAGCTTAACCGAGGCCCTGTGTGGTTTCCAGTTCATCTTGACTCACCTA  
 GATAATAGGCAGCTGATCATCAAGCCCCAAGCCGGAGAAGTTGTCAAGCCTGATCAATT  
 TAAAGCCATAAATGATGAAGGAATGCCTATGTACCAAAGGCCATTTATGAGAGGAAAAC  
 TATACATTCACTTTACTGTAGAATCCCCGACACATTATCCCCGAGCAATGCAAGAAC  
 CTTGAAGCAGTATTGCCACCAAAACCGAAAACACAAATGACTGATATGGAATTGGACGA  
 GTGCGAGGAGACCACCTTACATGATGTTAACATCGAAGAGGAGATGCGGAGGAAGCAGC  
 AACAGGCCCCAAGAGGCATATGACGAAGATGATGAAGACATGCATGGAGGTGCACAGAGA  
 GTTCAGTGTGCACAACAG**TAA**

seq id no 42: Proteína DnaJ de *Solanum tuberosum* (CAA63965)

MFGRAPKSDNTKYEILGVPKTAAQEDLKKAYRKAAIKNHPDKGGDPEKFKELAQAYE  
 VLSDPEKREIYDQYGEDALKEGMGGGGGGHDPDIFSSFFGGSPFGGGGGSSRGRRRR  
 GEDVVHPLKVSLEDLYNGTSKKLSLSRNVLCCKCKGKGSKSGASMKCSGCQSGSMKVTI  
 RQLGPSMIQQMQHPCNECKGTGEMINDKRCGQCKGEKVVEKKVLEVVVEKGMQNGQK  
 ITFPGEADEAPDVTGDIVFVLQKQKEHPKFKRKGGDLFVEHTLSLALCGFQFILTHL  
 DNRQLIKPQAGEVVKPDQFKAINDEGMMPYQRPFMRGKLYIHFVSEFPDLSLSPDMCK  
 LEAVLPPPKPTQMTDMELDECEETTLHDVNIIEEMRRKQQQAQEAAYDEDEDMHGGAQR  
 VQCAQQ

FIGURA 5 (continuación)



seq id no: 43 ADN de DnaJ de *Oryza sativa* (AK110691)

ATGGTCAAGGACACCAAATTTCTACGACACCCTCGGCTGCGCGCCCGACGCTACCGAGTCTCAGCTCAAGACCGCATACCGCAAGGGCGCCCTCAAGCACCACCCCGACAAGAACGCACACTCGCCCGAATCCGAGGAGAAAGTTCAAGGAGATCTCACACGCATACGAAGTCTCTCA GACCCCCAAAAGCGCCAAATCTACGACCAGTATGGTGAGGAGGGTCTCGAGCAGGGTGTG TGAATGGGCGGCGGCGGAGGCATGGCTGCCGAGGACTTGTTTCGCACAGTTCTTCGGCG GCGGCGGTGGAGGCGGAGGCTTCGGTGGCATGGGCGGCATGTTTCGGCGGTTCGCGAGCCC GGCCCCAAGAAGGCTCGCACCATCCACCACGTTTACAAGGTCTCTCTCGAGGACATCTA CCGCGGCAAGGTTTCCAAGCTTGCCCTGCAGAAGAGCGTCATCTGCTCCAAGTGTGATG GCGCGGTTGGTAAGGAGGGTGCTGTGAAGACTTGCCAGGGCTGCCAGGGCCAGGGTATG AAGACCATGATGTCGCGCAGATGGGTCCCATGATTCACGCGATTCCAGACCGTCTGCCCCGA CTGCAACGGTGAGGGGGAGCAGGTCCGCGAGAAGGACAAGTGCAAGCAGTGCTCCGGAA AGAAGACCATCATCGAGCGCAAGGTGCTCCACGTCCACGTGCACAAGGGTGTGCAAAGC GGCACCAAGATCGACTTCAGAGGCGAGGGTGACCAGATGCCTGGCGTTGAGCCCGGTGTA TGTGCAGTTCGAGATCGAGCAGAAGCCTCACCTTCGCTTCCAGCGCAAGGGTGACGACC TCTACTACCACGCCGAGATCGACCTTCTTACTGCGCTCGCCGGCGGTGCCATCTACGTT GAGCACCTTGACGAGCGCTGGTTGACCGTCGAGATCCTGCCCGGCGAGGTTATCGCACC AGGCGAGGTCAAGGTTCATCCGCGGCCAGGGTATGCCCTCATACCGCCACCACGACCAG GCAAACCTTTACATCCAGTTCGACGTCAAAGTTCCCCACATCCATCCAAGGCCCTGCCGAC AAGGACCGCCAGTCCACCTTCCATGTCCGCACAACAGATCAAGGCCCTCGAATCCGCTCT TCTTCTCGCAAGCCCCAATCGATCCCTCCTCCCGATGCTATGACCGAGGACTTCCAGC TCGAGCGCGTAGACCCCATGGAGGGCTCCCGCTCCAAGGGCGCCACAGCATGGACGAG GACGATGACGAGATGGGCGGCGGTGGCGAGCGCGTGCAAGTGCAGTGCGCGTTCGAGTAA

seq id no 44: Traducción de SEQ ID NO: 43 de proteína DnaJ de *Oryza sativa*

MVKDTKFYDTLGCAPDATESQLKTAYRKGALKHHPDKNAHSPSESEEFKEISHAYEVLSDPQKRQIYDQYGEEGLEQGGGMGGGGGMAAEDLFAQFFGGGGGGGGFGGMGMFGGREPGPKKARTIHHVHKVSLIEDIYRGKVS KLALQKSVICSKCDGRGGKEGAVKTCQGCQGGQMKTMMRQMGPMIQRFQTVPCDCNGEGEQVREKDKCKQCSGKKTIIERKVLHVHVDKGVQSGTKIDFRGEGDQMPGVEPGDVQFEIEQKPHPRFQRKGDDLYYHAEIDLTLALAGGAIYVEHLDERWLSTVEILPGEVIAPGEVKVIRGQGMPSYRHHDHGNLYIQFDVKFPTSIQGPADKDGQSTMSATQIKALESVLPPrKPSIPPPDAMTEDFQLERVDPMEGSRSKGAHSMDEDDDEMGGGGERVQCASQ

seq id no 45: ADN de DnaJ de *Triticum aestivum* (BT009366)

ATGGTAAAAGATACCAAACCTATATGATACTCTGGGTATTTCCCCGACCTGTACTGAAGC  
CGAGTTAAAAAAAGCATACAAAATCGGAGCACTTAAACACCATCCTGATAAAAACGCCT  
CAAATCCAGCCGCCGCAGAAAAATTTAAAGAAATATCGCACGCATATGAAGTACTATCT  
GACCCTCAAAAAAGACACATATACGACCAATATGGCGAAGAGGGCCTTGAGGGAGGTGG  
TGGTGCTGCGGGAGGGATGAACGCAGAAGATTTATTCTCTCAATTCTTCAGCGGTGGCT  
CTGCCTTCGGAGGTGGAGGATTGGGTGGCATGTTCTGGGGGAGGGCCACAGCAACGTGGC  
CCCCAAAAGCCCGCACCATTCATCAGTTTACAAGGTATCTCTAGAAGATATCTACCG  
CGGTAAATCTCAAAACTGGCATACAAAAAGTCAGTCATATGCCAAGTGTGAGGGAC  
GGGTGGCAAGATGGTGCAAGTAAAAAAATGTGCCGGCTGTGATGGACATGGAATGAAA  
ACAATGATGCGTCAAATGGGTCTATGATTTCAGCGGTTTCAAACCTCACTGCCCCGACTG

**FIGURA 5 (continuación)**

CAATGGTGAGGGAGAAGTCATCCGAGAGAAAAGATAAATGTAAGACGTGTAACGGTAAAA  
 AGACCAACGTGGAACGCAAAGTACTCCACGTTTCATGTGGACAGAGGTGTTTCGATCGGGG  
 CACCGGATTGAATTTAAAGGTGAAGGAGACCAAACCCCGGAGTTCAACCTGGAGATGT  
 TATCTTTGAAATTGAGCAGAAACCACATCCAAGATTCCAACGAAAAGACGATGACCTTA  
 TTTACCACGCAGAGATCGACCTTGTTACTGCCTTAGCGGGCGGGTCAATCTTCATTGAG  
 CACTTAGACGAAAGATGGCTGAGTGTGGAGATACTTCCTGGAGAGGTTATCTCACCTGG  
 ATCCGTTAAGATGATACGCGGTGAGGTATGCCATCCCATCGTCACCACGACTATGGAA  
 ATATGTTTGTACAGTTTGATGTCAAATTCCTCGAAAGTAACTTTGCTGCAAATTCGAG  
 GCATACGCAGCTCTGAAGAGTATTATTCGCCGACTGTGGTACCTATCACTCCACCCAC  
 TGATACCATGACTGAAACTGTATACTTCGAAGACATTGACCCTACTCAACAAGCTCGTG  
 CACAGGGTGCGACAGCAATGGATGAAGACGATGAAGATGGCCATCCAGCCGGCGCCGAA  
 CGGGTTCAATGTGCGTCACAGTAA

seq id no 46: Traducción de SEQ ID NO: 45 de proteína DnaJ de *Triticum aestivum*

MVKDTKLYDTLGISPTCTEAELEKKAYKIGALKHHPDKNASNPAAAEKFKEISHAYEVL  
 DPQKRHIYDQYGEGLGEGGGAAGGMNAEDLFSQFFSGGSFAGGGGLGGMFGGGPQQRG  
 PPKARTIHHVHKVSLIEDIYRGKISKALQKSVICHKCEGRGKDGAVKKCAGCDGHGMK  
 TMMRQMGPMIQRFQTHPCDNGEGEVIREKDKCKTCNGKKTNVERKVLHVHVDGRVRS  
 HRIEFKGEQDTPGVQPGDVIFEIEQKPHPRFQRKDDDLIYHAEIDLVTALAGGSIFIE  
 HLDERWLSVEILPGEVISPGSVKMIRGQGMPSHRHHDYGNMFVQFDVKFPESNFAANSE  
 AYAALKSIIPPTVVPITPPTDTMTETVYFEDIDPTQQAQAGATAMDEDDDEDGHPAGAE  
 RVQCASQ

seq id no 47: ADN de DnaJ de *Caenorhabditis elegans* (NM\_072051)

ATGTTTGGAGGTGGAAGTAGTGGTCCCGTGGACACCACTTTATACACAACACTCAATGT  
 GAGACCAGACGCTTCGCAGGCCGACATTAAGAAATCTTACTTCAAACCTTGCTAAAGAAT  
 ACCATCCAGATAAAAAACCCGACCATGGAGATAAATTCAAAGAGATCAGTTTTGCCTAT  
 GAAGTTCTTTTCGAGCCCTGAAAAACGACGCTTGATGACGCCAGAGGTTTGGAGGAGT  
 TCAAGGAGGAGGAGCTGGTGGTGGTGGAGGAGGCTTTCCTGGAGGTCTGTTCTCTCACT  
 TCTTCGGCGGTGCTGGCGGTGATGACGATGACGACGATGATGATATGGGTGGTCATCCA  
 TTTGGTGGCTTGTTTCGGTGGAAATGGGTGGAAATGGGACGAGGTGGCCACGTCGGCGGAA  
 ATTCCAAGATACTGTTTCATCCCTCAATGTTACACTCGAAGAGCTTTACGTCGGAAAAA  
 CATCAAAGCTGAAGCTTTCCAAAAAGGCACTCTGTAAACTTGCGAAGGGTTCAGGTGGA  
 AAGAAGGGAGAAAAATATAAGTGTGATGCATGCCGTGGTTCGTGGAGTGAAGACGATCGT  
 TCAGCAAATTTGGCCCCGGAATGCTCCAACAAATGCAGGTTCACTGTGATGCTTGTAAGG  
 GTTCTGGAGGCAAAGTTCCAGCAGGTGATAAGTGCAAAGGATGCCATGGAGAAAAGTAC  
 GAAAACGTTTTCGAAAATATTGGAGGTTACGTTCTTCCTGGCATGAAACATAACGATAA  
 AATTACATTCAAAGGAGATGGAGACCAATCTGACCCAGATGGTGAGCCAGGAGATGTTG  
 TCATTGTTATTCAACAGAAAGATCATGATATTTTCAAGAGAGATGGAGATGATCTTCAC  
 ATGACCAAGAACTATCACTGAATGAGGCACTTTGCGGCTATAATTTCTTATCAAACA  
 TCTTGATGGCCATCCTTTGGTTCTTTCTAGTAAACAAGGAGATGTTATCAAGCCAGGAG  
 TCATCAGAGGAGTTCTTGAAAAGGAATGCCAAATAAGAAATACCCAGAACTCAAAGGA  
 AACTTGTTTCGTTGAATTTGAAGTCGAATTTCCAAAGGAGCATTTCCTCGATGATGAAAA  
 AGCTTATGCCGTTCTGAAAAGCTGCTTCCTACCTCAAAGTTGTCAATGTCACCCAG  
 CTGCCGAGAAGTTTCTTATGGAATATGACGAGAAGAAGTACAGCCGAGGACGTGGC  
 GGAGACGCTTACAATGAAGATTTCGGACGAAGAACAACACGGAGGACATCACGGACAAGG  
 CGTCAGATGCCAACACCAATAG

FIGURA 5 (continuación)

seq id no 48: Proteína DnaJ de *Caenorhabditis elegans* (NF\_504452)

MFGGSSSGPVDTTLYTTLNVRPDASQADIKKSYFKLAKEYHPDKNPDHGDKEISFAY  
EVLSSPEKRRLYDARGLEGVQGGGAGGGGGGFGGLFSHFFGGAGGDDDDDDDDMGGHP  
FGGLFGGMGMGRGGPRRRKFQDTVHPLNVTLEELYVGKTSKLKLSKKALCKTCEGSGG  
KKGEKYKCDACRGRGVKTI VQQIGPGMLQQMQVHCDACKSGGKVPAGDKCKGCHGEKY  
ENVSKILEVHVLPGMKHNDKITFKGDGDQSDPDGEPGDVVIVIQQKDHDIFKRDGDDLH  
MTKKLSLNEALCGYNFLIKHLDGHPLVLSSKQGDVIKPGVIRGVLGKGMFNKKYPELKG  
NLFVEFEVEFPKEHFLDDEKAYAVLKSCFPTSKVNVNTPAAAEVSLMEYDEKKYSRGRG  
GDAYNEDSDEEQHGGHHGQGVRCQHQ

seq id no 49: ADN de HsJ2 de *Homo sapiens* (D13388)

**ATGGTGAAAGAAACA**ACTTACTACGATGTTTTGGGGGTCAAACCCAATGCTACTCAGGA  
AGAATTGAAAAAGGCTTATAGGAAACTGGCCTTGAAGTACCATCCTGATAAGAACCCAA  
ATGAAGGAGAGAAGTTTAAACAGATTTCTCAAGCTTACGAAGTTCTCTCTGATGCAAG  
AAAAGGGAATTATATGACAAAGGAGGAGAACAGGCAATTAAAGAGGGGTGGAGCAGGTGG  
CGTTTTTGGCTCCCCCATGGACATCTTTGATATGTTTTTGGAGGAGGAGGAAGGATGC  
AGAGAGAAAGGAGAGGTAATAATGTTGTACATCAGCTCTCAGTAACCTAGAAAGACTTA  
TATAATGGTGCAACAAGAAAACCTGGCTCTGCAAAAGAATGTGATTTGTGACAAATGTGA  
AGGTAGAGGAGGTAAGAAAAGGAGCAGTAGAGTGCTGTCCCAATTGCCGAGGTACTGGAA  
TGCAATAAGAATTCATCAGATAGGACCTGGAATGGTTCAGCAAATTCAGTCTGTGTGC  
ATGGAGTGCCAGGGCCATGGGGAGCGGATCAGTCTTAAAGATAGATGTAAAAGCTGCAA  
CGGAAGGAAGATAGTTTCGAGAGAAAAAATTTTAGAAGTTCATATTGACAAAGGCATGA  
AAGATGGCCAGAAGATAACATTCCATGGTGAAGGAGACCAAGAACCAGGACTGGAGCCA  
GGCGATATTATCATTGTGTGTAGATCAGAAGGACCATGCTGTTTTTACTCGACGAGGAGA  
AGACCTTTTCATGTGTATGGACATACAGCTCGTTGAAGCACTGTGTGGCTTCCACAAGC  
CAATATCTACTCTTGACAACCGAACCATCGTCATCACCTCTCATCCAGGTGAGATTGTC  
AAGCATGGAGATATCAAGTGTGTACTAAATGAAGGCATGCCAATTTATCGTAGACCATA  
TGAAAAGGGTCGCCTAATCATCGAATTTAAGGTAAACTTTCCTGAGAATGGCTTTCTCT  
CTCCTGATAAACTGTCTTTGCTGGAAAACTCCTACCCGAGAGGAAGGAAGTGGAAGAG  
ACTGATGAGATGGACCAAGTAGAACTGGTGGACTTTGATCCAAATCAGGAAAGACGGCG  
CCACTACAATGGAGAAGCATATGAGGATGATGAACATCATCCAGAGGTGGTGTTCAGT  
GTCAGACCTCT**TAA**

seq id no 50: Proteína HsJ2 de *Homo sapiens* (P31689)

MVKETTYDVLGVKPNATQEELKKAYRKLALKYHPDKNPNEGEKFKQISQAYEVLSDAK  
KRELYDKGGEQAIKEGGAGGGFGSPMDIFDMFFGGGGRMQRERRGKNVVHQLSVTLEDL  
YNGATRKLALQKNVICDKCEGRGGKKGAVECCPNCRGTGMQIRIHQIGPGMVQIQSVC  
MECQGHGERISPKDRCKSCNGRKIVREKKILEVHIDKGMKDGQKITFHGEQDQEPGLEP  
GDIIIVLDQKDHAVFTRRGEDLFMCMDIQLVEALCGFQKPISTLDNRITIVITSHPGQIV  
KHGDIKCVLNEGMPIYRRPYEKGRLLIEFKVNFPENGFLSPDKLSLLEKLLPERKEVEE  
TDEMDQVELVDFDPNQERRRRHYNGEAYEDEHHPRGGVQCQTS

FIGURA 5 (continuación)



seq id no 51: ADN de YDJ1 de *Sacharomyces cereviseae* (NC\_001146)

**ATGGTTAAAGAACTAAGTTTTACGATATTCTAGGTGTTCCAGTAAGTGGCACTGATGT**  
**CGAAATTAAGAAAGCTTATAGAAAATGCGCCTTAAAAATACCATCCAGATAAGAATCCAA**  
**GTGAGGAAGCTGCAGAAAAGTTCAAAGAAGCTTCAGCAGCCTATGAAATTTTATCAGAT**  
**CCTGAAAAGAGAGATATATATGACCAATTTGGTGAAGATGGTCTAAGTGGTGGTGG**  
**CGCTGGCGGATTCCCAGGTGGTGGATTTCGGTTTTTGGTGACGATATCTTTTCCCAATTCT**  
**TTGGTGGTGGTGGCGCACAAAGACCAAGAGGTCCCCAAAGAGGTAAAGATATCAAGCAT**  
**GAAATTTCTGCCTCAGTTGAAGAATTATATAAGGGTAGGACAGCTAAGTTAGCCCTTAA**  
**CAAACAGATCCTATGTAAAGAATGTGAAGGTCTGGTGGTAAGAAAGGCGCCGTCAAGA**  
**AGTGTACCAGCTGTAATGGTCAAGGTATTAATTTGTAACAAGACAAATGGGTCCAATG**  
**ATCCAAAGATTCCAAACAGAGTGTGATGTCTGTACGGTACTGGTGATATCATTGATCC**  
**TAAGGATCGTTGTAATCTTGTAAACGGTAAGAAAGTTGAAAACGAAAGGAAGATCCTAG**  
**AAGTCCATGTGCAACCAGGTATGAAAGATGGTCAAAGAATCGTTTTCAAAGGTGAAGCT**  
**GACCAAGCCCCAGATGTCATTCCAGGTGATGTTGTCTTCATAGTTTCTGAGAGACCACA**  
**CAAGAGCTTCAAGAGAGATGGTGAATTTGATTAGTATATGAGGCTGAAATTGATCTATTGA**  
**CTGCTATCGTGGTGGTGAATTTGCATTGGAACATGTTTCTGGTGATTGGTTAAAGGTC**  
**GGTATTGTTCCAGGTGAAGTTATTGCCCCAGGTATGCGTAAGGTCATCGAAGGTAAAGG**  
**TATGCCAATTCCAAAATACGGTGGCTATGGTAATTTAATCATCAAATTTACTATCAAGT**  
**TCCCAGAAAACCATTTTACATCAGAAGAAAACCTTGAAGAAGTTAGAAGAAATTTGCCT**  
**CCAAGAATTGTCCAGCCATTCCAAAGAAAGCTACTGTGGACGAATGTGTACTCGCAGA**  
**CTTTGACCCAGCCAAATACAACAGAACACGGGCCTCCAGGGGTGGTGCAAACTATGATT**  
**CCGATGAAGAAGAACAAGGTGGCGAAGGTGTTCAATGTGCATCTCAATGA**

seq id no 52: ADN de YDJ1 de *Saccharomyces cereviseae* (NP\_014335)

**MVKETKFYDILGVPVTATDVEIKKAYRKALKYHPDKNPSEEAKEFKEASAAYEILSD**  
**PEKRDIYDQFGEDGLSGAGGAGFPGGGFGFGDDIFSQFFGAGGAQRPRGPQRGKDIKH**  
**EISASLEELYKGRITAKLALNKQILCKECEGRGGKKGAVKKCTSCNGQGIKFVTRQMGPM**  
**IQRFTQTECDVCHGTGDIIDPKDRCKSCNGKKVENERKILEVHVEPGMKDQGRIVFKGEA**  
**DQAPDVIPGDVVFIVSERPHKSFKRDGDDLVEAEIDLLTAIAGGEFALEHVSVDWLKV**  
**GIVPGEVIAPGMRKVIIEGKGMPIPKYGGYGNLIKFTIKFPENHFTSEENLKKLEEILP**  
**PRIVPAIPKKATVDECVLADFDPAKYNRTRASRGGANYSDEEEQGGEGVQCASQ**

seq id no 53: ADN de DNAJA2 de *Homo sapiens* (NM\_005880)

**ATGGCTAACGTGGCTGACACGAAGCTGTACGACATCCTGGGCGTCCCGCCCGCGCCAG**  
**CGAGAACGAGCTGAAGAAGGCATACAGAAAGTTAGCCAAGGAATATCATCTGATAAGA**  
**ATCCAAATGCAGGAGACAAATTTAAAGAAATAAGTTTTGCATATGAAGTACTATCAAA**  
**CCTGAGAAGCGTGAGTTATATGACAGATACGGAGAGCAAGGTCTTCGGGAAGGCAGCGG**  
**CGGAGGTGGTGGCATGGATGATATTTCTCTCACATTTTTGGTGGGGGATTGTTCCGGCT**  
**TCATGGGCAATCAGAGTAGAAGTCGAAATGGCAGAAGAAGAGGAGAGGACATGATGCAT**  
**CCACTCAAAGTATCTTTAGAAGATCTGTATAATGGCAAGACAACCAAACCTACAACCTAG**  
**CAAGAATGTGCTCTGTAGTGCATGCAGTGGCCAAGGCGGAAAGTCTGGAGCTGTCCAAA**  
**AGTGTAGTGCTTGTGCGAGGTGCGAGGTGTGCGCATCATGATCAGACAGCTGGCTCCAGGG**  
**ATGGTACAACAGATGCAGTCTGTGTGCTCTGATTGTAATGGAGAAGGAGAGGTAATTAA**  
**TGAAAAAGACCGCTGTAAAAAATGTGAAGGGAAGAAGGTGATTAAAGAAGTCAAGATTC**  
**TTGAAGTCCACGTAGACAAAGGCATGAAACATGGACAGAGAATTACATTCACTGGGGAA**  
**GCAGACCAGGCCCCAGGAGTGGAACCCGGAGACATTGTTCTTTTGCTACAGGAGAAAGA**  
**ACATGAGGTATTTAGAGAGATGGGAATGATTTGCACATGACATATAAAATAGGACTTG**

FIGURA 5 (continuación)

TTGAAGCTCTATGTGGATTTTCAGTTCACATTTAAGCACCTTGATGGACGTCAGATTGTG  
GTGAAATACCCCCCTGGCAAAGTAATTGAACCAGGGTGTGTTTCGTGTAGTTCGAGGTGA  
AGGGATGCCGCAGTATCGTAATCCCTTTGAAAAAGGTGATCTTTACATAAAGTTTGATG  
TGCAGTTTCTGAAAACAACTGGATCAACCCAGACAAGCTTTCTGAACTAGAAGATCTT  
CTGCCATCTAGACCGGAAGTTCCTAACATAATTGGAGAAACAGAGGAGGTAGAGCTTCA  
GGAATTTGATAGCACTCGAGGCTCAGGAGTGGTCAGAGGCGTGAAGCCTATAATGATA  
GCTCTGATGAAGAAAGCAGCAGCCATCATGGACCTGGAGTGCAGTGTGCCCATCAGTAA

seq id no 54: Proteína DNAJA2 de *Homo sapiens* (NP\_005871)

MANVADTKLYDILGVPPGASENELKKAYRKLAKKEYHPDKNPNAGDKFKEISFAYEVLN  
PEKRELYDRYGEQGLREGSGGGGGMDDIFSHIFGGGLFGFMGNQSRSRNGRRRGEDMMH  
PLKVSLEDLYNGKTTKLQLSKNVLCSSGQGGKSGAVQKCSACRGRGVRIMIRQLAPG  
MVQQMQSVSCDNGEGEVINEKDRCKKCEGKKVKEVKILEVHVDKGMKHGQRI TFTGE  
ADQAPGVEPGDIVLLQLQEKEHEVFQRDGNDLHMTYKIGLVEALCGFQFTFKHLDGRQIV  
VKYPPGVKIEPGCVRVVRGEGMPQYRNPFEKGDLYIKFDVQFPENNWINPDKLSELEDL  
LPSRPEVPNIIGETEEVELQEFDSTRSGGGGQRREAYNDSSDEESSSHHGPGVQCAHQ

seq id no 55: ADN de mDj3 de *Mus musculus* (NM\_019794.1)

ATGGCGAACGTGGCCGACACGAAGCTGTACGACATCCTGGGCGTCCCTCCCGGCGCTAG  
CGAGAACGAGCTGAAGAAGGCATACCGAAAGTTAGCCAAAGAATACCACCCTGATAAGA  
ATCCAAATGCTGGAGACAAATTTAAAGAAATAAGTTTTGCATATGAAGTATTGTCAAAT  
CCAGAGAAGCGAGAGCTGTATGACAGATATGGAGAACAAGGCCTACGGGAAGGCAGCGG  
CGGAGGCGGTGGCATGGATGATATCTTCTCACATATTTTTGGTGGAGGATTGTTTGGCT  
TTATGGGCAATCAGAGTAGAAGTCGAAATGGCAGAAGAAGAGGCGAGGACATGATGCAT  
CCACTAAAAGTATCTTTAGAAGACCTGTACAATGGCAAGACAACCAAACCTACAACCTAG  
CAAGAATGTGCTCTGTAGTGCATGCAGTGGCCAAGGTGGGAAGTCTGGAGCTGTTTCAGA  
AATGCAGCGCTTGTCGGGGTCGAGGTGTGCGCATTATGATCAGACAGCTGGCTCCAGGA  
ATGGTGCAGCAGATGCAGTCCGTGTGCTCCGACTGTAATGGAGAAGGGGAGGTCATCAA  
TGAAAAAGACCGCTGTAAAAAATGTGAAGGGAAGAAGGTAATCAAAGAAGTCAAGATTC  
TGGAAGTCCATGTAGACAAAGGCATGAAACATGGACAGAGGATTACGTTCACTGGGGAA  
GCAGACCAGGCTCCAGGAGTGAACCTGGAGATATTGTTCTTTTGCTACAGGAAAAAGA  
ACATGAGGTGTTCCAGAGAGATGGGAATGATTTGCATATGACATATAAGATAGGACTCG  
TTGAAGCTTTATGTGGATTTTCAGTTCACATTTAAACATCTTGATGCTCGTCAGATTGTG  
GTGAAATACCCCCCTGGCAAAGTAATTGAACCAGGATGTGTTTCGTGTTGTTTCGAGGTGA  
AGGAATGCCACAGTATCGTAATCCCTTTGAAAAGGGTGATCTCTACATAAAGTTTGATG  
TACAGTTTCTTGAGAATAACTGGATCAACCCAGACAAACTTTCTGAATTAGAAGATCTC  
CTGCCATCTAGACCAGAAGTTCCTAATGTTATTGGAGAGACAGAAGAAGTGGAGCTTCA  
GGAATTTGATAGCACTCGAGGCTCTGGCGGTGGTCAGAGACGTGAAGCCTATAATGATA  
GCTCTGATGAAGAAAGTAGCAGCCATCATGGACCTGGAGTGCAGTGTGCCCATCAGTAA

seq id no 56: Proteína mDj3 de *Mus musculus* (Q9QYJ0)

MANVADTKLYDILGVPPGASENELKKAYRKLAKKEYHPDKNPNAGDKFKEISFAYEVLN  
PEKRELYDRYGEQGLREGSGGGGGMDDIFSHIFGGGLFGFMGNQSRSRNGRRRGEDMMH  
PLKVSLEDLYNGKTTKLQLSKNVLCSSGQGGKSGAVQKCSACRGRGVRIMIRQLAPG

FIGURA 5 (continuación)

MVQQMQSVCSDCNGEGEVINEKDRCKKCEGKKVKEVKILEVHVVDKGMKHGQRITFTGE  
ADQAPGVEPGDIVLLLQEKEHEVFQRDGNLHMTYKIGLVEALCGFQFTFKHLDARQIV  
VKYPPGKVIEPGCVRVVRGEGMPQYRNPFEKGDLYIKFDVQFPENNWINPDKLSELEDL  
LPSRPEVPNVIGETEEVELQEFDSTRGSGGGQRREAYNDSSDEESSSHHGPGVQCAHQ

**seq id no 57: promotor de prolamina PRO RP de *Oryza sativa***

CTTCTACATCGGCTTAGGTGTAGCAACACGACTTTATTATTATTATTATTATTATT  
ATTATTTTACAAAAATATAAAATAGATCAGTCCCTCACCACAAGTAGAGCAAGTTGGTG  
AGTTATTGTAAAGTTCTACAAAGCTAATTTAAAAGTTATTGCATTAACTTATTTTCATAT  
TACAAACAAGAGTGTCAATGGAACAATGAAAACCATATGACATACTATAATTTTGTTTT  
TATTATTGAAATTATATAATTCAAAGAGAATAAATCCACATAGCCGTAAAGTTCTACAT  
GTGGTGCATTACCAAAATATATATAGCTTACAAAACATGACAAGCTTAGTTTGAAAAAT  
TGCAATCCTTATCACATTGACACATAAAGTGAGTGATGAGTCATAATATTATTTTCTTT  
GCTACCCATCATGTATATATGATAGCCACAAAGTTACTTTGATGATGATATCAAAGAAC  
ATTTTGTAGGTGCACCTAACAGAATATCCAAATAATATGACTCACTTAGATCATAATAGA  
GCATCAAGTAAACTAACACTCTAAAGCAACCGATGGGAAAGCATCTATAAATAGACAA  
GCACAATGAAATCCTCATCATCTTACCACAATTCAAATATTATAGTTGAAGCATAG  
TAGTA

**seq id no 58: Cebador prm04266**

GGGGACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTTCACAATGTACGGACGCATGCC

**seq id no 59: Cebador prm04267**

GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGTGCATCGAATTGTTCTTACTGC

**FIGURA 5 (continuación)**