

DIRECCIÓN DE NUEVAS CREACIONES

SOLICITUD FASE NACIONAL - PCT

1 Titulo de la Invención(200 caracteres o espacios máximos)

Uso de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales para controlar plantas no deseadas en áreas de plantas de cultivo transgénico que son tolerantes a herbicidas inhibidores de HPPD

2 Datos del Solicitante

Nombre:	BAYER CROPSCIENCE AKTIENGESELLSCHAFT	Dirección Electrónica:	notificaciones@clarkemodet.com.co
Dirección:	Alfred-Nobel-Str. 50, 40789,	Domicilio/País de constitución:	ALEMANIA - NORDRHEIN- WESTFALEN - MONHEIM AM RHEIN
Identificación: ☐ CEDULA DE CIUDADANIA ☐ CEDULA DE EXTRANJERIA ☒ EMPRESA EXTRANJERA ☐ NIT ☐ PASAPORTE			
Número: 1037073-			

3 Solicitantes

	Apellidos - Nombres o Razón Social	Tipo	Identificación
1.	BAYER CROPSCIENCE AKTIENGESELLSCHAFT	EE	1037073

4 Datos del Inventor

Nombre:	Fabien POREE	Dirección Electrónica:	notificaciones@clarkemodet.com.co																												
Dirección:	Dunantring 89, 65936	Domicilio/País de constitución:	ALEMANIA - HESSEN - FRANKFURT																												
Identificación: ☐ CEDULA DE CIUDADANIA ☐ CEDULA DE EXTRANJERIA ☐ EMPRESA EXTRANJERA ☐ NIT ☐ PASAPORTE ☒ No Aplica Número: -																															
5	Inventor(es)																														
<table><thead><tr><th colspan="2">Apellidos - Nombres</th><th colspan="2">Domicilio</th></tr></thead><tbody><tr><td>1.</td><td>POREE Fabien</td><td colspan="2">ALEMANIA</td></tr><tr><td>2.</td><td>WALDRAFF Christian</td><td colspan="2">ALEMANIA</td></tr><tr><td>3.</td><td>LABER Bernd</td><td colspan="2">ALEMANIA</td></tr><tr><td>4.</td><td>KOHN Arnim</td><td colspan="2">ALEMANIA</td></tr><tr><td>5.</td><td>GATZWEILER Elmar</td><td colspan="2">ALEMANIA</td></tr><tr><td>6.</td><td>TRABOLD Klaus</td><td colspan="2">ALEMANIA</td></tr></tbody></table>				Apellidos - Nombres		Domicilio		1.	POREE Fabien	ALEMANIA		2.	WALDRAFF Christian	ALEMANIA		3.	LABER Bernd	ALEMANIA		4.	KOHN Arnim	ALEMANIA		5.	GATZWEILER Elmar	ALEMANIA		6.	TRABOLD Klaus	ALEMANIA	
Apellidos - Nombres		Domicilio																													
1.	POREE Fabien	ALEMANIA																													
2.	WALDRAFF Christian	ALEMANIA																													
3.	LABER Bernd	ALEMANIA																													
4.	KOHN Arnim	ALEMANIA																													
5.	GATZWEILER Elmar	ALEMANIA																													
6.	TRABOLD Klaus	ALEMANIA																													
6	Datos Inventor(es)																														
<table><thead><tr><th></th><th>País de Residencia</th><th>Departamento/Estado</th><th>Ciudad</th><th>Dirección</th></tr></thead><tbody><tr><td>1.</td><td>ALEMANIA</td><td>HESSEN</td><td>FRANKFURT</td><td>Dunantring 89, 65936</td></tr><tr><td>2.</td><td>ALEMANIA</td><td>HESSEN</td><td>BAD VILBEL</td><td>Franz-Lehar-Weg 7, 61118</td></tr><tr><td>3.</td><td>ALEMANIA</td><td>HESSEN</td><td>IDSTEIN</td><td>Graf-von-Stauffenberg-Str. 12, 65510</td></tr></tbody></table>					País de Residencia	Departamento/Estado	Ciudad	Dirección	1.	ALEMANIA	HESSEN	FRANKFURT	Dunantring 89, 65936	2.	ALEMANIA	HESSEN	BAD VILBEL	Franz-Lehar-Weg 7, 61118	3.	ALEMANIA	HESSEN	IDSTEIN	Graf-von-Stauffenberg-Str. 12, 65510								
	País de Residencia	Departamento/Estado	Ciudad	Dirección																											
1.	ALEMANIA	HESSEN	FRANKFURT	Dunantring 89, 65936																											
2.	ALEMANIA	HESSEN	BAD VILBEL	Franz-Lehar-Weg 7, 61118																											
3.	ALEMANIA	HESSEN	IDSTEIN	Graf-von-Stauffenberg-Str. 12, 65510																											

4.	ALEMANIA	RHEINLAND-PFALZ	KLEIN-WINTERNHEIM	Ringstr. 12, 55270
5.	ALEMANIA	HESSEN	BAD NAUHEIM	Am Nauheimer Bach 22, 61231
6.	ALEMANIA	BADEN-WUERTTEMBERG	HEIDELBERG	Maabstr.23, 69123

7	Datos del Representante Legal / Apoderado			
Nombre:		CAROLINA MERCEDES DAZA MONTALVO	Dirección Electrónica:	notificaciones@clarkemodet.com.co
Dirección:		CARRERA 11 NO. 86-53, PISO 6	Domicilio/País de constitución:	COLOMBIA - CUNDINAMARCA - BOGOTA D.C.
Identificación: ☒ CEDULA DE CIUDADANIA ☐ CEDULA DE EXTRANJERIA ☐ EMPRESA EXTRANJERA ☐ NIT ☐ PASAPORTE Número: 66783790-				

Presentación de Poder			
Año de Radicación			
Número de Radicación			

8	Datos Solicitud: PCT / WO			
Número Solicitud:		PCT/EP2014/075454	Fecha Solicitud:	25/11/2014
Número Publicacion:		WO 2015/078828	Fecha Publicacion:	04/06/2015

9	Declaraciones de prioridad		☒ SI ☐ NO	
---	-----------------------------------	--	--	--

	(33) País de origen	Codigo del país	(31) No. Solicitud	(32) Fecha
1.	EUROP PATENT ORGANIZATION(EPO)	EP	13194780.6	28/11/2013

10	Reivindicaciones		
Número reivindicaciones:		11	Pago Reivindicaciones: Si
11	Reducción de tasas.		
<i>Declaro que carezco de medios económicos para presentar la solicitud de patente.</i> ☐ SI ☒ NO Nota: En caso de ser persona natural y carecer de medios económicos, y por lo tanto, aplique la reducción de tasas a que se refiere la resolución vigente en tarifas, debe firmar la presente solicitud bajo la gravedad de juramento.			
☐ Micro, pequeñas y medianas empresas ☐ Universidades públicas o privadas ☐ Entidades sin ánimo de lucro Debe aportar los documentos que se indican en el numeral 17 de anexos			
12	Documentos Anexos		
☒ Reivindicaciones ☒ Descripción ☐ Dibujos y/o Figuras ☒ Resumen ☐ Certificado Depósito Material Biológico ☐ Uso de Conocimiento tradicional ☒ Listado de secuencias ☐ Artes finales 12 x 12 cm ☒ Poderes, si fuere el caso ☐ Copia de la primera solicitud si se reivindica prioridad ☐ Traducción simple de la primera solicitud, si se reivindica prioridad ☒ Otros Anexos			

DESCRIPCIÓN

Uso de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales para controlar plantas no deseadas en áreas de plantas de cultivo transgénico que son tolerantes a herbicidas inhibidores de HPPD

- 5 La invención se relaciona con el uso de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales, o control de plantas no deseadas en áreas de plantas de cultivo transgénico que son tolerantes a herbicidas inhibidores de HPPD.

- 10 El documento WO 2012/028579 (PCT/EP2011/064820) divulga varias nuevas N-(tetrazol-5-il)- o N-(triazol-3-il)arilcarboxamidas y su uso como herbicidas inhibidores de HPPD para control de maleza y el documento WO 2012/130685 (PCT/EP2012/054981) divulga genéricamente el uso de N-(tetrazol-5-il)- o N-(triazol-3-il)arilcarboxamidas en plantas transgénicas y también llamado N-(tetrazol-5-il)- o N-(triazol-3-il)arilcarboxamidas individuales para ser aplicados en ciertas plantas transgénicas.

- 15 Los herbicidas inhibidores de HPPD pueden ser usados contra pastos y/o malezas de hoja ancha en plantas de cultivo que muestran tolerancia metabólica, tal como maíz (*Zea mays*) en el cual son degradados rápidamente (Schulz et al., (1993). FEBS letters, 318, 162-166; Mitchell et al., (2001) Pest Management Science, Vol 57, 120-128; Garcia et al., (2000) Biochem., 39, 7501-7507; Pallett et al., (2001) Pest Management Science, Vol 57, 133-142). Con el fin de extender el alcance de estos herbicidas inhibidores de HDDP, se han desarrollado varios esfuerzos con el fin de conferir a plantas, particularmente plantas con o sin una tolerancia metabólica de bajo desempeño, un nivel de tolerancia aceptable bajo las condiciones del campo agronómico

- 20 Mientras se han diseñado plantas transgénicas haciendo desviación de la producción mediada por HPPD de homogentisato (US 6,812,010), se ha ejecutado sobreexpresión de la enzima sensible para producir cantidades que son suficientes de la enzima objetivo en la planta en relación al herbicida (WO96/38567).

- 25 Alternativamente, se han generado plantas transgénicas que expresan proteínas de HPPD que han sido mutadas en varias posiciones con el fin de obtener una enzima objetivo la cual, a la vez que conserva sus propiedades de catalizar la transformación de HPPD en homogentisato, es menos sensible a herbicidas inhibidores de HPPD de lo que es el HPPD nativo antes de la mutación (por ejemplo ver en los documentos EP496630, WO 99/24585).

Más recientemente, la introducción de un gen de HDDP de *Pseudomonas* en el genoma del plástido de tabaco y soja ha mostrado ser más efectiva que la transformación nuclear, confiriendo incluso tolerancia a una aplicación después de la emergencia de al menos un inhibidor de HPPD (Dufourmantel et al., 2007, Plant Biotechnol J.5(1):118-33).

- 35 En el documento WO 2009/144079, se divulga una secuencia de ácido nucleico que codifica una dioxigenasa hidroxifenilpiruvato mutada (HPPD) en la posición 336 de la proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* y su uso para obtener plantas que son tolerantes al herbicida inhibidor de HPPD.

- 40 Otros mutantes de la proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* que comprenden mutaciones en varios sitios y su habilidad para conferir resistencia a ciertos herbicidas inhibidores de HPPD son descritos en el campo del documento archivado (el 13 de Septiembre de 2013) bajo los números de documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y reivindicando prioridades del documento US61/701,037 (presentados el 14 de Septiembre de 2012), el documento US 61/766,057 (presentado el 18 de Febrero de 2013), y el documento US 61/790,404 (presentado el 15 de Marzo de 2013).

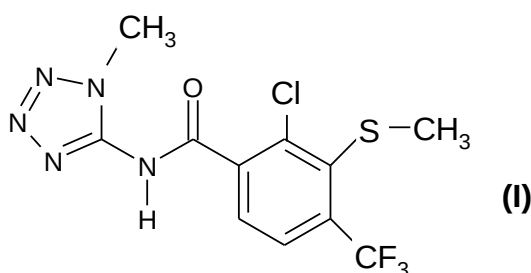
- Algunos de estos mutantes, es decir mutantes de la proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprenden un reemplazo E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435)), (ii) que comprenden un reemplazo E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435)), o (iii) que comprenden una reemplazo E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435)) son incorporados en la presente por referencia respecto a la producción de las respectivas plantas transgénicas que confieren tolerancia a los herbicidas inhibidores de HPPD bajo sus siglas PfHPPDEvo33, PfHPPDEvo40, y PfHPPDEvo41, respectivamente.
- En el anterior, el aminoácido llamado en primer lugar caracteriza el aminoácido presente en la proteína de tipo silvestre de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* y el carácter dado en los paréntesis identifica el respectivo aminoácido en el código de 3 letras, mientras el carácter dado en frente de los paréntesis identifica el respectivo aminoácido en el código de 1 letra.
- En el documento WO 04/024928, se ha buscado incrementar la biosíntesis de prenilquinona (por ejemplo, síntesis de plastoquinonas, tocoferoles) en las células de las plantas incrementando el flujo del precursor de HPP dentro de las células de estas plantas. Esto se ha hecho por conexión de síntesis de dicho precursor a la ruta del "shikimato" por sobreexpresión de la prefenato-deshidrogenasa (PDH). Ellos también han notado que la transformación de la planta con un gen que codifica una enzima PDH hace posible incrementar la tolerancia de dichas plantas a los inhibidores de HPPD.
- En el documento WO 2002/046387, fue descrito un gen obtenido de *Avena sativa* que codifica una HPPD para generar plantas que tienen sobreexpresión de tal gen y causando de este modo tolerancia a diferentes herbicidas inhibidores de HPPD.
- En el documento WO 2008/150473, la combinación de dos mecanismos distintos – un gen de *Avena sativa* que codifica para una enzima mutante de HPPD y una monooxigenasa (gen nsf1) de maíz CYP450 – fue usada como ejemplo con el fin de obtener una tolerancia mejorada a los herbicidas inhibidores de HPPD, pero no han sido divulgados los datos que demuestran los efectos sinérgicos basados en la combinación de ambas proteínas.
- En el documento WO 2010/085705, fueron descritos varios mutantes de *Avena sativa* HPPD así como plantas que comprenden genes que codifican tales HPPD mutados y por lo tanto que causan un incremento en la tolerancia de varios herbicidas inhibidores HPPD comparados con HPPD no mutados.
- En el documento WO 2012/021785, se describieron diversos mutantes junto a proteínas de HPPD de diferentes organismos, preferiblemente las HPPD obtenidas de maíz. Se obtuvieron datos de tales enzimas de HPPD mutadas in vitro así como de plantas que comprenden genes que codifican tales HPPD mutadas y por lo tanto causan un incremento de tolerancia a diferentes herbicidas inhibidores de HPPD comparados con HPPD no mutadas.
- Recientemente, varios genes nuevos que codifican enzimas de HPPD de diferentes organismos han sido identificados y empleados para obtener plantas de cultivo que muestran un nivel agronómicamente útil de tolerancia que hace referencia a la aplicación de diferentes herbicidas inhibidores de HPPD, tales como (i) obtenidos de bacterias que pertenecen a la subfamilia *Synechococcoideae* y ciertos mutantes del mismo como es divulgado en WO2011/076877(PCT/EP2010/070561), (ii) obtenidos de protistas que pertenecen a la familia

Blepharismidae como es divulgado en el documento WO2011/076882 (PCT/EP2010/070567); (iii) obtenidos de bacterias que pertenecen al género *Rhodococcus* y ciertos mutantes del mismo como es divulgado en el documento WO2011/076892 (PCT/EP2010/070578); (iv) obtenidos de *Euryarchaeota* que pertenece a la familia *Picrophilaceae* y ciertos mutantes del mismo como es divulgado en el documento WO2011/076885 (PCT/EP2010/070570); o (v) obtenidos de bacterias que pertenece al género *Kordia* y ciertos mutantes del mismo divulgados en el documento WO2011/076889 (PCT/EP2010/070575) y que se incorporan aquí haciendo referencia a la producción de las respectivas plantas transgénicas que confieren tolerancia a los herbicidas inhibidores de HPPD.

Se ha encontrado ahora que una N-(tetrazol-5-il)arilcarboxamida específica, es decir el 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sales de los mismos pueden ser empleados en plantas de cultivo transgénico que son tolerantes a herbicidas inhibidores de HPPD porque contienen uno o más genes que confieren tolerancia a los herbicidas inhibidores de HPPD .

El aspecto que es objetivo de la presente invención es el uso de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida,

como también se describe por la fórmula a continuación (I)



o sus sales

para controlar plantas no deseadas en áreas de plantas de cultivo transgénico que son tolerantes a herbicidas inhibidores de HPPD por contener uno o más genes quiméricos (I) que comprenden una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa* , que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus* sp., que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus* sp. (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus* sp. (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13 , (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprenden una o más secuencias de ADN mutadas de genes que codifican HPPD de los

organismos anteriormente definidos, preferiblemente mutantes como se describen en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprenden más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), especialmente preferible genes que codifican HPPD de maíz (*Zea mays*) o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 25), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 27), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 29), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el

documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37).

Puede prepararse 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)-benzamida para ser usado de acuerdo con la invención como se describe en detalle en el documento WO 2012/028579 el cual es incorporado aquí como referencia

En cuanto se refiere a las sales de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida, preferiblemente indica una sal de sodio, potasio, magnesio, calcio, amonio, alquilo (C₁-C₄)- amonio, dialquilo (C₁-C₄)amonio, trialquilo (C₁-C₄)amonio, tetra-(alquilo C₁-C₄)amonio, tri-(alquilo C₁-C₄-alquil)sulfonio, cicloalquilo (C₅- o C₆)-alquilamonio, o di-(alquilo C₁-C₂)bencilamonio, más preferiblemente una sal de sodio, potasio, magnesio, calcio, sales de amonio, y muy particularmente una sal de sodio, potasio, o sales de amonio.

Como ya fue divulgado en el documento WO 2012/028579, N-(tetrazol-5-il) arilcarboxamidas en plantas transgénicas y también llamados N-(tetrazol-5-il) arilcarboxamidas individuales, que cubren genéricamente 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida para ser usado de acuerdo con la invención y sus sales, tienen una excelente eficacia herbicida contra un amplio espectro de plantas dañinas anuales monocotiledóneas y dicotiledóneas económicamente importantes . Los compuestos activos actúan eficientemente aún en maleza perenne la cual produce brotes de rizomas, porta injertos y otros órganos perennes y que son difíciles de controlar.

La presente invención por lo tanto se refiere a un método para controlar plantas no deseadas, en áreas de plantas de cultivo transgénico que son tolerantes a herbicidas inhibidores de HPPD por contener uno o más genes quiméricos (I) que comprende una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus* sp., que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus* sp. (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus* sp. (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13 , (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente mutantes como se describe en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprende más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en los documentos PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que

comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en los documentos PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas (Comamonas) testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435),y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435),y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435),más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37) que comprende la aplicación de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales como fue definido anteriormente a las plantas (por ejemplo plantas dañinas tales como malezas monocotiledóneas o dicotiledóneas o plantas de cultivo no deseadas), a la semilla (por ejemplo granos, semillas o propágulos vegetativos tales como tubérculos o partes de brotes con capullos) o al área en la que las plantas crecen (por ejemplo el área cultivada). Pueden mencionarse ejemplos específicos de algunos representantes de maleza de flora monocotiledóneas y dicotiledóneas que puede ser controlada por los compuestos de acuerdo con la invención, sin que la enumeración sea restringida a ciertas especies.

Las plantas dañinas de Monocotiledóneas de los géneros: Aegilops, Agropiron, Agrostis, Alopecurus, Apera, Avena, Brachiaria, Bromus, Cenchrus, Commelina, Cynodon, Cyperus, Dactiloctenium, Digitaria, Echinochloa, Eleocharis, Eleusine, Eragrostis, Eriochloa, Festuca, Fimbristilis, Heteranthera, Imperata, Ischaemum, Leptochloa, Lolium, Monochoria, Panicum, Paspalum, Phalaris, Phleum, Poa, Rottboellia, Sagittaria, Scirpus, Setaria, Sorghum.

La maleza de Dicotiledóneas de los géneros: Abutilon, Amaranthus, Ambrosia, Anoda, Anthemis, Aphanes, Artemisia, Atriplex, Bellis, Bidens, Capsella, Carduus, Cassia, Centaurea, Chenopodium, Cirsium, Convolvulus, Datura, Desmodium, Emex, Erysimum, Euphorbia, Galeopsis, Galinsoga, Galium, Hibiscus, Ipomoea, Kochia, Lamium, Lepidium, Lindernia, Matricaria, Mentha, Mercurialis, Mullugo, Myosotis, Papaver, Pharbitis, Plantago, Polygonum, Portulaca, Ranunculus, Raphanus, Rorippa, Rotala, Rumex, Salsola, Senecio, Sesbania, Sida, Sinapis, Solanum, Sonchus, Sphenoclea, Stellaria, Taraxacum, Thlaspi, Trifolium, Urtica, Veronica, Viola, Xanthium.

Las plantas de cultivo transgénicas de cultivos de importancia económica a los cuales el 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales podrían aplicarse son, por ejemplo cultivos de dicotiledóneas de los géneros Arachis, Beta, Brassica, Cucumis, Cucurbita, Helianthus, Daucus, Glycine, Gossypium, Ipomoea, Lactuca, Linum, Lycopersicon, Nicotiana, Phaseolus, Pisum, Solanum, Vicia, o cultivos de dicotiledóneas del género Allium, Ananas, Asparagus, Avena, Hordeum, Oryza, Panicum, Saccharum, Secale, Sorghum, Triticale, Triticum, Zea, en particular Zea y Triticum.

Ésta es la razón por la cual la presente invención preferiblemente se relaciona con el método para controlar plantas no deseadas, en las áreas de plantas de cultivo transgénico que son tolerantes a herbicidas inhibidores de HPPD por contener uno o más genes quiméricos (I) que comprende una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus* sp., que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus* sp. (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus* sp. (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13, (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos definidos anteriormente, preferiblemente mutantes como se describe en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprende más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado

PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada a descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598(WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37) que comprende la aplicación de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales como fue definido anteriormente a las plantas (por ejemplo plantas dañinas tales como malezas monocotiledóneas o dicotiledóneas o plantas de cultivo no deseadas), a la semilla (por ejemplo granos, semillas o propágulos vegetativos tales como tubérculos o partes de brotes con capullos) o al área en la que las plantas crecen (por ejemplo el área cultivada) en cultivos de dicotiledóneas de los géneros *Arachis*, *Beta*, *Brassica*, *Cucumis*, *Cucurbita*, *Helianthus*, *Daucus*, *Glycine*, *Gossypium*, *Ipomoea*, *Lactuca*, *Linum*, *Lycopersicon*, *Nicotiana*, *Phaseolus*, *Pisum*, *Solanum*, *Vicia*, o cultivos de monocotiledóneas de los géneros *Allium*, *Ananas*, *Asparagus*, *Avena*,

Hordeum, Oryza, Panicum, Saccharum, Secale, Sorghum, Triticale, Triticum, Zea, en particular Zea y Triticum.

Se prefiere al uso de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales en cultivos transgénicos de importancia económica de plantas y ornamentales útiles, por ejemplo de cereales tales como trigo, cebada, centeno, avena , sorgo/mijo, arroz , yuca y maíz o también cultivos de remolacha dulce, caña de azúcar, algodón, soja, colza oleaginosa, patatas, tomates, guisantes y otras vegetales, cuyos cultivos contienen uno o más genes quiméricos (I) que comprende una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, más preferiblemente comprende una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus sp.*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13 , (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente mutantes como se describe en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprende más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifica genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, ,y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435),y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición

351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) ,y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), , o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37).

La invención también se refiere al uso, en un método para transformación de plantas, de un ácido nucleico que codifica una HPPD como un gen marcador o como una secuencia de codificación la cual hace posible conferir a la planta tolerancia a herbicidas que son inhibidores de HPPD, y el uso de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales en plantas que contienen uno o más genes quiméricos (I) que comprende una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa*, más preferiblemente los elementos que comprende una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus* sp., que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus* sp. (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus* sp. (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13 , (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente mutantes como se describe en los documentos WO

2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprende más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como SEQ ID No. 296), y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No: 8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435),y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) ,y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición

335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37).

En la producción comercial de cultivos, es deseable que se eliminen bajo manejo confiable de pesticidas, plantas no deseadas (es decir "maleza") de un campo de plantas de cultivo. Un tratamiento ideal sería uno el cual pudiera ser aplicado en un campo completo pero el cual pudiera eliminar únicamente las plantas no deseadas mientras deja las plantas de cultivo sin afectar. Uno de tales sistemas de tratamiento involucraría el uso de plantas de cultivo las cuales son tolerantes a un herbicida de modo que cuando el herbicida se ha rociado en un campo de plantas de cultivo tolerantes a herbicidas, las plantas de cultivo continuarían prosperando mientras las malezas no tolerantes a herbicida es matada o dañada severamente. Idealmente, tales sistemas de tratamiento se aprovecharían de la variación de las propiedades de los herbicidas de tal modo que el control de maleza podría proveer la mejor combinación posible de flexibilidad y economía. Por ejemplo, herbicidas individuales tienen diferentes longevidades en el campo, y algunos herbicidas persisten y son efectivos por un tiempo relativamente largo después de que son aplicados a un campo, mientras otros herbicidas se descomponen rápidamente en otro y/o compuestos no activos. Un sistema de tratamiento ideal permitiría el uso de diferentes herbicidas de manera que los cultivadores podrían adaptar la elección de los herbicidas para una situación particular.

Mientras un número de plantas de cultivo tolerantes a herbicida están actualmente disponibles comercialmente, un problema que ha surgido para muchos herbicidas comerciales y combinaciones de herbicida/cultivo es que los herbicidas individuales típicamente tienen un espectro incompleto de actividad en contra de especies comunes de maleza. Para la mayoría de herbicidas individuales los cuales han sido usados por algún tiempo, se han vuelto más predominantes las poblaciones de especies y biotipos de maleza resistente a herbicida (véase, por ejemplo, Tranel y Wright (2002) Weed Science 50: 700-712; Owen y Zelaya (2005) Pest Manag. Sci. 61: 301-311). Se han descrito plantas transgénicas que son resistentes a más de un herbicida (véase, por ejemplo, el documento WO2005/012515). Sin embargo, están continuamente en demanda, mejoramientos en cada aspecto de la producción de cultivos, opciones de control de maleza, extensión de control de maleza residual, y mejoramientos en el rendimiento del cultivo.

Los genes quiméricos definidos anteriormente que codifican una o más proteínas de HPPD o mutantes de los mismos, que son funcionales en plantas transgénicas con el fin de desempeñar tolerancia al inhibidor de HPPD de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales, es/son combinados ventajosamente en plantas con otros genes los cuales codifican proteínas o ARNs que confieren propiedades agronómicas útiles para tales plantas. Entre los genes que codifican proteínas o ARNs que confieren propiedades agronómicas útiles en las plantas transformadas, se puede hacer mención de las secuencias de ADN que codifican proteínas las cuales confieren tolerancia a uno o más herbicidas que, de acuerdo a su estructura química difieren de herbicidas inhibidores de HPPD, y otros que confieren tolerancia a ciertos insectos, aquellos que confieren tolerancia a ciertas enfermedades y/o tensiones abióticas y bióticas, ADN que codifican ARNs que proveen control de insectos o nemátodos, etc.

Tales genes son descritos en particular en los documentos PCT WO 91/02071 y WO95/06128.

Entre las secuencias de ADN que codifican proteínas que confieren tolerancia a ciertos herbicidas en las células de plantas transformadas y plantas, se puede hacer mención de un gen bar o PAT o el gen de *Streptomyces coelicolor* descritos en el documento WO2009/152359 que confieren tolerancia a herbicidas de glufosinato, un gen que codifica un EPSPS adecuado el cual

confiere tolerancia a herbicidas que tienen EPSPS como un objetivo, tal como glifosato y sus sales (US 4,535,060, US 4,769,061, US 5,094,945, US 4,940,835, US 5,188,642, US 4,971,908, US 5,145,783, US 5,310,667, US 5,312,910, US 5,627,061, US 5,633,435), o un gen que codifica glifosato oxidorreductasa (US 5,463,175).

- 5 Entre las secuencias de ADN que codifican un EPSPS adecuado que confieren tolerancia a herbicidas que tienen EPSPS como un objetivo, se hará mención más particularmente del gen que codifica un EPSPS de planta, en particular un EPSPS de maíz, en particular un EPSPS de maíz que comprende dos mutaciones, particularmente una mutación en posición 102 de aminoácido y una mutación en posición 106 de aminoácido (WO 2004/074443), y la cual es
10 descrita en el documento US 6566587, en lo sucesivo llamado EPSPS de maíz mutante doble o 2mEPSPS, o el gen que codifica un EPSPS aislado de *Agrobacterium* y el cual es descrito por SEQ ID No. 2 y SEQ ID No. 3 del documento US 5,633,435, también llamado CP4.

- Entre las secuencias de ADN que codifican un EPSPS adecuado que confiere tolerancia a herbicidas que tienen EPSPS como un objetivo, se hará mención más particularmente del gen
15 que codifica un EPSPS GRG23 de *Arthrobacter globiformis*, pero también los mutantes GRG23 ACE1, GRG23 ACE2, o GRG23 ACE3, particularmente los mutantes o variantes de GRG23 como se describen en el documento WO2008/100353, tales como GRG23(ace3)R173K de SEQ ID No. 29 en el documento WO2008/100353.

- En el caso de las secuencias de ADN que codifican EPSPS, y más particularmente que codifican
20 los genes anteriores, la secuencia que codifica estas enzimas es precedida ventajosamente por una secuencia que codifica un péptido de tránsito, en particular el “péptido de tránsito optimizado” descrito en los documentos US 5,510,471 o 5,633,448.

- En el documento WO 2007/024782 se divulgan, plantas que son tolerantes a glifosato y al menos
25 a un inhibidor ALS (acetolactato sintasa). Se divulgan más específicamente plantas que contienen genes que codifican un polipéptido GAT (Glifosato-N-Acetiltransferasa) y un polipéptido que confiere resistencia a inhibidores ALS.

Fueron divulgadas en el documento US 6855533, plantas de tabaco transgénicas que contienen genes mutados *Arabidopsis* ALS/AHAS.

- En el documento US 6,153,401 se divulgan, plantas que contienen genes que codifican 2,4-D-
30 monooxigenasas que confieren tolerancia a 2,4-D (ácido 2,4-diclorofenoxiacético) por metabolización.

- En los documentos US7838733, WO2005/107437, WO2007/053482, WO2008/141154, y
35 US2010/0251432 se divulgan plantas que contienen genes que codifican 2,4-D-dioxigenasas que confieren tolerancia a 2,4-D (ácido 2,4-diclorofenoxiacético), otros herbicidas fenoxi auxina y herbicidas ariloxifenoxipropionato por metabolización.

En los documentos US 2008/0119361 y US 2008/0120739 se divulgan, plantas que contienen genes que codifican Dicamba monooxigenasas que confieren tolerancia a dicamba (ácido 3,6-dicloro-2-metoxibenzoico) por metabolización.

- En los documentos WO2011/028833 y WO2011/028832 se divulgan plantas que contienen
40 genes que codifican Acetil-coenzima-A carboxilasa (ACCase) a los que se les realizó mutagénesis recombinantes que confieren tolerancia a al menos un herbicida, que es seleccionado del grupo que consiste en alloxidim, butroxidim, clethodim, cloproxidim, cicloxidim, setoxidim, tepraloxidim, tralcoxidim, clorazifop, clodinafop, clofop, diclofop, fenoxaprop, fenoxaprop-P, fenthiaprop, fluazifop, fluazifop-P, haloxifop, haloxifop-P, isoxapirifop,
45 propaquizafop, quizalofop, quizalofop-P, trifop, y pinoxaden o sales o ésteres aceptables agronómicamente de cualquiera de estos herbicidas.

Todos los rasgos de tolerancia a herbicidas mencionados anteriormente pueden ser combinados con aquellos que desempeñan tolerancia de HPPD en plantas que involucran 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales por contener uno o más genes quiméricos (I) que comprende una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus* sp., que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus* sp. (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus* sp. (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13, (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos definidos anteriormente, preferiblemente mutantes como se describe en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprende más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de

ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada a descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598(WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37).

Entre las secuencias de ADN que codifican proteínas que se refieren a propiedades de tolerancia a insectos, se hará mención más particularmente de las proteínas Bt ampliamente descritas en la literatura y bien conocidas por aquellos expertos en la técnica. Se hará también mención de proteínas extraídas de bacterias tales como *Photorhabdus* (WO 97/17432 & WO 98/08932).

Entre tales secuencias de ADN que codifican proteínas de interés que confieren propiedades novedosas de tolerancia a insectos, se hará mención más particularmente de proteínas Bt Cry o VIP ampliamente descritas en la literatura y bien conocidas por aquellos expertos en la técnica. Éstas incluyen la proteína Cry1F o híbridos derivados de proteína Cry1F (por ejemplo, el híbrido de proteínas Cry1A-Cry1F descrito en los documentos US 6,326,169; US 6,281,016; US 6,218,188, o fragmentos tóxicos de los mismos), las proteínas de tipo Cry1A o fragmentos de las mismas, preferiblemente la proteína Cry1Ac o híbridos derivados de la proteína Cry1Ac (por ejemplo, el híbrido de proteína Cry1Ab-Cry1Ac descrito en el documento US 5,880,275) o la proteína Cry1Ab o Bt2 o fragmentos insecticidas de las mismas como se describe en el documento EP451878, las proteínas Cry2Ae, Cry2Af o Cry2Ag como se describe en el documento WO02/057664 o fragmentos tóxicos de las mismas, la proteína Cry1A.105 descrita en el documento WO 2007/140256 (SEQ ID No. 7) o un fragmento tóxico de la misma, la proteína VIP3Aa19 de NCBI de adhesión de ABG20428, la proteína VIP3Aa20 de NCBI adhesión de ABG20429 (SEQ ID No. 2 en el documento WO 2007/142840), las proteínas producidas en VIP3A en los eventos de algodón COT202 o COT203 (los documentos WO 2005/054479 y WO 2005/054480, respectivamente), las proteínas Cry como son descritas en el documento WO01/47952, la proteína VIP3Aa o un fragmento tóxico de la misma como se describe en Estruch et al. (1996), Proc Natl Acad Sci U S A. 28;93(11):5389-94 y en el documento US 6,291,156, las proteínas insecticidas de *Xenorhabdus* (como se describe en el documento WO98/50427), *Serratia* (particularmente de *S. entomophila*) o cepas de especies de *Photorhabdus*, tales como proteínas de *Photorhabdus* como se describen en el documento WO98/08932 (por ejemplo, Waterfield et al., 2001, Appl Environ Microbiol. 67(11):5017-24; French-Constant y Bowen, 2000, Cell Mol Life Sci.; 57(5):828-33). También se incluyen aquí cualesquiera variantes o mutantes de cualquiera de estas proteínas que difieran en algún

aminoácido (1-10, preferiblemente 1-5) de cualquiera de las secuencias anteriores, particularmente la secuencia de su fragmento tóxico, o que están condensadas a un péptido de tránsito, tal como un péptido de tránsito de plástido, u otra proteína o péptido.

5 La presente invención también se refiere al uso de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales en plantas transgénicas que comprenden un gen quimérico (o cinta de expresión) que comprende una secuencia que codifica tanto elementos regulatorios heterólogos, en la posición 5' y/o 3', al menos en la posición 5', las cuales son capaces de funcionar en un organismo anfitrión, en particular células de planta o plantas, donde
10 la secuencia que codifica contiene al menos una secuencia de ácido nucleico que codifica una HPPD derivada de un miembro de un grupo de organismos que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa*, más preferiblemente los elementos que comprende una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4,
15 (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus sp.*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro03041 aislado que
20 comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13 , (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente mutantes como se describe en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprende más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una
35 proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* (i) que
40 comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de
45
50

HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada a descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37).

En otra realización particular, la presente invención se refiere al uso de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetra zol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales en una planta transgénica que comprende un gen quimérico como se describió anteriormente, en la que el gen quimérico contiene en la posición 5' de la secuencia del ácido nucleico que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) (I) derivada de un miembro de un grupo de organismos , que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa* , que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus* sp., que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus* sp. (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus* sp. (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13 , (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente mutantes como se describen en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO

2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprenden más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37) una secuencia de ácido nucleico que codifica un péptido de tránsito

de planta, donde esta secuencia está dispuesta entre la región promotora y la secuencia de ácido nucleico que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) (I) derivada de un miembro de un grupo de organismos , que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa* , que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus sp.*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13 , (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente mutantes como se describen en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprenden más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un

reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37) para permitir la expresión de una proteína de fusión de un péptido de tránsito/HPPD.

En una realización particular adicional, la presente invención se refiere al uso de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales en plantas, partes de plantas, semillas de planta que contienen uno más genes quiméricos (I) que comprende una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) (I) derivada de un miembro de un grupo de organismos, que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa* , que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus sp.*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13 , (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente mutantes como se describen en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprenden más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado

PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37) o al uso de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)-benzamida o sus sales en suelo en el que tales plantas, partes de plantas o semillas han de crecer o ser sembradas, ya sean solas o en combinación con uno o más de otros herbicidas conocidos que actúan en una forma diferente con inhibidores de HPPD.

En una realización particular adicional, pueden aplicarse 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales en combinación ya sea en mezcla, simultáneamente o sucesivamente con herbicidas inhibidores de HPPD seleccionados de un

grupo que consiste en tricetonas (llamado tricetona inhibidora de HPPD), tales como tembotriona, sulcotriona, mesotriona, biciclopirona, tefuriltriona, particularmente tembotriona, de la dicetona de clase tal como dicetonitrilo de la clase de isoxazoles tal como isoxaflutole o de la clase de pirazolinatos (llamado pirazolinato de inhibidor de HPPD), tal como pirasulfotole, pirazolato, topamezona, benzofenap, aún más específicamente la presente invención se refiere a la aplicación de tembotriona, mesotriona, dicetonitrilo, biciclopirona, tefuriltriona, benzofenap, pirasulfotola, pirazolato y sulcotriona a tales plantas tolerantes al inhibidor de HPPD, partes de plantas o semillas de plantas que contienen uno o más genes quiméricos (I) que comprende una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos que consisten en uno o más genes quiméricos (I) que comprende una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus sp.*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13, (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente mutantes como se describen en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprenden más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598

(WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37).

Como una secuencia reguladora que funciona como un promotor en células de plantas y plantas, puede hacerse uso de cualquier secuencia promotora de un gen que es naturalmente expresado en plantas, en particular un promotor que es expresado especialmente en las hojas de las plantas tal como por ejemplo promotores “constitutivos” de origen bacteriano, viral o de planta, o promotores “dependientes de luz”, tales como la de un gen de subunidad pequeña de ribulosa-biscarboxilasa/oxigenasa (RuBisCO) de planta, o cualquier promotor expresable conocido adecuado que pueda ser usado. Entre los promotores de origen de planta, se hará mención de los promotores de histona como se describe en el documento EP 0 507 698 A1, el promotor de actina de arroz (US 5,641,876), o un promotor de ubiquitina de planta (US 5,510,474). Entre los promotores de un gen de virus de planta, se hará mención del virus mosaico de coliflor (CaMV 19S o 35S, Sanders et al. (1987), Nucleic Acids Res. 15(4):1543-58.), el circovirus (AU 689 311) o el virus mosaico de vena de tapioca (CsVMV, US 7,053,205).

En una realización particular adicional, la presente invención se refiere al uso de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales en plantas, partes de plantas, o semillas de plantas que comprenden una secuencia promotora específica para regiones particulares o tejidos de plantas que pueden ser usadas para expresar uno o más genes quiméricos (I) que comprende una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa* , que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c)

5 *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus* sp., que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por
 10 SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus* sp. (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus* sp. (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13 , (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente
 15 mutantes como se describen en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprenden más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID
 20 No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la
 40 posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la

- posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37), tales como promotores específicos de semillas (Datla, R. et al., 1997, Biotechnology Ann. Rev. 3, 269-296), especialmente el promotor de napina (EP 255 378 A1), el promotor de faseolina, el promotor de glutenina, el promotor de heliantina (WO 92/17580), el promotor de albúmina (WO 98/45460), el promotor de oleosina (WO 98/45461), el promotor SAT1 o el promotor SAT3 (PCT/US98/06978).
- También puede hacerse uso de un promotor inducible escogido ventajosamente de la fenilalanina de amoníaco liasa (PAL), HMG-CoA reductasa (HMG), quitinasa, glucanasa, inhibidor de proteinasa (PI), gen de la familia PR1, nopalina sintasa (nos) y promotores de vspB (US 5 670 349, Tabla 3), el promotor HMG2 (US 5 670 349), el promotor beta-galactosidasa (ABG1) de manzana y el promotor aminociclopropana carboxilato sintasa (sintasa ACC) (WO 98/45445).

Los genes que codifican hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) (I) derivados de un miembro de un grupo de organismos que consisten en uno o más genes quiméricos (I) que comprende una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa* , que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus sp.*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13 , (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente mutantes como se describen en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprenden más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento

PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37) también pueden ser usados en combinación con el promotor, de las otras secuencias reguladoras, que están localizadas entre el promotor y la secuencia que codifica, tales como activadores de transcripción ("potenciadores"), por ejemplo el activador de traducción del virus mosaico de tabaco (TMV) descrito en el documento WO 87/07644, o el virus de grabado de tabaco (TEV) descrito por Carrington & Freed 1990, J. Virol. 64: 1590-1597, por ejemplo, o intrones tales como el intrón adh1 de maíz o el

intrón 1 de actina de arroz con el fin de desempeñar una tolerancia suficiente a 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)-benzamida o sus sales.

En una realización particular adicional, la presente invención se refiere al uso de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales en plantas, partes de plantas, o semillas de plantas que contienen uno o más genes quiméricos (I) que comprende una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus sp.*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13, (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente mutantes como se describen en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprenden más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-

Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37), y también que contiene un gen de monooxigenasa de maíz (nsf1 gene) CYP450 que está bajo el control de un promotor expresable de planta idéntico o diferente con el fin de conferir tolerancia a 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales.

Como un terminador regulador o secuencia de poliadenilación, puede hacerse uso de cualquier secuencia correspondiente de origen bacteriano, tal como por ejemplo el terminador nos de *Agrobacterium tumefaciens*, de origen viral, tal como por ejemplo el terminador CaMV 35S, o de origen de planta, tal como por ejemplo el terminador de histona tal como se describe en el documento EP 0 633 317 A1.

Es de entenderse que con el fin de obtener una expresión optimizada mediante un uso de codón adaptado al anfitrión de los respectivos genes quiméricos, uno podría adoptar genes de no planta al uso de codón del respectivo organismo de planta en el cual los genes quiméricos serán insertados. En consecuencia, en todos los genes quiméricos descritos que expresan HPPD de origen de no planta, puede ser reemplazado el respectivo HPPD que codifica una secuencia de ADN por una secuencia de ADN modificada que codifica una secuencia de aminoácido idéntica, es decir SEQ ID No. 3 puede ser reemplazada por SEQ ID No. 5, SEQ ID No. 6 puede ser reemplazada por SEQ ID No. 18, SEQ ID No. 8 puede ser reemplazada por SEQ ID No. 19, SEQ ID No. 10 puede ser reemplazada por SEQ ID No. 20, SEQ ID No. 12 puede ser reemplazada por SEQ ID No. 21, SEQ ID No. 14 puede reemplazada por SEQ ID No. 22, SEQ ID No, 16 puede ser reemplazada por SEQ ID No.23.

El término “gen”, como es usado aquí se refiere a una región que codifica ADN flanqueada por secuencias reguladoras 5' y/o 3' que permiten que un ARN sea transcrito, el cual puede ser traducido a una proteína, que comprende típicamente al menos una región promotora. Un “gen quimérico”, cuando se hace referencia a un ADN que codifica HPPD, se refiere a una secuencia de ADN que codifica HPPD que tiene diferentes secuencias reguladoras 5' y/o 3' de secuencias reguladoras 5' y/o 3' bacterianas que ocurren naturalmente las cuales dirigen la expresión de

proteína de HPPD en su célula anfitriona nativa (también conocidos como "promotor heterólogo" o "secuencias reguladoras heterólogas").

Los términos "ADN/proteína que comprende la secuencia X" y "ADN/proteína con la secuencia que comprende la secuencia X", como es usado aquí, se refiere a un ADN o proteína que incluye o contiene al menos la secuencia X en su nucleótido o secuencia de aminoácido, de modo que otros nucleótidos o secuencias de aminoácidos pueden ser incluidos en el extremo 5' (o terminal en N) y/o 3' (o terminal en C), por ejemplo, un péptido de tránsito o señal de terminal en N. El término "que comprende", como es usado aquí, es un lenguaje ilimitado en el sentido de "que incluye", que indica que otros elementos diferentes a los indicados específicamente también pueden estar presentes. El término "que consisten en", como es usado aquí, es un lenguaje limitado, es decir, están presentes únicamente aquellos elementos citados. El término "ADN que codifica una proteína que comprende una secuencia X", como es usado aquí, se refiere a un ADN que comprende una secuencia que codifica, la cual después de la transcripción y traducción resulta en una proteína que contiene al menos una secuencia de aminoácido X. Un ADN que codifica una proteína no tiene que ser un ADN de origen natural, y puede ser un ADN semisintético, completamente sintético o artificial y puede incluir intrones y regiones de flanco 5' y/o 3'. El término "secuencia de nucleótido", como es usado aquí, se refiere a la secuencia de una molécula de ADN o ARN, que puede estar en forma de cadena única o doble.

Las proteínas de HPPD de acuerdo con la invención pueden estar equipadas con un péptido de señal de acuerdo a los procedimientos conocidos en la técnica, véase, por ejemplo, el documento PCT/NO 96/10083, o ellos pueden ser reemplazados por otro péptido tal como un péptido de tránsito de cloroplasto (por ejemplo, Van Den Broeck et al., 1985, Nature 313, 358, o un péptido de tránsito de cloroplasto modificado del documento US 5, 510,471) que causa transporte de la proteína al cloroplasto, por un péptido de señal secretora o un péptido que dirigen la proteína a otros plástidos, mitocondria, el RE, u otro organelo, o puede ser reemplazado por un aminoácido de metionina o por un dipéptido de metionina-alanina. Las secuencias de señal para dirigir a organelos intracelulares o para secreción externa de la célula de planta o la pared de la célula son encontradas en proteínas dirigidas naturalmente o secretadas, preferiblemente aquellas descritas por Klösgen et al. (1989, Mol. Gen. Genet. 217, 155-161), Klösgen y Weilo (1991, Mol. Gen. Genet. 225, 297-304), Neuhaus & Rogers (1998, Plant Mol. Biol. 38, 127-144), Bih et al. (1999, J. Biol. Chem. 274, 22884-22894), Morris et al. (1999, Biochem. Biophys. Res. Commun. 255, 328-333), Hesse et al. (1989, EMBO J. 8 2453-2461), Tavladoraki et al. (1998, FEBS Lett. 426, 62-66), Terashima et al. (1999, Appl. Microbiol. Biotechnol. 52, 516-523), Park et al. (1997, J. Biol. Chem. 272, 6876-6881), Shcherban et al. (1995, Proc. Natl. Acad. Sci USA 92, 9245-9249), todas las cuales están incorporadas aquí por referencia, particularmente las secuencias de péptidos de señal de proteínas dirigidas o secretadas de maíz, algodón, soja, o arroz. Puede insertarse una secuencia de ADN que codifica tal péptido de señal de planta en el gen quimérico que codifica la proteína de HPPD para expresión en plantas.

La invención también abarca enzimas de HPPD variante que son secuencias de aminoácidos similares a la secuencia de aminoácido de HPPD de SEQ ID No. 2, SEQ ID No. 4, 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. 25, SEQ ID No. 27, SEQ ID No. 29, SEQ ID No. 31, SEQ ID No. 32, SEQ ID No. 33, SEQ ID No. 35, SEQ ID No. 36, SEQ ID No. 37, SEQ ID No. 39, SEQ ID No. 40, y SEQ ID No. 41, SEQ ID No. 43, SEQ ID No. 46 y en el que en cada uno de los anteriores se ha insertado, borrado o sustituido uno o más aminoácidos. En el presente contexto, variantes de una secuencia de aminoácido se refiere a aquellos polipéptidos, enzimas o proteínas que tienen una actividad catalítica similar a la de las secuencias de aminoácidos descritas aquí, a pesar cualquiera de las sustituciones de aminoácidos, adiciones o supresiones de los mismos. Preferiblemente la variante de secuencia de aminoácido tiene una identidad de secuencia de al menos aproximadamente 80%, o 85 o 90%, 95%, 97%, 98% o 99% con la secuencia de aminoácido de SEQ ID No. 2, SEQ ID No. 4, 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. 25, SEQ ID No. 27, SEQ ID No 29, SEQ ID No 31, SEQ ID No 32, SEQ ID No 33, SEQ ID No 35, SEQ ID No 36, SEQ ID No 37, SEQ ID No 39, SEQ ID No 40, y SEQ ID No 41, SEQ ID No 43, y SEQ ID No 46, respectivamente. También preferiblemente, un polipéptido que comprende la variante de secuencia de aminoácido tiene actividad enzimática de HPPD. Los métodos para terminar actividad enzimática de HPPD son bien conocidos en la técnica e incluyen ensayos como se describen ampliamente en el documento WO 2009/144079 o en el documento WO 2002/046387, o en el documento PCT/EP2010/070561.

Las sustituciones que abarcan alteraciones de aminoácido en las que un aminoácido es reemplazado con uno diferente que ocurre de manera natural o un residuo de aminoácido no convencional. Tales sustituciones se pueden clasificar como "conservativa", en la cual un residuo de aminoácido contenido en una proteína de HPPD de esta invención es reemplazado con otro aminoácido que ocurre de manera natural de carácter similar, por ejemplo Gly↔Ala, Val↔Ile↔Leu, Asp↔Glu, Lys↔Arg, Asn↔Gln o Phe↔Trp↔Tyr. Las sustituciones abarcadas por la presente invención también pueden ser "no conservativa", en la que un residuo aminoácido que está presente en una proteína de HPPD de la invención es sustituida con un aminoácido con diferentes propiedades, tal como un aminoácido que ocurre de manera natural de un grupo diferente (por ejemplo que sustituye un aminoácido cargado o hidrófobo con alanina. Sustituciones de aminoácido son típicamente de residuos únicos, pero pueden ser de residuos múltiples, ya sean agrupados o dispersos. Las eliminaciones de aminoácidos usualmente serán del orden de aproximadamente 1-10 residuos de aminoácido, mientras que las inserciones pueden ser de cualquier longitud. Las eliminaciones e inserciones pueden ser hechas por el terminal N, por el terminal C o ser eliminaciones o inserciones internas. De manera general, las inserciones dentro de la secuencia de aminoácido serán más pequeñas que las fusiones de amino- o carboxi- terminales del orden de 1 a 4 residuos de aminoácido. "aminoácidos similares", como los usados aquí, se requieren aminoácidos que tienen cadenas laterales similares de aminoácido, es decir aminoácidos que tienen aminoácidos que tienen cadenas polares, no polares o prácticamente laterales neutras. "Aminoácidos no similares", como son usados aquí, se refieren a aminoácidos que tienen cadenas laterales diferentes de aminoácido, por ejemplo un aminoácido con cadena lateral polar es no similar a un aminoácido con cadena lateral no polar. Las cadenas laterales polares usualmente tienden a estar presentes en la superficie de una proteína en la que pueden interactuar con el ambiente acuoso que se encuentran en las células (aminoácidos "hidrofílicos"). Por otra parte, aminoácidos "no polares" tienden a residir dentro del centro de la proteína en la que ellos pueden interactuar con vecinos no polares similares (aminoácidos "hidrofobos"). Ejemplos de aminoácidos que tienen cadenas laterales polares son arginina, asparagina, aspartato, cisteína, glutamina, glutamato, histidina, lisina, serina, y treonina (todos los hidrofílicos, a excepción de cisteína la cual es hidrófoba). Ejemplos de aminoácidos que tiene cadenas laterales no polares son alanina, glicina, isoleucina, leucina, metionina, fenilalanina, prolina, y triptófano (todos los hidrofobos, a excepción de glicina la cual es neutral).

A menos que se indique lo contrario en los ejemplos, todos los procedimientos para hacer y manipular ADN recombinante son llevados a cabo por los procedimientos estándar descritos en Sambrook et al., Molecular Cloning - A Laboratory Manual, Second Ed., Cold Spring Harbor Laboratory Press, NY (1989), y en los volúmenes 1 y 2 de Ausubel et al. (1994) Current Protocols in Molecular Biology, Current Protocols, USA. Los materiales y métodos estándar para trabajo biológico molecular de planta son descritos en Plant Molecular Biology Labfax (1993) by R.R.D. Croy, publicados conjuntamente por BIOS Scientific Publications Ltd (UK) y Blackwell Scientific Publications (UK). Los procedimientos para tecnología PCR pueden ser encontrados en "PCR protocols: a guide to methods and applications", Editado por M.A. Innis, D.H. Gelfand, J.J. Sninsky y T.J. White (Academic Press, Inc., 1990).

El término "tolerancia", "tolerante" o "menos sensible" son usados de forma intercambiable e indican los niveles relativos de tolerancia inherente de HPPD mostrados de acuerdo a un fenotipo indicador visible de la cadena o planta transformada con ácido nucleico que comprende el gen

- que codifica para la respectiva proteína de HPPD en la presencia de concentraciones diferentes de varios herbicidas inhibidores de HPPD. Las respuestas a las dosis y los cambios relativos en las respuestas de dosis asociadas con estos fenotipos indicadores (formación de color pardo, inhibición de crecimiento, blanqueo, efecto herbicida, etc) son expresados convenientemente en términos, por ejemplo, de GR50 (concentración para 50% de reducción de crecimiento) o MIC (concentración inhibitoria mínima) en los que los valores de incremento en los valores corresponden a incrementos en tolerancia inherente de HPPD expresado, en la forma normal basados en daños a la planta, síntomas de blanqueo meristemáticas, etc. en un intervalo de concentraciones diferentes de herbicidas. Estos datos pueden ser expresados en términos de, por ejemplo, valores de GR50 derivados de curvas de respuesta a dosis que tienen trazada "dosis" en el eje x y "porcentaje de muerte", "efecto herbicida", "número de plantas verdes emergentes" etc. trazados en el eje y en el que aumento de valores GR50 corresponden a niveles de tolerancia inherente de HPPD expresado. Los herbicidas pueden ser adecuadamente aplicados antes o después de la emergencia.
- Igualmente, el nivel de tolerancia es mostrado a través de transgénesis, regeneración, cría y la prueba de atomización de una planta evaluada tal como tabaco, o planta de cultivo tal como soja o algodón y de acuerdo a estos resultados, tales plantas son al menos 2-4x más tolerantes a 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4 (trifluorometil)-benzamida que plantas que no contienen cualquier gen exógeno que codifica una proteína de HPPD,
- Se entiende por "organismo huésped" o "huésped" como cualquier organismo unicelular o multicelular heterólogo en el que el ácido nucleico o gen quimérico de acuerdo con la invención puede ser introducido para el propósito de producir HPPD. Estos organismos son, en particular, bacteria, por ejemplo *E. coli*, levadura, en particular del género *Saccharomyces* o *Kluyveromyces*, *Pichia*, hongo, en particular *Aspergillus*, un baculovirus, preferiblemente, células de planta y plantas.
- Se entiende por "célula de planta", de acuerdo con la invención, como cualquier célula que es derivada de o encontrada en una planta y que es capaz de formar o es parte de tejidos no diferenciados, tales como callos, tejidos diferenciados tales como embriones, partes de plantas, plantas o semillas. Esto incluye protoplastos y polen, células de plantas cultivadas o protoplastos cultivados in vitro, y células de planta que pueden regenerarse en una planta completa.
- Se entiende por "planta", de acuerdo con la invención, como cualquier organismo multicelular diferenciado que es capaz de hacer fotosíntesis, en particular un organismo monocotiledónea o dicotiledónea, más especialmente plantas cultivadas que estén o no estén destinadas a animales o nutrición humana, tales como maíz o cereales, trigo, plantas *Brassica spp.* Tales como *Brassica napus* o *Brassica juncea*, soja spp, arroz, caña de azúcar, remolacha, tabaco, algodón, hortalizas tales como pepino, puerro, zanahoria, tomate, lechuga, pimienta, melón, sandía, etc. Plantas transgénicas, como las usadas aquí, se refieren a plantas que comprenden uno o más genes extranjeros o heterólogos establemente insertados en su genoma.
- Con el fin de llevar a cabo la tolerancia a 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales, cualquier secuencia promotora de un gen que es expresado naturalmente en plantas, o cualquier híbrido o combinación de elementos de promotores de genes expresados naturalmente en plantas, que incluyen *Agrobacterium* o promotores de virus de planta o cualquier promotor que es adecuado para controlar la transcripción a un gen de tolerancia herbicida en plantas, puede ser usado como la secuencia promotora en las plantas de la invención (llamado aquí "promotor de planta-expresable"). Ejemplos de tales promotores adecuados de planta-expresable son descritos anteriormente. En una relación de esta invención, tales promotores de planta-expresable están ligados operativamente a (I) secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) esto se deriva de un miembro de un grupo de organismos que consisten en (a) Avena,

preferiblemente *Avena sativa* , que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) 5 *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus sp.*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro03041 10 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13 , (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 15 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente 20 mutantes como se describen en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprenden más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una 25 secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un 30 reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la 35 posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas* (=Comamonas) *testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) 40 en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la 45 posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la 50 posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento

- PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37).
- De acuerdo con la invención, también es posible usar, en combinación con la secuencia reguladora del promotor, otras secuencias reguladoras que están localizadas entre el promotor y la secuencia que codifica, tales como secuencias de intrones, o activadores de transcripción (potenciadores) con el fin de desempeñar tolerancia a 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales . Son descritos anteriormente ejemplos de tales secuencias reguladoras adecuadas.
- Cualquier secuencia correspondiente de origen bacteriano o viral, tal como el terminador nos dé *Agrobacterium tumefaciens*, o de origen de planta, tal como un terminador de histona son descritos en el documento EP 0 633 317 A1, pueden usarse como terminación de la transcripción (y poliadenilación) de la secuencia reguladora.
- En una realización particular adicional, la presente invención se refiere al uso de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales en plantas, partes de plantas, o semillas de planta que contienen una secuencia de ácido nucleico que codifica un péptido de tránsito, es empleado 5' (cadena arriba) de la secuencia de ácido nucleico que codifica los genes quiméricos exógenos (I) que comprende una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa* , que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus* sp., que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus* sp. (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus* sp. (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13 , (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica

HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente mutantes como se describen en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprenden más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-

5 EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37), y también que contiene esta secuencia de péptido de tránsito que es organizada entre la región promotora y la secuencia que codifica el HPPD exógeno para permitir la expresión de un péptido de tránsito – proteína de fusión de HPPD. El péptido de tránsito hace posible dirigir el HPPD en los plástidos, más específicamente los cloroplastos, con la posición de proteína que es partida entre el péptido de tránsito y la proteína de HPPD cuando ésta entra al plástido. El péptido de tránsito puede ser un péptido único, tal como un péptido de tránsito de EPSP (descrito en el documento US 5,188,642) o un péptido de tránsito de la subunidad pequeña del gen de ribulosa-biscarboxilasa/oxigenasa (RuBisCO ssu) de la planta, fueron apropiados, que incluyen algunos aminoácidos del terminal N parte del RuBisCO ssu maduro (EP 189 707 A1), o de lo contrario puede ser una fusión de muchos péptidos de tránsito tales como un péptido de tránsito que comprende un péptido de tránsito de una primera planta que es fusionado a una parte de la secuencia de terminal N de una proteína madura que tiene una localización de plástido, con esta parte a su vez que es fusionada a un péptido de tránsito de una segunda planta como el descrito en el documento EP 508 909 A1, y, más especialmente, el péptido de tránsito optimizado que comprende un péptido de tránsito de RuBisCO ssu de girasol fusionado a 22 aminoácidos del fin de terminal N del RuBisCO ssu de maíz, a su vez fusionado al péptido de tránsito de RuBisCO ssu de maíz, como es descrito, con sus secuencia que codifica, en el documento EP508909 A1.

La presente invención también se refiere a la proteína de fusión de HPPD del péptido de tránsito y a un ácido nucleico o gen quimérico que codifica tal proteína de fusión, en la que los dos elementos de esta proteína de fusión están definidos anteriormente.

25 En una realización particular adicional, la presente invención se refiere al uso de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales en plantas, partes de planta, o semillas de planta obtenidas por clonación, transformación con un vector de expresión, cuyo vector de expresión contiene al menos un gen quimérico que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus* sp., que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus* sp. (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus* sp. (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13, (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente mutantes como se describen en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprenden más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una

5 secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un
 reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la
 posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento
 10 PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID
 No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un
 reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la
 posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento
 15 PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID
 No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un
 reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la
 posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y
 20 que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y
 que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una
 secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435),
 25 más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas*
 (=Comamonas) *testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición
 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu)
 en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el
 documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud
 30 como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de
 E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un
 reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la
 posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento
 PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como
 35 secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de
 ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más
 específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de
Pseudomonas aeruginosa que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337,
 un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la
 40 posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento
 PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como
 secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E
 (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un
 reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la
 45 posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento
 PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como
 secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de
 ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más
 específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que
 50 comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S
 (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado
 Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598
 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de
 HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición
 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala)
 en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-
 EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598
 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de
 HPPD bajo SEQ ID No 37). Además del gen quimérico anterior, este vector puede contener un
 origen de replicación. Este vector puede ser un plásmido o una porción de plásmido, un cósmido,
 o un bacteriófago o un virus que ha sido transformado por introducción del gen quimérico de
 acuerdo con la invención. Los vectores de transformación son bien conocidos por los expertos y
 ampliamente descritos en la literatura. El vector de transformación el cual puede ser usado, en
 particular, para transformar las células de planta o plantas puede ser un virus, que puede ser

empleado para transformar células de planta o plantas y que adicionalmente contiene sus propios elementos de replicación y expresión. El vector para transformación de células de planta o plantas es preferiblemente un plásmido, tal como un plásmido de *Agrobacterium Ti* desarmado.

En una realización particular adicional, la presente invención se refiere al uso de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales en plantas, partes de plantas, o semillas de plantas que contienen un gen quimérico que comprende una secuencia que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos, que consiste en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus sp.*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13, (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente mutantes como se describen en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprenden más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la

posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37), y el uso de plantas o semillas en un campo para producir un cultivo y cosechar un producto de planta, por ejemplo, soja spp, arroz, trigo, cebada o granos de maíz o cápsulas de algodón, donde en una realización dicho uso involucra la aplicación de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales a tales plantas para controlar maleza.

En otra realización particular adicional, la presente invención se refiere al uso de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales en plantas, partes de planta, o semillas de planta caracterizadas porque contienen uno o más genes quiméricos (I) que comprende una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivado de un miembro de un grupo de organismos que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa* , que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus* sp., que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus* sp. (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus* sp. (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13 , (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de

los organismos anteriormente definidos, preferiblemente mutantes como se describen en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprenden más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud

como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37), y adicionalmente contiene además un gen quimérico que comprende un promotor de planta-expresable como se describe anteriormente, ligado operativamente a una secuencia de ácido nucleico que codifica una (prefenato deshidrogenasa) enzima (US 2005/0257283) con el fin de conferir tolerancia a 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales. Una planta que comprende dichos dos transgenes puede ser obtenida mediante la transformación de una planta con un transgén, y después re transformando esta planta transgénica con el segundo transgén, o mediante transformación de una planta con dos transgenes simultáneamente (en el mismo hubó o en 2 ADNs de transformación diferente o vectores), o mediante el cruce de una planta que comprende el primer transgén con una planta que comprende el segundo transgén, como es bien conocido en la técnica.

Un método de transformación con el fin de obtener plantas, partes de planta o semillas que son tolerantes a 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales por contener uno o más genes quiméricos (I) que comprende una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos, que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus sp.*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13, (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente mutantes como se describen en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprenden más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435),

más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas* (=Comamonas) *testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37), que comprenden el bombardeo de células, protoplastos o tejidos con partículas sólidas o líquidas a los que el ADN está vinculado, o que contienen ADN. Otro método de transformación comprende el uso de, como medio de transferencia en la planta, un gen quimérico que es insertado en un plásmido de *Agrobacterium tumefaciens* Ti o un plásmido de *Agrobacterium rhizogenes* Ri. Pueden usarse otros métodos, tales como micro inyección o electroporación o de otro modo transferencia de gen directo usando PEG. La persona experta puede seleccionar cualquier método apropiado para transformar el organismo anfitrión de elección, en particular la célula de planta o la planta. Como ejemplos, la tecnología para transformación de soja ha sido descrita extensamente en los ejemplos 1 a 3 divulgados en el documento EP 1186666 A1, incorporado aquí como referencia. Para el arroz pudo realizarse, transformación de mediada por *Agrobacterium* (Hiei et al., 1994 Plant J 6:271-282, y Hiei et al., 1997 Plant Mol Biol. 35:205-21, incorporado aquí por referencia), electroporación (US 5,641,664 y US 5,679,558, incorporados aquí por referencia), o bombardeo (Christou et al., 1991, Biotechnology 9:957 incorporado aquí por referencia). Una tecnología adecuada para transformación de plantas monocotiledóneas, y particularmente arroz, es descrita en el documento WO 92/09696, incorporado aquí por referencia. Para el algodón han sido descritos, transformación mediada por *Agrobacterium* (Gould J.H. y Magallanes-Cedeno M., 1998 Plant Molecular Biology reporter, 16:1-10 y Zapata C., 1999, Theoretical Applied Genetics, 98(2):1432-2242 incorporados aquí por referencia), polybrene y/o transformación mediada por tratamiento

(Sawahel W.A., 2001, - Plant Molecular Biology reporter, 19:377a-377f, incorporado aquí por referencia).

Alternativamente, pueden usarse 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales en plantas, partes de planta, o semillas de planta que contienen uno o más genes quiméricos (I) que comprende una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus* sp., que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus* sp. (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus* sp. (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13, (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente mutantes como se describen en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprenden más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento

PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37), cuya HPPD es expresada directamente en los plástidos, tal como el genoma de cloroplasto. Un método adecuado que comprende el bombardeo de células de planta o tejido por partículas sólidas recubiertas con el ADN o partículas líquidas que comprende el ADN, e integración del gen introducido por recombinación homóloga. Los vectores adecuados y sistemas de selección son conocidos por la persona experta en la técnica. Un ejemplo de medios y métodos que pueden ser usados para tal integración en el genoma del cloroplasto de plantas de tabaco son dados en el documento WO 06/108830, el contenido del cual es incorporado aquí como referencia.

La presente invención también se refiere al método para obtener una planta tolerante a 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales, caracterizado porque la planta se transforma con uno o más genes quiméricos (I) que comprende una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa* , que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus sp.*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13 , (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de

ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente mutantes como se describen en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprenden más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) ->

Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37).

Por lo tanto, la presente invención también se refiere a un método para obtener una planta tolerante a 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales que contienen uno o más genes quiméricos (I) que comprende una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro del grupo de organismos que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus sp.*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13, (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente mutantes como se describen en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprenden más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la

posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37), que comprende una secuencia que codifica tan bien como un elemento regulatorio heterólogo en las posiciones 5' y opcionalmente en la 3', que son capaces de funcionar en un organismo huésped, caracterizada en que la secuencia que codifica comprende al menos una secuencia de ácido nucleico que define un gen que codifica una HPPD de la invención como fue descrita previamente con el fin de desempeñar un nivel suficientemente alto de tolerancia a 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales.

En una realización de esta invención, el inhibidor de HPPD en el método anterior es el 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales ya sean solas o en combinación con uno o más de herbicidas inhibidores de HPPD seleccionados del grupo que consiste en tricetona o herbicida de pirazolinato, preferiblemente tembotriona, mesotriona, biciclopirona, tefuriltriona, pirasulfotole, pirazolato, dicetonitrilo, benzofenap, o sulcotriona, particularmente tembotriona.

La invención también se refiere a un método para remover selectivamente malezas o prevenir la germinación de malezas en un campo para ser plantado con plantas o para ser sembrado con semillas, o en un cultivo de planta, por aplicación de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales a dicho campo o cultivo de planta, cuyo método es caracterizado en el que el 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales son aplicados a plantas que han sido transformadas de acuerdo con uno o más genes quiméricos (I) que comprende una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa* , que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus* sp., que comprende más

preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro03041

5 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13 , (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14

10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente

15 mutantes como se describen en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprenden más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una

20 secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un

25 reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un

30 reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas*

35 (*=Comamonas*) *testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de

40 E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de

45 ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la

50 posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento

PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37), (ya sea antes de la siembra de cultivo (en lo sucesivo llamado aplicación antes de la siembra), antes de la emergencia del cultivo (en lo sucesivo llamado aplicación antes de la emergencia), o después de la emergencia del cultivo (en lo sucesivo llamado aplicación después de la emergencia).

La invención también se refiere a un método para controlar en un área o un campo que contiene semillas transformadas como se ha descrito previamente en la presente invención, cuyo método que comprende aplicar, a dicha área del campo, una dosis de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales, la cual es tóxica para dichas malezas, sin afectar significativamente las semillas o plantas que contienen uno o más genes quiméricos (I) que comprenden una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa* , que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus sp.*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13 , (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente mutantes como se describen en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprenden más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S

(Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37).

La presente invención también se refiere a un método para cultivar las plantas que han sido transformadas con uno o más genes quiméricos (I) que comprende una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos, que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa* , que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus sp.*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende

más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus* sp. (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus* sp. (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13 , (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente mutantes como se describen en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprenden más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de

- ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37), cuyo método comprende la plantación de semillas que comprenden un gen quimérico de los anteriores, en un área de un campo que es apropiado para cultivar dichas plantas, y en aplicación, si la maleza está presente, de una dosificación, que es tóxica para las malezas, de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales a dicha área de dicho campo, sin afectar significativamente dichas semillas transformadas o dichas plantas transformadas, y a continuación recogiendo las plantas cultivadas o partes de planta cuando ellas alcanzan el estado deseado de maduración y, donde corresponda, en separar las semillas de las plantas cosechadas .
- En los métodos anteriores, pueden ser aplicados 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales de acuerdo con la invención, ya sea antes de la siembra del cultivo, antes de que el cultivo emerja o después de que el cultivo emerja.
- En el sentido de la presente invención, se entiende que "herbicida" es una sustancia con actividad herbicida por si misma o como una sustancia que es combinada con un aditivo que altera su eficacia, tal como, por ejemplo, un agente que incrementa su actividad (un agente sinérgico) o el cual limita su actividad (un agente protector). Por supuesto, es de entenderse que, para su aplicación en la práctica, los herbicidas anteriores están combinados, en una forma que es conocida per se, con los adyuvantes de formulación que son empleados habitualmente en química agrícola.
- En consecuencia, pueden obtenerse plantas transgénicas que - en adición a uno o más genes quiméricos (I) que comprende una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos, que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa* , que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus sp.*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13 , (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente mutantes como se describen en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO

2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprenden más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37) - tienen propiedades modificadas como resultado de sobreexpresión,

supresión o inhibición de genes homólogos (= naturales) o secuencias de genes o expresión de genes heterólogos (= extranjeros) o secuencias de genes.

En las plantas, células de plantas o semillas que contienen uno o más genes quiméricos (I) que comprende una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos, que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus sp.*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13, (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente mutantes como se describen en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprenden más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de

HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37), se prefiere emplear 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales en combinación con uno o más herbicidas inhibidores de HPPD adicionales que pertenecen a la clase de tricetonas, tales como tembotriona, sulcotriona y mesotriona, o de la clase de pirazolinatos, tal como pirasulfotole y topamezona, particularmente seleccionada de tembotriona, sulcotriona, topamezona, biciclopirona, tefuriltriona y mesotriona, más particularmente tembotriona en cultivos transgénicos que también son resistentes a los reguladores de crecimiento tales como, por ejemplo, 2,4-D o dicamba, o contra herbicidas que inhiben enzimas de plantas esenciales, por ejemplo acetolactato sintasas (ALS), EPSP sintasas, glutamina sintetisas (GS), Acetil-coenzima A carboxilasa (ACCase), o contra herbicidas del grupo de inhibidores de ALS, glifosato, glufosinata, inhibidores de ACCase y sustancias activas análogas.

Por lo tanto la invención también se refiere al uso de herbicidas aplicados a HPPD de plantas tolerantes que contienen uno o más genes quiméricos (I) que comprenden una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa* , que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus* sp., que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus* sp. (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus* sp. (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13 , (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica

HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente mutantes como se describen en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprenden más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-

EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37), para controlar plantas dañinas (es decir malezas) que también se extienden a plantas de cultivo transgénico que comprenden una segunda o más resistencias a herbicidas, además de la resistencia contra 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales.

Se pueden formular 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)-benzamida o sus sales en diferentes formas, que dependen de los parámetros biológicos y/o fisicoquímicos prevalentes. Son ejemplos de posibles formulaciones: polvos que se pueden humectar (WP), polvos solubles en agua (SP), concentrados solubles en agua, concentrados que pueden formar emulsión (EC), emulsiones (EW), tales como emulsiones aceite en agua y agua en aceite, soluciones que se pueden atomizar, concentrados en suspensión (SC), dispersiones en base aceite o agua, soluciones miscibles en aceite, suspensiones en cápsula (CS), polvos (DP), productos para desinfección de semillas, gránulos para aplicación por difusión y en el suelo, gránulos (GR) en la forma de microgránulos, gránulos que se pueden atomizar, gránulos recubiertos y gránulos de adsorción, gránulos dispersables en agua (WG), gránulos solubles en agua (SG), formulaciones ULV, microcápsulas y ceras.

Estos tipos individuales de formulaciones son conocidos en principio y son descritos, por ejemplo, en: Winnacker Küchler, "Chemische Technologie" [Chemical technology], volumen 7, C. Hanser Verlag Munich, 4ta Ed. 1986; Wade van Valkenburg, "Pesticide Formulations", Marcel Dekker, N.Y., 1973; K. Martens, "Spray Drying" Handbook, 3ra Ed. 1979, G. Goodwin Ltd. Londres

Las auxiliares de formulación requeridos tales como materiales inertes, surfactantes, solventes y aditivos adicionales, también son conocidos y son descritos, por ejemplo, en: Watkins, "Handbook of Insecticide Dust Diluents and Carriers", 2da Ed., Darland Books, Caldwell N.J., H.v. Olphen, "Introduction to Clay Colloid Chemistry", 2da Ed., J. Wiley & Sons, N.Y.; C. Marsden, "Solvents Guide", 2da Ed., Interscience, N.Y. 1963; McCutcheon's "Detergents and Emulsifiers Annual", MC Publ. Corp., Ridgewood N.J.; Sisley y Wood, "Encyclopedia of Surface Active Agents", Chem. Publ. Co. Inc., N.Y. 1964; Schönfeldt, "Grenzflächenaktive Äthylenoxidaddukte" [Interface-active ethylene oxide adducts], Wiss. Verlagsgesell., Stuttgart 1976; Winnacker Küchler, "Chemische Technologie" [Chemical technology], volumen 7, C. Hanser Verlag Munich, 4ta Ed. 1986.

Sobre la base de estas formulaciones, también es posible preparar combinaciones con otras sustancias activas de pesticidas tales como, por ejemplo, insecticidas, acaricidas, herbicidas, fungicidas, y con protectores, fertilizantes y/o reguladores de crecimiento, por ejemplo en la forma de una mezcla lista o una mezcla de depósito.

Los polvos que se pueden humectar son preparaciones que están dispersadas uniformemente en agua y que, además de la sustancia activa, también comprenden surfactantes iónicos y/o no iónicos (humectantes, dispersantes), por ejemplo alquilfenoles con varios grupos oxietilo, alcoholes grasos con varios grupos oxietilo, aminas grasas con varios grupos oxietilo, éter sulfatos de alcohol graso poliglicol, alcanosulfonatos, alquilbencenosulfonatos, lignosulfonato de sodio, 2,2'-dinaftilmetano-6,6'-disulfonato de sodio, dibutilnaftalensulfonato de sodio o además oleoilmetilaurinato de sodio, además de un diluyente o sustancia inerte. Para preparar los polvos que se pueden humectar, se muelen finamente las sustancias activas herbicidas, por ejemplo en dispositivos habituales tales como molinos de martillo, molinos de soplate y molinos de chorro de aire, y mezclados con las formulaciones auxiliares, ya sea simultáneamente o subsecuentemente.

Los concentrados que se pueden emulsificar son preparados al disolver la sustancia activa en un solvente orgánico, por ejemplo butanol, ciclohexanona, dimetilformamida, xileno o también compuestos aromáticos con punto de ebullición más alto o hidrocarburos o mezclas de los

- solventes orgánicos con adiciones de uno o más surfactantes iónicos y/o no iónicos (emulsificantes). Los ejemplos de emulsificantes que pueden ser usados son: alquilarilsulfonatos de calcio tales como dodecilbencenosulfonato de calcio, o emulsificantes no iónicos tales como ésteres de ácidos grasos y poliglicol, éteres de alquilarilpoliglicol, éteres de alcoholes grasos de poliglicol, condensados de óxido de propileno/óxido de etileno, poliéteres de alquilo, ésteres de sorbitano tales como, por ejemplo, ésteres de ácidos grasos de sorbitano o ésteres de polioxietilensorbitano tales como, por ejemplo, ésteres de ácidos grasos de polioxietilensorbitano.
- Los polvos son obtenidos mediante molienda de la sustancia activa con materiales sólidos divididos finamente tales como, por ejemplo, talco, arcillas naturales tales como caolín, bentonita y pirofilita, o tierra de diatomeas.
- Los concentrados de suspensión pueden ser en base agua o aceite. Ellos pueden ser reparados por ejemplo por molienda en húmedo por medio de molinos de perlas disponibles comercialmente, si es apropiado con adición de surfactantes como ya se ha mencionado anteriormente, por ejemplo en el caso de los otros tipos de formulaciones.
- Emulsiones, por ejemplo emulsiones aceite en agua (EW), pueden ser preparadas por ejemplo mediante agitadores, molinos coloidales y/o mezcladores estáticos que usan solventes orgánicos acuosos y, si es apropiado, surfactantes, como ya ha sido mencionado, por ejemplo para los otros tipos de formulaciones.
- Los gránulos pueden ser preparados ya sea al atomizar la sustancia activa sobre un absorbente, material inerte granulado, o al aplicar concentrados de sustancia activa a la superficie de vehículos tales como arena, caolinitas o material inerte granulado con la ayuda de adhesivos, por ejemplo polivinil alcohol, poliacrilato de sodio o demás aceites minerales. Las sustancias activas adecuadas también pueden ser granuladas en la forma que se acostumbra para la producción de gránulos de fertilizantes, si se desea como una mezcla con fertilizantes.
- Los gránulos que pueden dispersarse en agua son preparados de manera general por métodos habituales tales como secado por atomización, formación de gránulos en lecho fluido, formación de gránulos en disco, mezcla con agitadores de alta velocidad, y extrusión sin material inerte sólido.
- Para preparar gránulos en disco, gránulos en lecho fluido, gránulos de extrusor, gránulos por atomización, véase, por ejemplo, métodos en "Spray-Drying Handbook" 3ra ed. 1979, G. Goodwin Ltd., Londres; J.E. Browning, "Agglomeration", Chemical y Engineering 1967, paginas 147 siguientes; "Perry's Chemical Engineer's Handbook", 5ta Ed., McGraw-Hill, Nueva York 1973, p. 8-57.
- Para detalles adicionales de la formulación de productos de protección de cultivo véase, por ejemplo, G.C. Klingman, "Weed Control as a Science", John Wiley y Sons, Inc., Nueva York, 1961, pagina 81-96 y J.D. Freyer, S.A. Evans, "Weed Control Handbook", 5ta Ed., Blackwell Scientific Publications, Oxford, 1968, paginas 101-103.
- Como una regla, las preparaciones agroquímicas comprenden de 0.1 a 99% en peso, en particular de 0.1 a 95% en peso, de compuestos de acuerdo con la invención. En los polvos que se pueden humectar, la concentración de sustancia activa es, por ejemplo, de aproximadamente 10 a 90% en peso, el sobrante hasta 100% en peso está compuesto por los constituyentes usuales de formulación. En el caso de concentrados que pueden formar emulsión, la concentración de sustancia activa puede equivaler a aproximadamente 1 a 90, preferiblemente 5 a 80% en peso. Las formulaciones en forma de polvos comprenden de 1 a 30% en peso de la sustancia activa, preferiblemente la mayoría de los casos de 5 a 20% en peso de la sustancia activa, y soluciones que se pueden atomizar comprenden aproximadamente de 0.05 a 80, preferiblemente de 2 a 50% en peso de la sustancia activa. En el caso de gránulos que se

pueden dispersar en agua, el contenido de la sustancia activa depende en parte de sí el compuesto activo está en forma líquida o sólida, y en los agentes auxiliares de formación de gránulos, relleno y similares que son usados. En el caso de gránulos que se pueden dispersar en agua, por ejemplo, el contenido de sustancia activa está entre 1 y 95% en peso, preferiblemente entre 10 y 80% en peso.

Adicionalmente, las formulaciones de sustancias activas mencionadas comprenden, si es apropiado, los auxiliares que son convencionales en cada caso, tales como adhesivos, humectantes, dispersantes, emulsificantes, agentes de penetración, conservantes, agentes anticongelantes, disolventes, materiales de relleno, soportes, colorantes, antiespumantes, inhibidores de la evaporación, y reguladores de pH y viscosidad.

Basado en estas formulaciones, también es posible preparar combinaciones de un herbicida inhibidor de HPPD de la clase de tricetonas, tales como tembotriona, sulcotriona y mesotriona, o de la clase de pirazolinatos, tales como pirasulfotole y topramezona, particularmente seleccionado de tembotriona, sulcotriona, topramezona, biciclopirona, tefuriltriona y mesotriona, más particularmente tembotriona con otras sustancias con actividad pesticida tales como, por ejemplo, insecticidas, acaricidas, herbicidas, fungicidas, y con protectores como fertilizantes y/o reguladores de crecimiento, por ejemplo para aplicar en la forma de una mezcla lista o mezcla de tanque a plantas tolerantes de HPPD de acuerdo con la invención.

Ejemplos de formulación

a) Se obtiene un polvo al mezclar 10 partes en peso de un compuesto de la fórmula (I) y/o una sal del mismo y 90 partes en peso de talco como sustancia inerte y triturando la mezcla en un molino de martillo.

b) Se obtiene un polvo que puede humectarse, que puede dispersarse fácilmente en agua, mezclando 25 partes en peso de un compuesto de la fórmula (I) y/o una sal del mismo, 64 partes en peso de cuarzo que contiene caolín como sustancia inerte, 10 partes en peso de lignosulfonato de potasio y 1 parte en peso de oleoilmetiltaurinato de sodio como agente que moja y dispersante, y moliendo la mezcla en un molino de disco de púas.

c) Se obtiene un concentrado para dispersión que puede dispersarse fácilmente en agua, mezclando 20 partes en peso de un compuesto de la fórmula (I) y/o una sal del mismo con seis partes en peso de alquilfenol poliglicol éter (®Triton X 207), 3 partes en peso de isotridecanol poliglicol éter (8 EO) y 71 partes en peso de aceite mineral parafínico (intervalo de ebullición por ejemplo de aproximadamente 255 hasta 277°C) y molienda de la mezcla en un molino de bola a una finura de por debajo de 5 micras.

d) Se obtiene un concentrado que se puede emulsificar de 15 partes en peso de un compuesto de la fórmula (I) y/o una sal del mismo, 75 partes en peso de ciclohexanona como solvente y como emulsificante, 10 partes en peso de nonilfenol con grupo oxietilo.

e) Se obtienen gránulos que se pueden dispersar en agua mezclando

75 partes en peso de un compuesto de la fórmula (I) y/o una sal del mismo,

10 partes en peso de lignosulfonato de calcio,

5 partes en peso de lauril sulfato de sodio,

3 partes en peso de polivinil alcohol y

7 partes en peso de caolín,

moliendo la mezcla en un molino de disco de púas, y formando gránulos con el polvo en un lecho fluido por atomización en agua como líquido de formación de gránulos.

f) los gránulos que se pueden dispersar en agua también son obtenidos por homogenización y trituración previa, en un molino coloidal.

5 25 partes en peso de un compuesto de la fórmula (I) y/o una sal del mismo,

5 partes en peso de 2,2'-dinaftilmetano-6,6'-disulfonato de sodio,

2 partes en peso de oleoilmetiltaurinato de sodio,

1 una parte en peso de polivinilo alcohol,

17 partes en peso de carbonato de calcio y

10 50 partes en peso de agua,

molienda subsiguiente de la mezcla en un molino de perlas y atomización y secado de la suspensión resultante en una torre de atomización por medio de una boquilla de una sola sustancia.

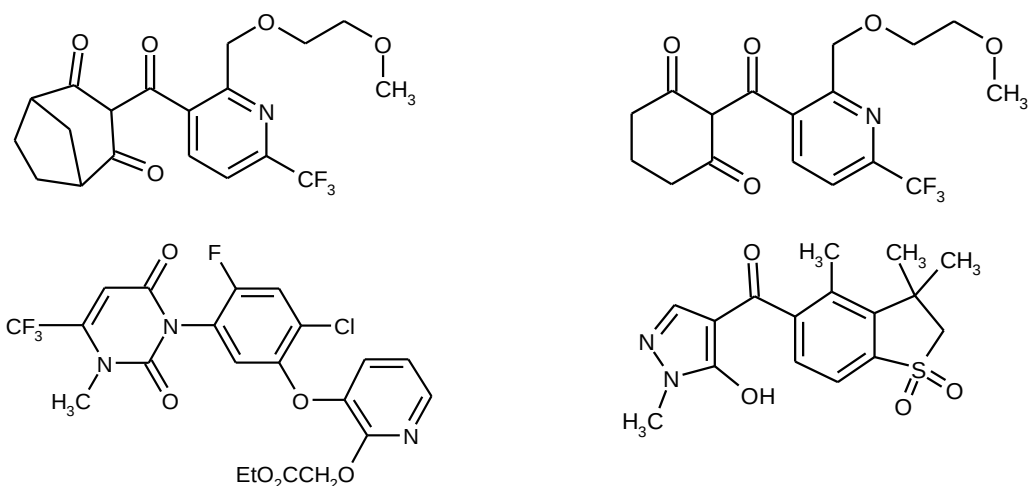
15 Un aspecto adicional de la presente invención es el uso de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales a plantas tolerantes de HPPD que contienen uno o más genes quiméricos (I) que comprende una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos, que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, 20 (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus sp.*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más 25 preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 30 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13, (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas 35 de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente mutantes como se describen en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprenden más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos 40 de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento 45 PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la

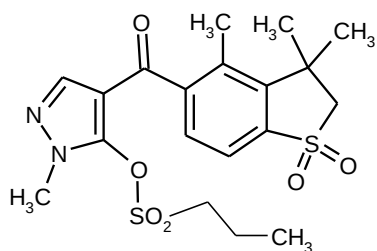
posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37), en combinación con un herbicida inhibidor adicional de HPPD que pertenece a la clase de tricetonas, tales como tembotriona, sulcotriona y mesotriona, o que pertenece la clase de pirazolinatos, tales como pirasulfotole y topamezone, particularmente seleccionado de tembotriona, sulcotriona, topamezone, biciclopirona, tefuriltriona y mesotriona, más particularmente tembotriona en formulaciones mixtas o en la mezcla de tanque, y/o con sustancias activas conocidas adicionales que están basadas en la ignición de, por ejemplo, acetolactato sintasa, acetil-CoA carboxilasa, celulosa sintasa, enolpiruvilshikimato-3-fosfato sintasa, glutamina sintetasa, p-hidroxifenilpiruvato dioxigenasa, fitoeno desaturasa, fotosistema I, fotosistema II, protoporfirinogen oxidasa, como son descritos en, por ejemplo, Weed Research 26 (1986) 441-445 o "The Pesticide Manual", 14va edición, The British Crop Protection Council y the Royal Soc. of Chemistry, 2003 y la literatura citada aquí. Herbicidas o reguladores de crecimiento de planta conocidos que pueden ser combinados con compuestos de acuerdo con la

invención son, por ejemplo, las siguientes sustancias activas (los compuestos son o bien designados por el nombre común de acuerdo a la International Organization for Standardization (ISO) o por un nombre químico, en caso de ser apropiado junto con el número de código) y siempre comprende todas las formas de uso tales como ácidos, sales, ésteres e isómeros tales como estereoisómeros e isómeros ópticos. En este contexto, uno y en algunos casos también varias formas de uso son mencionadas a modo de ejemplo:

acetoclor, acibenzolar, acibenzolar-S-metilo, acifluorfen, acifluorfen de sodio, aclonifen, alaclor, allidoclor, alloxidim, alloxidim de sodio, ametryne, amicarbazona, amidoclor, amidosulfuron, aminociclopiraclor, aminopirialid, amitrole, sulfamato de amonio, ancymidol, anilofos, asulam, atrazine, azafenidin, azimsulfuron, aziprotryne, BAH-043, BAS-140H, BAS-693H, BAS-714H, BAS-762H, BAS-776H, BAS-800H, beflubutamid, benazolin, benazolin-etilo, bencarbazona, benfluralin, benfuresato, bensulide, bensulfuron-metilo, bentazone, benzfendizone, benzobiciclon, benzofenap, benzofluor, benzoilprop, bifenox, bilanafos, bilanafos de sodio, bispiribac, bispiribac sódico, bromacilo, bromobutide, bromofenoxim, bromoxinilo, bromuron, buminafos, busoxinone, butaclor, butafenacilo, butamifos, butenaclor, butralin, butoxidim, butilato, cafenstrole, carbetamida, carfentrazone, carfentrazone-etilo, chlometoxifen, cloramben, clorazifop, clorazifop-butilo, clorbromuron, clorbufam, clorfenac, clorfenac de sodio, clorfenprop, clorflurenol, clorflurenol-metilo, cloridazon, clorimuron, clorimuron-etilo, cloruro de clormequat, clornitrofen, cloroftalim, clorthal-dimetilo, clorotoluron, clorsulfuron, cinidon, cinidon-etilo, cinmetilin, cinosulfuron, clethodim, clodinafop clodinafop-propargilo, clofencet, clomazone, clomeprop, cloprop, clopiralid, cloransulam, cloransulam-metilo, cumiluron, cianamida, cianazine, ciclanilida, cicloato, ciclosulfamuron, cicloxidim, cycluron, cyhalofop, cyhalofop-butilo, cyperquat, cyprazine, cyprazol, 2,4-D, 2,4-DB, daimuron/dymron, dalapon, daminozide, dazomet, n-decanol, desmedipham, desmetryn, detosil-pirazolato (DTP), di-allato, dicamba, dichlobenilo, diclorprop, diclorprop-P, diclofop, diclofop-metilo, diclofop-P-metilo, diclosulam, dietatilo, dietatil-etilo, difenoxuron, difenzoquat, diflufenican, diflufenzopir, diflufenzopir de sodio, dimefuron, dikegulac de sodio, dimefuron, dimepiperato, dimetaclor, dimetametryn, dimethenamid, dimethenamid-P, dimetipin, dimetrasulfuron, dinitramine, dinoseb, dinoterb, diphenamid, dipropetryn, diquat, diquat-dibromide, dithiopir, diuron, DNOC, eglinazone-etilo, endothal, EPTC, esprocarb, etalfluralin, etametsulfuron-metilo, ethephon, etidimuron, etiozin, ethofumesato, etoxifen, etoxifen-etilo, etoxisulfuron, etobenzanid, F-5331, es decir N-[2-cloro-4-fluoro-5-[4-(3-fluoro-propil)-4,5-dihidro-5-oxo-1H-tetrazol-1-il]-fenil]etanosulfonamida, fenoprop, fenoxaprop, fenoxaprop-P, fenoxaprop-etilo, fenoxaprop-P-etilo, fentrazamida, fenuron, flamprop, flamprop-M-isopropilo, flamprop-M-metilo, flazasulfuron, florasulam, fluazifop, fluazifop-P, fluazifop-butilo, fluazifop-P-butilo, fluazolato, flucarbazona, flucarbazona de sodio, flucetosulfuron, flucloralin, flufenacet (thiafluamida), flufenpir, flufenpir-etilo, flumetralin, flumetsulam, flumiclorac, flumiclorac-pentilo, flumioxazin, flumipropyn, fluometuron, fluorodifen, fluoroglycofen, fluoroglycofen-etilo, flupoxam, flupropacilo, flupropanato, flupirsulfuron, flupirsulfuron-metilo de sodio, flurenol, flurenol-butilo, fluridone, fluorocloridone, fluoxipir, fluoxipir-meptilo, flurprimidol, flurtamone, fluthiacet, fluthiacet-metilo, fluthiamida, fomesafen, foramsulfuron, forclorfenuron, fosamine, furiloxifen, gibberellic acid, glufosinato, L-glufosinato, L-glufosinato de amonio, glufosinato de amonio, glifosato, glifosato de isopropilamonio, H-9201, halosafen, halosulfuron, halosulfuron-metilo, haloxifop, haloxifop-P, haloxifop-etoxietilo, haloxifop-P-etoxietilo, haloxifop-metilo, haloxifop-P-metilo, hexazinone, HNPC-9908, HOK-201, HW-02, imazametabenz, imazametabenz-metilo, imazamox, imazapic, imazapir, imazaquin, imazetapir, imazosulfuron, inabenfide, indanofan, indoleacético acid (IAA), 4-indol-3-ilbutyric acid (IBA), yodosulfuron, yodosulfuron-metilo de sodio, ioxinilo, isocarbamid, isopropalin, isoproturon, isouron, isoxaben, isoxaclortole, isoxaflutole, isoxapirifop, KUH-043, KUH-071, karbutilato, ketospiradox, lactofen, lenacilo, linuron, hidracida de ácido maleico, MCPA, MCPB, MCPB-metilo, -etilo de sodio, mecoprop, mecoprop de sodio, mecoprop-butotilo, mecoprop-P-butotilo, mecoprop-P-dimetilamonio, mecoprop-P-2-etilhexilo, mecoprop-P de potasio, mefenacet, mefluidide, cloruro de mepiquat, mesosulfuron, mesosulfuron-metilo, metabenzthiazuron, metam, metamifop, metamitron, metazaclor, metazol, metoxiphenone, metildymron, 1-metilciclopropene, metilo isotiocianato, metobenzuron, metobenzuron,

metobromuron, metolaclor, S-metolaclor, metosulam, metoxuron, metribuzin, metsulfuron, metsulfuron-metilo, molinato, monalide, monocarbamida, monocarbamida dihidrógenoosulfato, monolinuron, monosulfuron, monuron, MT 128, MT-5950, i.e. N-[3-cloro-4-(1-metiletil)-fenil]-2-metilpentanamida, NGGC-011, naproanilide, napropamida, naptalam, NC-310, i.e. 4-(2,4-diclorobenzoi)-1-metil-5-benciloxipirazol, neburon, nicosulfuron, nipiraclofen, nitralin, nitrofen, nitrofenolato de sodio (mezcla de isómeros), nitrofluorfen, ácido nonanoico, norflurazon, orbencarb, orthosulfamuron, oryzalin, oxadiargilo, oxadiazon, oxasulfuron, oxaziclomefone, oxifluorfen, paclobutrazol, paraquat, dicloruro de paraquat, ácido pelargónico (ácido nonanoico), pendimetalin, pendralin, penoxsulam, pentanoclor, pentoxazone, perfluidone, pethoxamid, phenisopham, phenmedipham, phenmedipham-etilo, picloram, picolinafen, pinoxaden, piperophos, pirifenop, pirifenop-butilo, pretilaclor, primisulfuron, primisulfuron-metilo, probenazol, profluaol, procyzazine, prodiamine, prifluraline, profoxidim, prohexadione, prohexadiona de calcio, prohidrojasmane, prometon, prometryn, propaclor, propanilo, propaquizafop, propazine, propham, propisoclor, propoxicarbazona, propoxicarbazona de sodio, propyzamida, prosulfalin, prosulfocarb, prosulfuron, prynaclor, piraclonilo, piraflufen, piraflufen-etilo, pirazolynato (pirazolato), pirazosulfuron-etilo, pirazoxifen, piribambenz, piribambenz-isopropilo, piribenzoxim, piributicarb, piridafol, piridato, piriftalid, piriminobac, piriminobac-metilo, pirimisulfan, pirithiobac, pirithiobac de sodio, piroxasulfone, piroxsulam, quinclorac, quinmerac, quinoxamine, quizalofop, quizalofop-etilo, quizalofop-P, quizalofop-P-etilo, quizalofop-P-tefurilo, rimsulfuron, saflufenacilo, sebumeton, setoxidim, siduron, simazine, simetryn, SN-106279, sulf-allato (CDEC), sulfentrazone, sulfometuron, sulfometuron-metilo, sulfosato (glifosato-trimesium), sulfosulfuron, SYN-523, SYP-249, SYP-298, SYP-300, tebutam, tebuthiuron, tecnazene, tepraloxidim, terbacilo, terbucarb, terbutclor, terbumeton, terbuthilazine, terbutryne, TH-547, thenilclor, thiafluamida, thiazafluron, thiazopir, thidiazimin, thidiazuron, tiencarbazona, tiencarbazona-metilo, thifensulfuron, thifensulfuron-metilo, thiobencarb, tiocarbazilo, tralcoxidim, tri-allato, triasulfuron, triaziflam, triazofenamida, tribenuron, tribenuron-metilo, ácido tricloroacético (TCA), triclopir, tridiphane, trietazine, trifloxisulfuron, trifloxisulfuron de sodio, trifluralin, triflusulfuron, triflusulfuron-metilo, trimeturon, trinexapac, trinexapac-etilo, tritosulfuron, tsitodef, uniconazol, uniconazol-P, vernolato, ZJ-0166, ZJ-0270, ZJ-0543, ZJ-0862 y los siguientes compuestos





Composiciones de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales y uno o más de los compuestos mencionados anteriormente aún no se conocen en la técnica.

- 5 Por lo tanto, un objetivo adicional de la presente invención son composiciones que comprenden 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales (componente (A)) y uno o más, preferiblemente uno, componentes (B) seleccionados de los subgrupos B1 a B11, con:

B1 que consiste en compuestos 1,3-diceto, que comprenden

- 10 prohexadiona, prohexadione de calcio, trinexapac-ethy,

alloxidim, alloxidim de sodio, butroxidim, clethodim, cicloxidim, ketospiradox, profoxidim, setoxidim, tepraloxidim, tralcoxidim,

mesotriona, sulcotriona, tefuriltriona, tembotriona, biciclopirona, fenquinotriona, SL-261,

pinoxaden,

- 15 B2 que consiste en sulfon (amidas), que comprenden

beflubutamida, bromobutide, dimethenamida, dimethenamida-P, diphenamida, napropamida, pethoxamid, N-[3-cloro-4-(1-metiletil)-fenil]-2-metilpentanamida,

naptalam, propyzamida,

- 20 diflufenican, etobenzanid, flufenacet, mefenacet, mefluidide, pentanoclor, picolinafen, propanil, ácido N-fenilftalámico,

acetoclor, alaclor, amidoclor, butaclor, butenaclor, dimetaclor, metazaclor, metolaclor, S-metolaclor, pretilaclor, propaclor, propisoclor, (2-cloro-6'-etil-N-isopropoximetilaceto-o-toluidide), thenilclor,

asulam, carbaril, carbetamida, clorpropham, desmedipham, phenmedipham, propham,

- 25 butilato, cicloato, dimepiperato, EPTC, esprocarb, metasulfocarb, molinato, orbencarb, pebulato, prosulfocarb, piributicarb, thiobencarb, tri-allato, vernolato,

- 30 amidosulfurona, azimsulfurona, bensulfurona, bensulfurona-metilo, clorimuron, clorimuron-etilo, clorsulfurona, cinosulfurona, ciclosulfamuron, etametsulfurona, etametsulfurona-metilo, etoxisulfurona, flazasulfurona, flucetosulfurona, flupirsulfurona-metilo de sodio, foramsulfurona, halosulfurona-metilo, imazosulfurona, yodosulfurona, yodosulfurona-metilo de sodio, mesosulfurona, mesosulfurona-metilo, metazosulfurona, metiopirsulfurona, metsulfurona, metsulfurona-metilo, monosulfurona, monosulfurona-éster, nicosulfurona, orthosulfamuron, oxasulfurona, primisulfurona-metilo, propirisulfurona, prosulfurona, pirasulfurona, pirazosulfurona-etilo, rimsulfurona, sulfometuron, sulfometuron-metilo, sulfosulfurona, thifensulfurona,

- thifensulfurona-metilo, triasulfurona, tribenuron, tribenuron-metilo, trifloxisulfurona, trifloxisulfurona (sodio), triflusulfurona, triflusulfurona-metilo, tritosulfurona, (benzoic acid, 2-[[[[[4-metoxi-6-(metiltio)-2-pirimidinil]amino]carbonil]amino]sulfonil]metilo éster),
- 5 flucarbazona, flucarbazona de sodio, ipfencarbazona, propoxicarbazona, propoxicarbazona de sodio, tiencarbazona, tiencarbazona-metil,
- cloransulam, cloransulam-metil, diclosulam, florasulam, flumetsulam, metosulam, penoxsulam, piroxsulam,
- 3-cloro-N-[(4,6-dimetoxipirimidin-2-il)carbamoil]-1-metil-4-(5-metil-5,6-dihidro-1,4,2-dioxazin-3-il)-1H-pirazol-5-sulfonamida,
- 10 B3 que consisten en arilnitrilos, que comprenden
- bromoxinil, bromoxinil-butilato, bromoxinilo de potasio, bromoxinil-heptanoato, bromoxinil-octanoato, detosil-pirazolato (DTP), dichlobenil, ioxinil, ioxinil-octanoato, ioxinilo de potasio, ioxinilo de sodio, piraclonil,
- B4 que consiste en azoles, que comprenden
- 15 benzofenap, pirazolynato (pirazolato), pirazoxifen, piroxasulfone, topramezone, pirasulfotole, tolpiralato, 3-(3-cloro-5-[[1-metil-3-(trifluorometil)-1H-pirazol-5-il]oxi]fenoxi)-1-metil-5-(trifluorometil)-1H-pirazol, 3-(3-yodo-5-[[1-metil-3-(trifluorometil)-1H-pirazol-5-il]oxi]fenoxi)-1-metil-5-(trifluorometil)-1H-pirazol, 1-etil-3-(3-fluoro-5-[[1-metil-3-(trifluorometil)-1H-pirazol-5-il]oxi]fenoxi)-5-(trifluorometil)-1H-pirazol,
- 20 piraflufen, piraflufen-etilo, fenoxasulfone, fluazolato,
- isouron, isoxaben, isoxaflutole,
- imazametabenz, imazametabenz-metilo, imazapic, imazapic-amonio, imazapir,
- imazapir-isopropil-amonio, imazaquin, imazaquin-amonio, imazetapir, imazetapir de amonio
- azafenidin, metazol, oxadiargilo, oxadiazon,
- 25 amicarbazona, bencarbazona, carfentrazone, carfentrazone-etilo, sulfentrazone,
- amitrole, paclobutrazol, uniconazol, uniconazol-P, cafenstrole,
- fentrazamida,
- B5 que consiste en otros herbicidas, que comprenden
- 30 allidoclor, aminociclopiraclor, aminociclopiraclor de potasio, aminociclopiraclor-metilo, ácido N-acetiltiazolidin-4-carboxílico, acroleína, aminopiridil, pelargonato de amonio, sulfamato de amonio, aviglicine, benazolin, benazolin-etilo, benfluralin, benfuresato, bentazone, benzobiclon, 6-bencilaminopurine, bórax, brassinolide, bromofenoxim, butralin, carvone, catochin, clorfenac, clorfenac de sodio, clorfenprop, clorflurenol, clorflurenol de metilo, cloridazon, cloruro de clormequat, ácido cloroacético, clorftalim, clorthal-dimetilo, cinidon, cinidon-etilo, cinmetilin,
- 35 clofencet, clomazone, cloxifonac, cianamida, ciclanilida, ciclopirimorato, 6-isopentilamino-purin, kinetin, zeatin, dalapon, daminozide, dazomet, n-decanol, difenzoquat metilsulfato, 2,6-diisopropilnaftalene, dikegulac, dikegulac de sodio, dimetipin, ácido dimetilarlésico, dinitramine, dinoterb, diquat, dibromuro de diquat, dithiopir, DNOC, endothal, endothal de dipotasio, endothal de disodio, endothal-mono(N,N-dimetilalquilamonio), etafluralin, ethofumesato, etilchlozato,
- 40 sulfato ferroso, flamprop, flamprop-M-isopropilo, flamprop-M-metilo, fluclouralin, flufenpir, flufenpir-

- etilo, flumetralin, flumiclorac, flumiclorac-pentilo, flumioxazin, flupropanato, flurenol, flurenol-butilo, flurenol-dimetilamonio-metilo, fluridone, flurocloridone, flurtamone, fluthiacet, fluthiacet-metilo, ácido giberélico, halauxifeno, halauxifeno-metilo, sales de halauxifeno, indanofan, isopropalin, isoprothiolane, hidracida de ácido maleico, cloruro de mepiquat, metam, metiozolin, ácido metilarsónico, 1-metilciclopropene, metilo isot mezcla de iocianato, mezcla de nitrofenolato, ácido nonanoico, norflurazon, ácido oleico, oryzalin, oxaziclomefone, paraquat, dicloruro de paraquat, pendimetalin, pentaclorofenol, pentoxazone, aceites de petróleo, prodiamine, n-propilo dihidrojasmonato, piridafol, piridato, quinoclamine, sintofen, clorato de sodio, ácido sulfúrico, aceites de alquitrán, TCA, TCA de sodio, tecnazene, thiazopir, triacontanol, triafamone, trifluralin y sulfato de urea,
- 5
- 10
- B6 que consiste en ácidos (het)arilcarboxílicos, que comprenden
- cloramben, dicamba, sales de dicamba, 2,3,6-TBA,
- clopirialid, fluroxipir, fluroxipir-metil, inabenfide, picloram, triclopir,
- quinclorac, quinmerac,
- 15
- ácido indol-3-il acético, ácido 4-indol-3-ilbutírico,
- 2-(1-naftil)acetamida, ácido 1-naftilacético, ácido 2-naftiloxiacético,
- B7 que consiste en compuestos de fósforo orgánico, que comprenden
- anilofos, bensulide, bilanafos, bilanafos de sodio, butimafos, clacyfos, fosamine, glufosinato, sales de glufosinato, glufosinato de amonio, glufosinato de sodio, glufosinato-P, L-glufosinato de amonio, L-glufosinato de sodio, glifosato, sales de glifosato, glifosato-isopropilo de amonio, glifosato de amonio, glifosato-dimetilamonio, glifosato-trimesio (=sulfosato), glifosato-diamonio, glifosato de potasio, glifosato de sodio, piperophos, ethephon y tribufos,
- 20
- B8 que consisten en feniléter, que comprenden
- acifluorfen, acifluorfen de sodio, aclonifen, fluoroglycofen, fluoroglycofen-etilo,
- 25
- fomesafen, fomesafen de sodio, halosafen, lactofen, oxifluorfen,
- bifenox, etoxifen-etilo,
- clomeprop,
- cloprop, diclorprop, diclorprop-P, mecoprop, mecoprop de sodio, mecoprop-butotilo, mecoprop-P, mecoprop-P-butotilo, mecoprop-P-dimetilamonio, mecoprop-P-2-etilhexilo, mecoprop-P de potasio,
- 30
- 4-CPA, 2,4-D, 2,4-D-butotilo, 2,4-D-butilo, 2,4-D-colina, 2,4-D-dimetilamonio, 2,4-D-diolamin, 2,4-D-etilo, 2,4-D-2-etilhexilo, 2,4-D-isobutilo, 2,4-D-isooctilo, 2,4-D- iso-propilo de amonio, 2,4-D de potasio, 2,4-D-trisopropanolamonio, 2,4-D-trolamine, MCPA, MCPA-butotilo, MCPA-dimetilamonio, MCPA-2-etilhexilo. MCPA-isopropilamonio, MCPA de potasio, MCPA de sodio, MCPA-tioetilo,
- 35
- 2,4-DB, MCPB, MCPB-metilo, MCPB-etilo de sodio,
- clodinafop-etilo, clodinafop-propargilo, cyhalofop, cyhalofop-butilo, diclofop, diclofop-metilo, diclofop-P, diclofop-P-metilo, fenoxaprop, fenoxaprop-P, fenoxaprop-P-etilo, fluazifop, fluazifop-butilo, fluazifop-P, fluazifop-P-butilo, haloxifop, haloxifop-P, metamifop, propaquizafop, quizalafop, quizalafop-etilo, quizalafop-P, quizalafop-P-etilo, quizalafop-P-tefurilo,
- 40

- B9 que consiste en pirimidinas, que comprenden
ancymidol, flurprimidol, pirimisulfan,
bispiribac, bispiribac de sodio, piribenzoxim, piriminobac, piriminobac-metilo,
piribambenz, piribambenz-isopropilo, piribambenz-propilo,
5 piriftalid, pirithiobac, pirithiobac de sodio,
benzfendizone, bromacilo, butafenacilo, lenacilo, saflufenacilo, terbacilo, tiafenacilo,
2-cloro-4-fluoro-5-[3-metil-2,6-dioxo-4-(trifluorometil)-3,6-dihidropirimidin-1(2H)-il]-N-[metil(1-
metiletil)-sulfamoil]benzamida,
10 etil[(3-{2-cloro-5-[2,6-dioxo-4-(trifluorometil)-3,6-dihidropirimidin-1(2H)-il]-4-fluorofenoxi}piridin-2-
il)oxi]acetato
B10 que consiste en (tio)ureas, que comprenden
cumiluron,
15 clorbromuron, clorotoluron, cloroxuron, daimuron, diflufenzopir, diflufenzopir de sodio, dimefuron,
diuron, fluometuron, forclorfenuron, isoproturon, karbutilato, linuron, metildymron, metobromuron,
metoxuron, monolinuron, neburon, siduron, terbucarb, thidiazuron,
metiuron,
tebuthiuron,
metabenzthiazuron,
B11 que consiste en triazinas, que comprenden
20 triaziflam, indaziflam,
atrazine, cianazine, cyprazine, propazine, simazine, terbumeton, terbuthilazine, trietazine,
prometon,
ametryn, dimetametryn, prometryn, simetryn, terbutryn,
ethozin, hexazinon, metamitron, metribuzin,
25 trifludimoxazin.

En una realización adicional, estas composiciones de herbicidas comprenden uno o más protectores (componente (C)) seleccionados del grupo que consiste en

- benoxacor (C1), cloquintocet-mexilo (C2), ciprosulfamida (C3), diclormid (C4), fenclorim (C5),
fenclorazol (C6), furilazol (C7), isoxadifen-etilo (C8),
30 mefenpir-dietilo (C9), 4-(dicloroacetil)-1-oxa-4-azaspiro[4.5]decano de CAS 71526-07-3 (C10),
2,2,5-trimetil-3-(decloroacetil)-1,3-oxazolidine de CAS 52836-31-4 (C11). 2-metoxi-N-({4-
[(metilcarbamoil)amino]fenil}sulfonil)benzamida de CAS 129531-12-0 (C12).

- Los componente (B) y (C) también son conocidos, por ejemplo, de "The Pesticide Manual", 15ª
edición, The British Crop Protection Council y The Royal Soc. of Chemistry, y del portal
35 <http://www.alanwood.net/pesticides/>.

Cualquiera de estas composiciones de la invención pueden comprender o ser usadas junto con otros componentes adicionales, por ejemplo otros tipos de ingredientes de protección de cultivo activo y/o aditivos y/o formulaciones auxiliares habituales en protección de cultivo.

5 El componente (A), componente (B) y opcionalmente los protectores (componente (C)) pueden ser aplicados de una forma conocida, por ejemplo junto (por ejemplo como una coformulación o como una mezcla de tanque) o además en tiempos diferentes en sucesión corta (división), por ejemplo a plantas, partes de planta, semillas de planta o el área en el que la planta crece. Es posible, por ejemplo, aplicar los compuestos activos individuales o la combinación de herbicida protector en varias porciones (aplicación secuencial), por ejemplo aplicaciones antes de la emergencia seguidas de aplicaciones después de la emergencia, o aplicaciones justo después de la emergencia seguidas de aplicaciones después de la emergencia en una etapa intermedia o tardía. Se da preferencia a la aplicación conjunta o inmediatamente sucesiva de los compuestos activos en la combinación respectiva. También es posible usar los compuestos activos individuales o la combinación herbicida protector para tratamiento de semilla.

10 Se da preferencia a aquellas composiciones de acuerdo a la invención que comprenden (2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida como componente (A).

Los componentes (B) preferidos seleccionados del subgrupo B1 son clethodim, mesotriona, sulcotriona, tefuriltriona, tembotriona y biciclopirona.

20 Los componentes (B) particularmente preferidos seleccionados del subgrupo B1 son clethodim, mesotriona, biciclopirona y tembotriona.

Los componentes (B) excepcionalmente preferidos seleccionados del subgrupo B1 son biciclopirona y tembotriona.

25 Los componentes (B) preferidos seleccionados del subgrupo B2 son acetoclor, diclosulam, diflufenican, flumetsulam, foramsulfuron, nicosulfuron, S-metolaclor, thienicarbazona-metilo, dimethenamida-P, rimsulfuron, alaclor, clorimuron-etilo, florasulam, flucarbazona de sodio, flufenacet, yodosulfuron-metilo de sodio, etoxisulfuron, ipfencarbazona, metsulfuron-metilo, propoxicarbazona de sodio y tribenuron-metilo.

30 Los componentes (B) particularmente preferidos seleccionados del subgrupo B2 son acetoclor, diclosulam, diflufenican, foramsulfuron, nicosulfuron, S-metolaclor, thienicarbazona-metilo, dimethenamida-P, rimsulfuron, alaclor, clorimuron-etilo, florasulam, flucarbazona de sodio, flufenacet y yodosulfuron-metilo de sodio.

Los componentes (B) más preferidos seleccionados del subgrupo B2 son acetoclor, diclosulam, diflufenican, foramsulfuron, nicosulfuron, S-metolaclor y thienicarbazona-metilo.

Los componentes (B) preferidos seleccionados del subgrupo B3 son bromoxinilo e ioxinil.

35 Un herbicida particularmente preferido del grupo B3 es bromoxinil.

Los componentes (B) preferidos seleccionados del subgrupo B4 son amicarbazona, carfentrazone-etilo, imazapir, imazetapir, isoxaflutole, oxadiargilo, oxadiazon, pirasulfotole, piroxasulfone y topramezone.

40 Un herbicida particularmente preferido del grupo B4 son carfentrazone-etilo, imazapir, imazetapir, isoxaflutole, oxadiargilo, oxadiazon y piroxasulfone.

Un herbicida excepcionalmente preferido del grupo B4 son imazapir, isoxaflutole y piroxasulfone.

- Los componentes (B) preferidos seleccionados del subgrupo B5 son dicloruro de paraquat, pendimetalin, aminopiridid, flumioxazin, flurtamone, halauxifeno, halauxifeno-metilo, sales de halauxifeno, piridato, bentazone, cinidon-etilo, clomazone y trifluralin.
- 5 Los herbicidas particularmente preferidos del grupo B5 son dicloruro de paraquat, pendimetalin, aminopiridid, flumioxazin, flurtamone, halauxifeno, halauxifeno-metilo, sales de halauxifeno y piridato.
- Los componentes (B) excepcionalmente preferidos seleccionados del subgrupo B5 son dicloruro de paraquat y pendimetalin.
- 10 Los componentes (B) preferidos seleccionados del subgrupo B6 son dicamba, sales de dicamba y fluroxipir.
- Los componentes (B) particularmente preferidos seleccionados del subgrupo B6 son dicamba y sales de dicamba.
- El componente (B) excepcionalmente preferido seleccionado del subgrupo B6 es dicamba.
- 15 Los componentes (B) preferidos seleccionados del subgrupo B7 son glufosinato, glufosinato de amonio, L-glufosinato de amonio, glifosato, glifosato-isopropilo de amonio.
- Los componentes (B) particularmente preferidos seleccionados del subgrupo B7 son glufosinato de amonio y glifosato.
- Los componentes (B) excepcionalmente preferidos seleccionados del subgrupo B7 son glufosinato de amonio y glifosato.
- 20 Los componentes (B) preferidos seleccionados del subgrupo B8 son 2,4-D, 2,4-D-butotilo, 2,4-D-butilo, 2,4-D-colina, 2,4-D-dimetilamonio, 2,4-D-diolamin, 2,4-D-etilo, 2,4-D-2-etilhexilo, 2,4-D-isobutilo, 2,4-D-isooctilo, 2,4-D- iso-propilo de amonio, 2,4-D de potasio, 2,4-D-triisopropanolamonio, 2,4-D-trolamine, fenoxaprop-P-etilo, lactofen, fluazifop-P-butilo, aclonifen y haloxifop-P.
- 25 Los componentes (B) particularmente preferidos seleccionados del subgrupo B8 son 2,4-D, 2,4-D-butotilo, 2,4-D-butilo, 2,4-D-colina, 2,4-D-dimetilamonio, 2,4-D-diolamin, 2,4-D-etilo, 2,4-D-2-etilhexilo, 2,4-D-isobutilo, 2,4-D-isooctilo, 2,4-D- iso-propilo de amonio, 2,4-D de potasio, 2,4-D-triisopropanolamonio, 2,4-D-trolamine, fenoxaprop-P-etilo, lactofen y fluazifop-P-butilo.
- 30 Los componentes (B) excepcionalmente preferidos seleccionados del subgrupo B8 son 2,4-D, 2,4-D-butotilo, 2,4-D-butilo, 2,4-D-colina, 2,4-D-dimetilamonio, 2,4-D-diolamin, 2,4-D-etilo, 2,4-D-2-etilhexilo, 2,4-D-isobutilo, 2,4-D-isooctilo, 2,4-D- iso-propilo de amonio, 2,4-D de potasio, 2,4-D-triisopropanolamonio, 2,4-D-trolamine, fenoxaprop-P-etilo y lactofen.
- El componente (B) preferido seleccionado del subgrupo B9 es saflufenacil.
- 35 Los componentes (B) preferidos seleccionados del subgrupo B10 son diuron, diflufenzopir y fluometuron.
- Los componentes (B) particularmente preferidos seleccionados del subgrupo B10 son diuron y diflufenzopir.
- El componente (B) excepcionalmente preferido seleccionado del subgrupo B10 es diuron.
- 40 Los componentes (B) preferidos seleccionados del subgrupo B11 son atrazine, indaziflam, terbuthilazine y metribuzin.

- En las composiciones herbicidas de acuerdo con la invención, la rata de aplicación de los herbicidas del componente (A) (2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sales del mismo es por lo general de 1 a 500 g de ingrediente activo (i.a.) por hectárea, preferiblemente de 2 a 300 g de i.a./ha, particularmente preferible de 3 a 200 g de i.a./ha. La rata de aplicación del componente (B) es por lo general de 1 a 5000 g de ingrediente activo por hectárea, preferiblemente de 2 a 3000 g de i.a./ha, particularmente preferible de 3 a 2000 g de i.a./ha. La rata de aplicación de los protectores (componente (C)) es usualmente de 1 a 500 g de ingrediente activo por hectárea, preferiblemente de 2 a 400 g de i.a./ha, particularmente preferible de 3 to 300 g de i.a./ha.
- La rata de aplicación requerida de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales, para ser aplicada a áreas donde crecen plantas tolerantes a HPPD, que contienen uno o más genes quiméricos (I) que comprenden una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus sp.*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13, (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente mutantes como se describen en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprenden más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición

351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37), varían como una función de las condiciones externas tales como temperatura, humedad, la naturaleza del herbicida usado y similares. Puede variar dentro de límites amplios, por ejemplo entre 0.001 y 1.0 kg/ha y más de la sustancia activa, pero es preferible entre 0.005 y 750 g/ha.

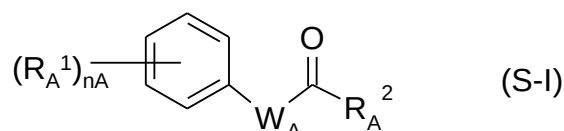
En el caso de aplicaciones combinadas de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales y herbicidas que difieren de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)-benzamida o sus sales, a las plantas tolerantes a HPPD que contienen uno o más genes quiméricos (I) que comprenden una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos, que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa* , que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus sp.*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12

que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13 , (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente mutantes como se describen en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprenden más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598

(WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37), estas mezclas pueden causar daño al cultivo, basado en la presencia de herbicidas diferentes a 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales. Pueden añadirse protectores apropiados con el fin de reducir/eliminar tales lesiones de los cultivos. Estos protectores, que son empleados en cantidades con actividad de antidotos, reducen los efectos secundarios fitotóxicos de herbicidas/pesticidas usados, por ejemplo en cultivos económicamente importantes, tales como cereales (trigo, cebada, centeno, maíz, arroz, mijo), alfalfa, remolacha dulce, caña de azúcar, colza, algodón y soja spp., preferiblemente almidón, algodón, remolacha dulce, o soja spp.

Los protectores son preferiblemente escogidos del grupo que consiste en:

A) compuestos de la fórmula (S-I)

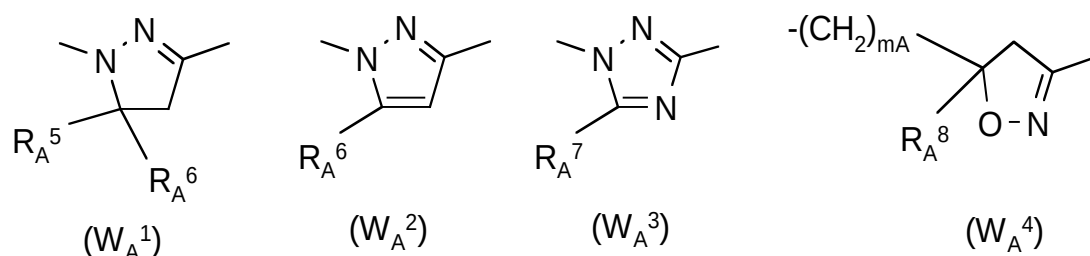


en la que los símbolos e índices tiene los siguientes significados:

n_A es un número natural de 0 a 5, preferiblemente de 0 a 3;

R_A^1 es halógeno, alquilo (C_1-C_4), alcoxi (C_1-C_4), nitro o haloalquilo (C_1-C_4);

W_A es un radical heterocíclico divalente no sustituido o sustituido del grupo que consiste en heterociclos de cinco miembros parcialmente insaturados o aromáticos que tienen de 1 a 3 átomos de heteroarilo del tipo N u O, en los que al menos un átomo de nitrógeno y a lo sumo un átomo de oxígeno están presentes en el anillo, preferiblemente un radical del grupo que consiste en (W_A^1) a (W_A^4),



m_A es 0 o 1;

R_A^2 es OR_A^3 , SR_A^3 o $NR_A^3R_A^4$ o un heterociclo

de 3 a 7 miembros insaturado o saturado que tiene al menos un átomo de nitrógeno y hasta 3 heteroátomos, preferiblemente del grupo que consiste en O y S, que está unido a través de él átomo de nitrógeno al grupo carbonilo en (S-I) y que es no sustituido o sustituido por radicales del grupo que consiste en alquilo (C_1-C_4), alcoxi (C_1-C_4) y fenilo sustituido opcionalmente, preferiblemente un radical de la fórmula OR_A^3 , NHR_A^4 o $N(CH_3)_2$, en particular de la fórmula OR_A^3 ,

R_A^3 es hidrógeno o un radical de hidrocarburo alifático no sustituido o sustituido que tiene preferiblemente un total de 1 a 18 átomos de carbono;

R_A^4 es hidrógeno, alquilo (C_1-C_6), alcoxi (C_1-C_6) o fenilo sustituido o no sustituido;

5 R_A^5 es H, alquilo (C_1-C_8), haloalquilo (C_1-C_8), alcoxi (C_1-C_4) alquilo (C_1-C_8), ciano o $COOR_A^9$ en el que R_A^9 es hidrógeno, alquilo (C_1-C_8), haloalquilo (C_1-C_8), alcoxi (C_1-C_4) alquilo (C_1-C_4), hidroxialquilo (C_1-C_6), cicloalquilo (C_3-C_{12}) o tri- alquilsililo (C_1-C_4);

R_A^6 , R_A^7 , R_A^8 son idénticos o diferentes y son hidrógeno, alquilo (C_1-C_8), haloalquilo (C_1-C_8), cicloalquilo (C_3-C_{12}) o fenilo sustituido o no sustituido;

preferiblemente:

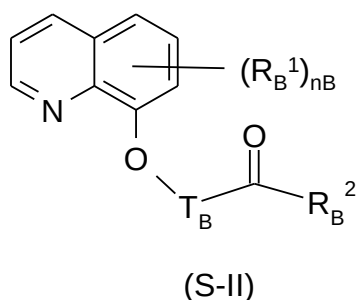
10 a) compuestos del tipo de ácido diclorofenilpirazoline-3-carboxílico, preferiblemente compuestos tales como etilo 1-(2,4-diclorofenil)-5-(etoxicarbonil)5-metil-2-pirazolin-3-carboxilato (S1-1) ("mefenpir-dietil", véase Pestic. Man.), y compuestos relacionados, como se describe en el documento WO 91/07874;

15 b) derivados de ácido diclorofenilpirazolcarboxílico, preferiblemente compuestos tales como etilo 1-(2,4-diclorofenil)-5-metilpirazol-3-carboxilato (S1-2), etilo 1-(2,4-diclorofenil)-5-isopropilpirazol-3-carboxilato (S1-3), etilo 1-(2,4-diclorofenil)-5-(1,1-dimetiletil)pirazol-3-carboxilato (S1-4), etilo 1-(2,4-diclorofenil)-5-fenilpirazol-3-carboxilato (S1-5) y compuestos relacionados, como se describen los documentos EP-A-333 131 y EP-A-269 806;

20 c) compuestos del tipo de ácido triazolcarboxílico, preferiblemente compuestos tales como fenclorazol(-etilo ester), es decir etilo 1-(2,4-diclorofenil)-5-triclorometil-(1H)-1,2,4-triazol-3-carboxilato (S1-6), y compuestos relacionados, como se describe en los documentos EP-A-174 562 y EP-A-346 620;

25 d) compuestos del tipo de 5-bencil- o ácido 5-fenil-2-isoxazoline-3-carboxílico o el ácido 5,5-difenil-2-isoxazoline-3-carboxílico, preferiblemente compuestos tales como etilo 5-(2,4-diclorobencil)-2-isoxazolin-3-carboxilato (S1-7) o etilo 5-fenil-2-isoxazolin-3-carboxilato (S1-8) y compuestos relacionados, como se describe en el documento WO 91/08202, o etilo 5,5-difenil-2-isoxazolinicarboxilato (S1-9) ("isoxadifen-etil") o n-propilo 5,5-difenil-2-isoxazolinicarboxilato (S1-10) o etilo 5-(4-fluorofenil)-5-fenil-2-isoxazolin-3-carboxilato (S1-11),
30 como se describe en el documento WO-A-95/07897.

B) derivados de quinolina de la fórmula (S-II)



en la que los símbolos e índices tienen los siguientes significados:

R_B^1 es halógeno, alquilo (C_1-C_4), alcoxi (C_1-C_4), nitro o haloalquilo (C_1-C_4);

35 n_B es un número natural de 0 a 5, preferiblemente de 0 a 3;

R_B^2 OR_B^3 , SR_B^3 o $NR_B^3R_B^4$ o un heterociclo

de 3 a 7 miembros saturado o insaturado que tiene al menos un átomo de nitrógeno y hasta 3 heteroátomos, preferiblemente del grupo que consiste en O y S, que está unido a través de él átomo de nitrógeno al grupo carbonilo en (S-II) y que es no sustituido o sustituido por radicales del grupo que consiste en alquilo (C_1-C_4), alcoxi (C_1-C_4) y fenilo sustituido opcionalmente, preferiblemente un radical de la fórmula OR_B^3 , NHR_B^4 o $N(CH_3)_2$, en particular de la fórmula OR_B^3 ;

R_B^3 es hidrógeno o un radical de hidrocarburo alifático no sustituido o sustituido que tiene preferiblemente un total de 1 a 18 átomos de carbono;

R_B^4 es hidrógeno, alquilo (C_1-C_6), alcoxi (C_1-C_6) o fenilo sustituido o no sustituido;

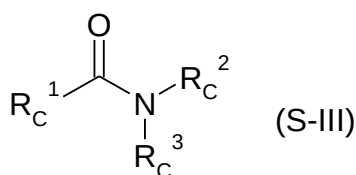
10 T_B es una cadena de alcanodiilo (C_1 - o C_2) que es no sustituida o sustituida por uno o dos radicales alquilo (C_1-C_4) o por [alcoxi (C_1-C_3)]carbonilo;

preferiblemente:

a) compuestos del tipo del ácido 8-quinolinoxiacético (S2), preferiblemente acetato 1-metilhexilo (5-cloro-8-quinolinoxilo) (nombre común "cloquintocet-mexil" (S2-1) (véase Pestic. Man.), 1,3-dimetilbut-1-ilo (5-cloro-8-quinolinoxi)acetato (S2-2), 4-aliloxibutilo (5-cloro-8-quinolinoxi)acetato (S2-3), 1-aliloxiprop-2-ilo (5-cloro-8-quinolinoxi)acetato- (S2-4), etilo (5-cloro-8-quinolinoxi)acetato (S2-5), metilo (5-cloro-8-quinolinoxi)acetato (S2-6), 20 alilo (5-cloro-8-quinolinoxi)acetato (S2-7), 2-(2-propilideniminooxi)-1-etilo (5-cloro-8-quinolinoxi)acetato (S2-8), 2-oxoprop-1-ilo (5-cloro-8-quinolinoxi)acetato (S2-9) y compuestos relacionados, como se describe en los documentos EP-A-86 750, EP-A-94 349 y EP-A-191 736 o EP-A-0 492 366, y también sus hidratos y sales, como se describe en el documento WO-A-2002/034048.

b) compuestos del tipo de ácido (5-cloro-8-quinolinoxi)malónico, preferiblemente compuestos tales como dietilo (5-cloro-8-quinolinoxi)malonato, dialilo (5-cloro-8-quinolinoxi)malonato, metilo etilo (5-cloro-8-quinolinoxi)malonato y compuestos relacionados, como se describe en el documento EP-A-0 582 198.

c) compuestos de la fórmula (S-III)



en la que los símbolos e índices tienen los siguientes significados:

R_C^1 es alquilo (C_1-C_4), haloalquilo (C_1-C_4), alquenilo (C_2-C_4), haloalquenilo (C_2-C_4), cicloalquilo (C_3-C_7), preferiblemente diclorometilo;

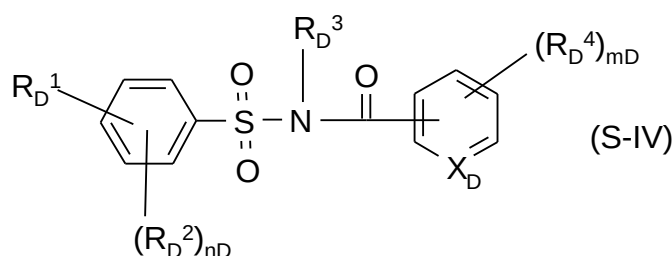
35 R_C^2 , R_C^3 son idénticos o diferentes y son hidrógeno, alquilo (C_1-C_4), alquenilo (C_2-C_4), alquinilo (C_2-C_4), haloalquilo (C_1-C_4), haloalquenilo (C_2-C_4), alquilo (C_1-C_4)carbamoil-alquilo (C_1-C_4), alquenilo (C_2-C_4)carbamoil-alquilo (C_1-C_4), alcoxi alquilo (C_1-C_4) (C_1-C_4), dioxolanil-alquilo (C_1-C_4), thiazolilo, furilo, furilalquilo, tienilo, piperidilo, fenilo sustituido o no sustituido, o R_C^2 y R_C^3 juntos forman un anillo heterocíclico sustituido o no sustituido,

preferiblemente un anillo de oxazolidina, tiazolidina, piperidina, morfolina, hexahidropirimidina o benzoxazina;

preferiblemente:

- 5 compuestos activos del tipo de dicloroacetamidas que son frecuentemente usadas como protector antes de la emergencia (protectores que actúan en el suelo), tales como, por ejemplo, "diclormid" (véase Pestic.Man.) (= N,N-dialil-2,2-dicloroacetamida), "R-29148" (= 3-dicloroacetil-2,2,5-trimetil-1,3-oxazolidina de Stauffer), "R-28725" (= 3-dicloroacetil-2,2,-dimetil-1,3-oxazolidina de Stauffer), "benoxacor" (véase Pestic. Man.) (= 4-dicloroacetil-3,4-dihidro-3-metil-2H-1,4-benzoxazina), 10 "PPG-1292" (= N-alil-N-[(1,3-dioxolan-2-il)metil]dicloroacetamida de PPG Industries), "DKA-24" (= N-alil-N-[(alilaminocarbonil)metil]dicloroacetamida de Sagro-Chem), "AD-67" o "MON 4660" (= 3-dicloroacetil-1-oxa-3-aza-spiro[4,5]decano de Nitrokemia o Monsanto), "TI-35" (= 1-dicloroacetilazepane de TRI-Chemical RT) "diclonon" (diclonona) o "BAS145138" o "LAB145138" (= 3-dicloroacetil-2,5,5-trimetil-1,3- 15 diazabicyclo[4.3.0]nonano de BASF) y "furilazol" o "MON 13900" (véase Pestic. Man.) (= (RS)-3-dicloroacetil-5-(2-furil)-2,2-dimetiloxazolidine).

D) N-acilsulfonamidas de la fórmula (S-IV) y sus sales



20 en la que

X_D es CH o N;

R_D^1 es $CO-NR_D^5R_D^6$ o $NHCO-R_D^7$;

R_D^2 es halógeno, haloalquilo (C_1-C_4), haloalcoxi (C_1-C_4), nitro, alquilo (C_1-C_4), alcoxi (C_1-C_4), alquilo (C_1-C_4)sulfonilo, alcoxi (C_1-C_4)carbonilo o alquilo (C_1-C_4)carbonilo;

25 R_D^3 es hidrógeno, alquilo (C_1-C_4), alquenilo (C_2-C_4) o alquinilo (C_2-C_4);

R_D^4 es halógeno, nitro, alquilo (C_1-C_4), haloalquilo (C_1-C_4), haloalcoxi (C_1-C_4), cicloalquilo (C_3-C_6), fenilo, alcoxi (C_1-C_4), ciano, tioalquilo (C_1-C_4), alquilo (C_1-C_4)sulfonilo, alquilo (C_1-C_4)sulfonilo, alcoxi (C_1-C_4) carbonilo o alquilo (C_1-C_4)carbonilo;

30 R_D^5 es hidrógeno, alquilo (C_1-C_6), cicloalquilo (C_3-C_6), alquenilo (C_2-C_6), alquinilo (C_2-C_6), cicloalquenilo (C_5-C_6), fenilo o heterocíclico de 3 a 6 miembros que contienen v_D heteroátomos del grupo que consiste en nitrógeno, oxígeno y azufre, en el que los últimos siete radicales mencionados son sustituidos por sustituyentes v_D del grupo que consiste en halógeno, alcoxi (C_1-C_6), haloalcoxi (C_1-C_6), alquilo (C_1-C_2)sulfonilo, alquilo (C_1-C_2)sulfonilo, cicloalquilo (C_3-C_6), alcoxi (C_1-C_4)carbonilo, alquilo (C_1-C_4)carbonilo y fenilo, en el caso de radicales cíclicos, también alquilo 35 (C_1-C_4) y haloalquilo (C_1-C_4);

R_D^6 es hidrógeno, alquilo (C_1-C_6), alquenilo (C_2-C_6) o alquinilo (C_2-C_6), en el que los últimos tres radicales mencionados son sustituidos por radicales v_D del grupo que consiste en halógeno, hidroxilo, alquilo (C_1-C_4), alcoxi (C_1-C_4) y tioalquilo (C_1-C_4), o

R_D^5 y R_D^6 junto con el átomo de nitrógeno que los porta forman un radical pirrolidinilo o piperidinilo;

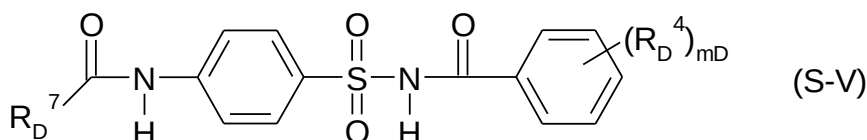
- 5 R_D^7 es hidrógeno, alquilo (C_1-C_4)amino, dialquilo (C_1-C_4)amino, alquilo (C_1-C_6), cicloalquilo (C_3-C_6), en el que los dos últimos radicales mencionados son sustituidos por sustituyentes v_D del grupo que consiste en halógeno, alcoxi (C_1-C_4), haloalcoxi (C_1-C_6) y tioalquilo (C_1-C_4) y, en el caso de radicales cíclicos, también alquilo (C_1-C_4) y haloalquilo (C_1-C_4);

n_D es 0, 1 o 2;

m_D es 1 o 2;

v_D es 0, 1, 2 o 3;

- 10 de entre estos, se da preferencia a compuestos del tipo de N-acilsulfonamidas, por ejemplo la fórmula (S-V) abajo, que son conocidos, por ejemplo, del documento WO 97/45016



en la que

- 15 R_D^7 es alquilo (C_1-C_6), cicloalquilo (C_3-C_6), en el que los dos últimos radicales mencionados son sustituidos por sustituyentes v_D del grupo que consiste en halógeno, alcoxi (C_1-C_4), haloalcoxi (C_1-C_6) y tioalquilo (C_1-C_4) y, en el caso de radicales cíclicos, también alquilo (C_1-C_4) y haloalquilo (C_1-C_4);

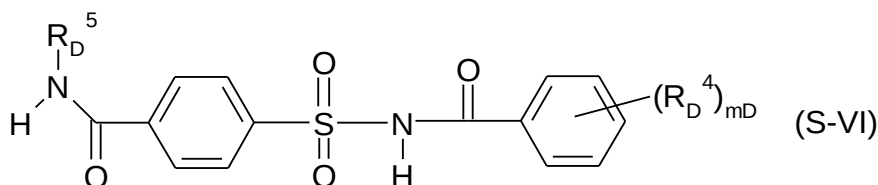
R_D^4 es halógeno, alquilo (C_1-C_4), alcoxi (C_1-C_4), CF_3 ;

m_D es 1 o 2;

- 20 v_D es 0, 1, 2 o 3;

y también

acilsulfamoilbenzamidas, por ejemplo de la fórmula (S-VI) abajo, que son conocidos, por ejemplo, del documento WO 99/16744,



- 25 por ejemplo aquellos en los que

R_D^5 = ciclopropilo y (R_D^4) = 2-OMe ("ciprosulfamida", S3-1),

R_D^5 = ciclopropilo y (R_D^4) = 5-Cl-2-OMe (S3-2),

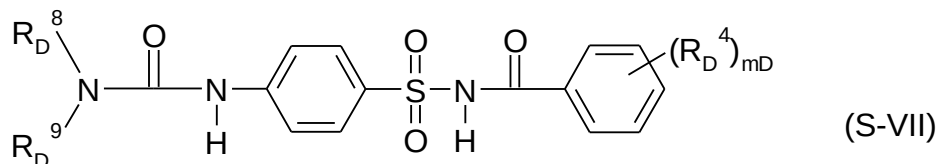
R_D^5 = etilo y (R_D^4) = 2-OMe (S3-3),

R_D^5 = isopropilo y (R_D^4) = 5-Cl-2-OMe (S3-4) y

- 30 R_D^5 = isopropilo y (R_D^4) = 2-OMe (S3-5);

y también

compuestos del tipo de las N-acilsulfamoilfenilureas de la fórmula (S-VII), que son conocidos, por ejemplo, del documento EP-A-365484



5 en la que

R_D^8 y R_D^9 son independientemente uno de otro, hidrógeno, alquilo (C_1-C_8), cicloalquilo (C_3-C_8), alquénilo (C_3-C_6), alquinilo (C_3-C_6),

R_D^4 es halógeno, alquilo (C_1-C_4), alcoxi (C_1-C_4), CF_3

m_D es 1 o 2;

10 de entre estos en particular

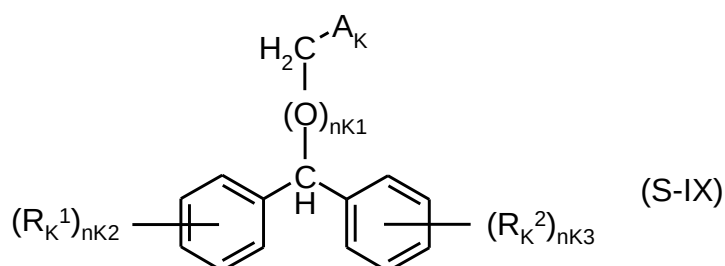
1-[4-(N-2-metoxibenzoilsulfamoil)fenil]-3-metilurea,
1-[4-(N-2-metoxibenzoilsulfamoil)fenil]-3,3-dimetilurea,
1-[4-(N-4,5-dimetilbenzoilsulfamoil)fenil]-3-metilurea,
1-[4-(N-naftoilsulfamoil)fenil]-3,3-dimetilurea,

15 G) los compuestos activos de la clase de los derivados de ácido carboxílico alifático, hidroxiaromático y aromático, por ejemplo etil 3,4,5-triacetoxibenzoato, ácido 3,5-dimetoxi-4-hidroxibenzoico, ácido 3,5-dihidroxibenzoico, 4- ácido hidroxisalicílico, ácido 4-fluorosalicílico, 1,2-dihidro-2-oxo-6-trifluorometilpiridin-3-carboxamida, ácido 2-hidroxicinámico, ácido 2,4-diclorocinámico, como se describen en los documentos WO 2004084631, WO 2005015994,
20 WO 2006007981, WO 2005016001;

H) los compuestos activos de la clase de 1,2-dihidroquinoxalin-2-onas, por ejemplo 1-metil-3-(2-tienil)-1,2-dihidroquinoxalin-2-ona, 1-metil-3-(2-tienil)-1,2-dihidroquinoxalin-2-tiona, clorhidrato de 1-(2-aminoetil)-3-(2-tienil)-1,2-dihidroquinoxalin-2-ona, 1-(2-metilsulfonilaminoetil)-3-(2-tienil)-1,2-dihidro-quinoxalin-2-ona, como se describen en el documento WO 2005112630,

25 I) compuestos activos que, además de una acción del herbicida contra plantas dañinas, también tienen acción protectora en plantas de cultivo tales como arroz, tales como, por ejemplo, "dimepiperato" o "MY-93" (véase Pestic. Man.) (=S-1-metil-1-feniletil piperidin-1-tiocarboxilato), que es conocido como protector para arroz contra los daños causados por el herbicida molinato, "daimuron" o "SK 23" (véase Pestic. Man.) (= 1-(1-metil-1-feniletil)-3-p-toluilurea que es conocido
30 como protector para arroz contra el daño causado por el herbicida imazosulfuron, "cumiluron" = "JC-940" (= 3-(2-clorofenilmetil)-1-(1-metil-1-fenil-etil)urea, véase JP-A-60087254), que es conocido como protector para arroz contra los daños causados por varios herbicidas, "metoxifenona" o "NK 049" (= 3,3'-dimetil-4-metoxibenzofenone), que es conocido como protector para arroz contra los daños causados por varios herbicidas,,
35 "CSB" (= 1-bromo-4-(clorometilsulfonil)benceno) (CAS Reg. No. 54091-06-4 de Kumiai), que es conocido como protector contra varios herbicidas en arroz,

K) compuestos de la fórmula (S-IX), como se describen en el documento WO-A-1998/38856



en la que los símbolos e índices tiene los siguientes significados:

R_K^1, R_K^2 son independientemente uno de otro halógeno, alquilo (C_1-C_4), alcoxi (C_1-C_4), haloalquilo (C_1-C_4), alquilo (C_1-C_4)amino, dialquilo (C_1-C_4)amino, nitro;

5 A_K es $COOR_K^3$ o $COOR_K^4$

R_K^3, R_K^4 son independientemente uno de otro hidrogeno, alquilo (C_1-C_4), alquenilo (C_2-C_6), alquinilo (C_2-C_4), cianoalquilo, haloalquilo (C_1-C_4), fenilo, nitrofenilo, bencilo, halobencilo, piridinilalquilo o alquilamonio,

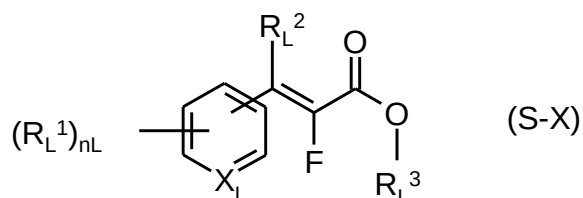
n_K^1 es 0 o 1,

10 n_K^2, n_K^3 independientemente uno de otro son 0, 1 o 2

preferiblemente: metil (difenilmetoxi)acetato (CAS Reg. No.: 41858-19-9),

L) compuestos de la fórmula (S-X),

como se describen en el documento WO A-98/27049



15 en los que los símbolos e índices tienen los siguientes significados:

X_L es CH o N,

n_L es, en el caso en que $X=N$, un entero de 0 a 4 y,

en el caso en que $X=CH$, un entero de 0 a 5,

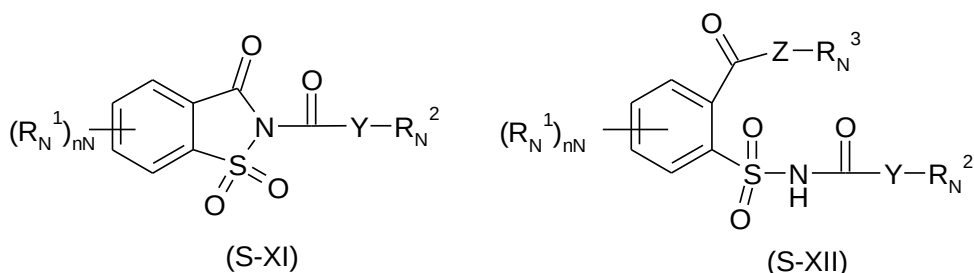
20 R_L^1 es halógeno, alquilo (C_1-C_4), (C_1-C_4)-haloalquil, alcoxi (C_1-C_4), haloalcoxi (C_1-C_4), nitro, tioalquilo (C_1-C_4), alquilo (C_1-C_4)sulfonil, alcoxi (C_1-C_4)carbonil, fenilo opcionalmente sustituido, fenoxi opcionalmente sustituido,

R_L^2 es hidrógeno o alquilo (C_1-C_4),

25 R_L^3 es hidrógeno, (C_1-C_8)-alquil, alquenilo (C_2-C_4), alquinilo (C_2-C_4) o arilo, en el que cada uno de los radicales que contienen carbono mencionados anteriormente es no sustituido o sustituido por uno o más, preferiblemente por hasta tres, radicales idénticos o diferentes del grupo que consisten en halógeno y alcoxi; o sales del mismo,

M) compuestos activos de la clase de 3-(5-tetrazolilcarbonil)-2-quinolonas, por ejemplo 1,2-dihidro-4-hidroxi-1-etil-3-(5-tetrazolilcarbonil)-2-quinolona (CAS Reg. No.: 219479-18-2), 1,2-dihidro-4-hidroxi-1-metil-3-(5-tetrazolilcarbonil)-2-quinolona (CAS Reg. No.: 95855-00-8), como se describen en el documento WO-A-1999000020,

- 5 N) compuestos de la fórmula (S-XI) o (S-XII),
como se describen en los documentos WO-A-2007023719 y WO-A-2007023764



en las que

R_N^1 es halógeno, alquilo (C_1-C_4), metoxi, nitro, ciano, CF_3 , OCF_3

- 10 Y, Z independientemente uno de otro son O o S,

n_N es un entero de 0 a 4,

R_N^2 es alquilo (C_1-C_{16}), alqueno (C_2-C_6), (C_3-C_6)-cicloalquil, aril, bencil, halobencil,

R_N^3 es hidrógeno, alquilo (C_1-C_6),

O) uno o más compuestos del grupo que consiste en:

- | | | |
|----|---|----------------|
| 15 | Anhídrido | 1,8-naftálico, |
| | O,O-dietil-S-2-etiltioetilfosforoditioato | (disulfoton), |
| | 4-clorofenilmetilcarbamato(mefenato), O,O-dietil O-fenil fosforotioato | (dietolato), |
| | ácido 4-carboxi-3,4-dihidro-2H-1-benzopirán-4-acético (CL-304415, CAS Reg. No.: 31541-57-8), | |
| 20 | 2-propenil 1-oxa-4-azaspiro[4.5]decano-4-carboditioato (MG-838, CAS Reg. No.: 133993-74-5), | |
| | metilo [(3-oxo-1H-2-benzotipirán-4(3H)-iliden)metoxi]acetato (de WO-A-98/13361; CAS Reg. No.: 205121-04-6), | |
| | cianometoxiimino(fenil)acetonitrilo | (ciometrinil), |
| | 1,3-dioxolan-2-ilmetoxiimino(fenil)acetonitrilo | (oxabetrinil), |
| | 4'-cloro-2,2,2-trifluoroacetofenon-O-1,3-dioxolan-2-ilmetiloxima | (fluxofenim), |
| 25 | 4,6-dicloro-2-fenilpirimidina | (fencloirim), |
| | bencil 2-cloro-4-trifluorometil-1,3-tiazol-5-carboxilato | (flurazol), |
| | 2-diclorometil-2-metil-1,3-dioxolano | (MG-191), |

que incluyen los estereoisómeros, y las sales habituales en la agricultura.

- 30 Una mezcla de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales para ser aplicadas en conexión con otros compuestos activos conocidos, tales como fungicidas, insecticidas, acaricidas, nematocidas, repelentes de pájaros, nutrientes de planta y mejoradores de estructura de suelo a plantas transgénicas que contienen uno o más genes
- 35 quiméricos (I) que comprenden una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa*, que comprende más preferiblemente una secuencia de

ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus sp.*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13 , (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente mutantes como se describen en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885, WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprenden más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como

secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37), es igualmente posible.

Algunos de los protectores son ya conocidos como herbicidas y en consecuencia, además a la acción del herbicida contra plantas dañinas, también actúan mediante la protección de las plantas de cultivo.

Las proporciones en peso de herbicida (mezcla) al protector generalmente dependen de la rata de aplicación del herbicida y la efectividad del protector en cuestión y pueden variar dentro de amplios límites, por ejemplo en el intervalo de 200:1 a 1:200, preferiblemente de 100:1 a 1:100, particularmente de 20:1 a 1:20. Los protectores pueden ser formulados de manera análoga a los compuestos de la fórmula (I) o sus mezclas con otros herbicidas/pesticidas y ser proporcionados y usados como una formulación final o una mezcla de tanque con los herbicidas.

La rata aplicación requerida de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales en las áreas donde están creciendo tales plantas transgénicas que contienen uno o más genes quiméricos (I) que comprenden una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos que consisten en (a) Avena, preferiblemente *Avena sativa* , que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 1 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 2, (b) *Pseudomonas*, preferiblemente *Pseudomonas fluorescens*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 3 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 4, (c) *Synechococcoideae*, preferiblemente *Synechococcus sp.*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 6, que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 7, (d) *Blepharismidae*, preferiblemente *Blepharisma japonicum*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 8 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 9, (e) *Rhodococcus*, preferiblemente *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro03041 aislado que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 10 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 11, o *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), ro02040 aislado, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No.12 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 13 , (f) *Picrophilaceae*, preferiblemente *Picrophilus torridus*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 14 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 15, (g) *Kordia*, preferiblemente *Kordia algicida*, que comprende más preferiblemente una secuencia de ADN idéntica a SEQ ID No. 16 que codifica HPPD definida por SEQ ID No. 17, o (II) que comprende una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos anteriormente definidos, preferiblemente mutantes como se describen en los documentos WO 2010/085705, US6,245,968, WO 2009/144079, WO2011/076877, WO2011/076882, WO2011/076892, WO2011/076885,

WO2011/076889, WO 2012/021785, de acuerdo con este último, que comprenden más especialmente una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes obtenidos de maíz (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*), o (III) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una

5 secuencia mutada de una proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335 y un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336 (llamado PfHPPDEvo33 y que es divulgado bajo SEQ ID No:6 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID

10 No. 254), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No:8 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID

15 No. 275), o (iii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud bajo SEQ ID No. 296), o (IV) que comprende una

20 secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 352, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 55 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud

25 como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 32), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como

30 secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33), o (V) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de la cepa ATX22717 de *Pseudomonas aeruginosa* que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> S (Ser) en la posición 338, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la

35 posición 342 (llamado Axmi305H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 51 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 40), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 337, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 338, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala) en la posición 341 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la

40 posición 342 (llamado Axmi305H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 52 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 41), o (VI) que comprende una secuencia de ADN mutada descrita en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435), más específicamente una secuencia mutada de la proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* (i) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> S

45 (Ser) en la posición 336, y un reemplazo de A (Ala) -> E (Glu) en la posición 340 (llamado Axmi309H-Evo40 y que es divulgado bajo SEQ ID No 53 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) , y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 36), (ii) que comprende un reemplazo de E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo de G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo de K (Lys) -> A (Ala)

50 en la posición 339 y un reemplazo de A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente solicitud como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37), varía dependiendo entre otros, de condiciones externas tales como temperatura y humedad puede variar dentro de amplios límites, por ejemplo entre 0.001 y

10 000 g/ha o más de sustancia activa; sin embargo, es preferible entre 0.5 y 5000 g/ha, particularmente preferible entre 0.5 y 1000 g/ha y muy particularmente preferible entre 0.5 y 500 g/ha.

Listado de Secuencias

- 5 SEQ ID No. 1: Secuencia de ácido nucleico que codifica HPPD de *Avena sativa* optimizada para la expresión en células de *E. coli*
- SEQ ID No. 2: Proteína codificada por SEQ ID No. 1
- SEQ ID No. 3: Secuencia de ácido nucleico que codifica HPPD de *Pseudomonas fluorescens* mutada en la posición 336; mutación Gly => Trp (Pfw336)
- 10 SEQ ID No. 4: Proteína codificada por SEQ ID No. 3 (PfHPPD336W)
- SEQ ID No. 5: Secuencia de ácido nucleico que codifica HPPD de *Pseudomonas fluorescens* mutada en la posición 336; mutación Gly => Trp; optimizada para la expresión en soja y algodón.
- SEQ ID No. 6: Secuencia de ácido nucleico que codifica HPPD de *Synechococcus sp.*
- SEQ ID No. 7: Proteína codificada por SEQ ID No. 6
- 15 SEQ ID No. 8: Secuencia de ácido nucleico que codifica HPPD (FMP37) de *Blepharisma japonicum*
- SEQ ID No. 9: Proteína codificada por SEQ ID No. 8
- SEQ ID No. 10: Secuencia de ácido nucleico que codifica *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), aislada de HPPD (FMP22) ro03041
- 20 SEQ ID No. 11: Proteína codificada por SEQ ID No. 10
- SEQ ID No. 12: Secuencia de ácido nucleico que codifica *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), aislada de HPPD ro02040
- SEQ ID No. 13: Proteína codificada por SEQ ID No. 12
- SEQ ID No. 14: Secuencia de ácido nucleico que codifica HPPD de *Picrophilus torridus*
- 25 SEQ ID No. 15: Proteína codificada por SEQ ID No. 14
- SEQ ID No. 16: Secuencia de ácido nucleico que codifica HPPD (FMP27) de *Kordia algicida*
- SEQ ID No. 17: Proteína codificada por SEQ ID No. 16
- SEQ ID No. 18: Secuencia de ácido nucleico que codifica HPPD de *Synechococcus sp.* optimizada para la expresión en soja y algodón
- 30 SEQ ID No. 19: Secuencia de ácido nucleico que codifica HPPD de *Blepharisma japonicum* optimizada para la expresión en soja y algodón
- SEQ ID No. 20: Secuencia de ácido nucleico que codifica *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), aislado ro0341 HPPD optimizada para la expresión en soja y algodón
- 35 SEQ ID No. 21: Secuencia de ácido nucleico que codifica *Rhodococcus sp.* (cepa RHA1), aislada ro0240 HPPD optimizada para la expresión en soja y algodón

SEQ ID No. 22: Secuencia de ácido nucleico que codifica HPPD de *Picrophilus torridus* optimizada para la expresión en soja y algodón

SEQ ID No. 23: Secuencia de ácido nucleico que codifica HPPD de *Kordia algicida* optimizada para la expresión en soja y algodón

- 5 SEQ ID No 24 Secuencia de ácido nucleico que codifica HPPD (PfHPPD-Evo33) de *Pseudomonas fluorescens*

mutada en la posición 335, mutación Glu => Pro;
y mutada en la posición 336; mutación Gly => Trp

- 10 SEQ ID No 25 Proteína codificada por SEQ ID No 24.

SEQ ID No 26 Secuencia de ácido nucleico que codifica HPPD de *Pseudomonas fluorescens* (PfHPPD-Evo40) mutada en la posición 335, mutación Glu-->Pro,
mutada en la posición 336, mutación Gly-->Ser,
y mutada en la posición 340, mutación Ala-->Glu

- 15 SEQ ID No 27 Proteína codificada por SEQ ID No 26.

SEQ ID No 28 Secuencia de ácido nucleico que codifica *Pseudomonas fluorescens* HPPD (PfHPPD-Evo41)

mutada en la posición 335, mutación Glu-->Pro,

mutada en la posición 336, mutación Gly-->Trp,

- 20 mutada en la posición 339, mutación Lys-->Ala,

y mutada en la posición 340, mutación Ala-->Gln

SEQ ID No 29 Proteína codificada por SEQ ID No 28.

SEQ ID No 30 Secuencia de ácido nucleico que codifica HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* Axmi428H

- 25 SEQ ID No 31 Proteína codificada por SEQ ID No 30.

SEQ ID No 32 Secuencia de proteína de HPPD (Axmi428-Evo40) de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* Axmi428H

Mutada en la posición 351, mutación Glu-->Pro,

mutada en la posición 352, mutación Gly--> Ser, y

- 30 mutada en la posición 356, mutación Ala -->Glu

SEQ ID No 33 Secuencia de proteína de HPPD (Axmi428-Evo41) de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* Axmi428H H

mutada en la posición 351, mutación Glu-->Pro,

mutada en la posición 352, mutación Gly--> Trp,

mutada en la posición 355, mutación Lys-->Ala, y

mutada en la posición 356, mutación Ala -->Gln

SEQ ID No 34 Secuencia de ácido nucleico que codifica HPPD de *Pseudomonas agarici*
Axmi309H.

5 SEQ ID No 35 Proteína codificada por SEQ ID No 34.

SEQ ID No 36 Secuencia de proteína de HPPD (Axmi309-Evo40) de *Pseudomonas agarici*
Axmi309H

mutada en la posición 335, mutación Glu-->Pro,

mutada en la posición 336, mutación Gly--> Ser, y

10 mutada en la posición 340, mutación Ala -->Glu

SEQ ID No 37 Secuencia de proteína de HPPD (Axmi309-Evo41) de *Pseudomonas agarici*
Axmi309H

mutada en la posición 335, mutación Glu-->Pro,

mutada en la posición 336, mutación Gly--> Trp,

15 mutada en la posición 339, mutación Lys-->Ala, y

mutada en la posición 340, mutación Ala -->Gln

SEQ ID No 38 Ácido nucleico que codifica HPPD de *Pseudomonas aeruginosa* Axmi305H.

SEQ ID No 39 Proteína codificada por SEQ ID No 38.

SEQ ID No 40 Secuencia de proteína de *Pseudomonas aeruginosa* Axmi305H

20 (Axmi305-Evo40)

mutada en la posición 337, mutación Glu-->Pro,

mutada en la posición 338, mutación Gly--> Ser, y

mutada en la posición 342, mutación Ala -->Glu

SEQ ID No 41 Secuencia de proteína de *Pseudomonas aeruginosa* Axmi305H

25 (Axmi305-Evo41)

mutada en la posición 337, mutación Glu-->Pro,

mutada en la posición 338, mutación Gly--> Trp,

mutada en la posición 341, mutación Lys-->Ala, y

mutada en la posición 342, mutación Ala -->Gln

30 SEQ ID NO 42 Proteína de HPPD codificada por *Avena sativa*

SEQ ID No 43 Proteína de HPPD como de SEQ ID No 42 que tiene una eliminación en la
posición 109 (*Avena sativa* Δ A109).

SEQ ID No 44 HPPD Proteína codificada por *Zea mays*.

SEQ ID No 45 Ácido nucleico que codifica HPPD (PfHPPD) de *Pseudomonas fluorescens*.

SEQ ID No 46 Proteína codificada por SEQ ID No 45.

Ejemplos

5 A. Clonación de HPPD de Avena (de acuerdo con el documento WO02/46387)

A1- Clonación para expresión en células de *E. coli*

Se ordenó el ADNc que codifica HPPD de *Avena sativa* (AvHPPD; SEQ ID No. 1) al GeneArt (Regensburg, Alemania) empleando el uso de codón optimizado para la expresión del gen en células de *Escherichia coli*. Cadena arriba del codón de inicio se añadió la secuencia que
10 corresponde al sitio de reconocimiento de la enzima de restricción BamHI, y cadena bajo del codón de parada se añadió el tramo de secuencia que corresponde al sitio de reconocimiento de la enzima HindIII. El fragmento sintetizado fue clonado usando las enzimas de restricción BamHI y HindIII en el vector pET32a previamente abierto (Novagen, Darmstadt, Alemania), con el fin de
15 obtener una fusión con la etiqueta His presente en el vector en la extremidad terminal en N de la proteína AvHPPD (SEQ ID No. 2). El vector resultante fue llamado pET32a-AvHPPDe.

La proteína fue producida en *E.coli* y aislada siguiendo el protocolo estándar (como se describe por ejemplo en el documento WO2009/144097).

A2- Clonación del gen de AvHPPD en el vector binario pBin19 para expresión en plantas

Se cortó el ADNc que corresponde al gen que codifica para la proteína de AvHPPD, del plásmido pET32a-AvHPPDe, usando las enzimas de restricción NcoI y NotI. Se llenó la secuencia sobresaliente resultante de la restricción de NotI, y el fragmento consecuente fue entonces
20 clonado en el vector pRT100-OTPC (véase por ejemplo Töpfer (1987), Nucleic Acids Res. 15: 5890, y PCT/EP2010/070561) previamente restringido con las enzimas NcoI y SmaI. El plásmido resultante fue llamado pBin19-CaMV35S-OTPC-AvHPPDe-35S, y fue usado para transformar la
25 cepa ATHV de *Agrobacterium tumefaciens* (véase por ejemplo el documento PCT/EP2010/070561).

B Clonación de PfHPPD-G336W

B1- Clonación de PfHPPD-G336W para la expresión en células *E. coli*

Se usó el gen que codifica para el mutante HPPD G336W (SEQ ID No. 3) (US 6,245,968) de *Pseudomonas fluorescens* en el plásmido pKK233-2 (Clontech) (US 6245968) como una plantilla
30 para una PCR para añadir a la secuencia en su extremidad 5' la secuencia que corresponde al sitio de reconocimiento de la enzima NcoI y en su extremidad 3' la secuencia que corresponde al sitio de reconocimiento de la enzima XbaI (véase el documento WO 2009/144079). La clonación fue hecha con el fin de obtener una proteína de fusión de etiqueta His en la extremidad terminal
35 en N de la HPPD G336W de *Pseudomonas* (SEQ ID No. 4) llamada "pSE420(RI)NX-PfG336W".

B2 - Clonación de PfHPPD-G336W para la expresión en plantas

Un vector binario para transformación de tabaco o soja es, por ejemplo, construido con el promotor de CaMV35 conduciendo la expresión del gen PfHPPD-G336W (SEQ ID No 5), con un
40 uso de codón optimizado para la expresión en plantas dicotiledóneas y se añadió en su extremidad 5' una secuencia que codifica para un OTP, y además cadena arriba una secuencia TEV (virus de grabado de tabaco) para mejorar la estabilidad del ARNm en plantas seguido por el terminador CaMV35S. Adicionalmente, el vector de transformación también contiene una cinta de gen PAT en el que el gen es conducido por un promotor CaMV35S y seguido por un terminador

CaMV35S para selección basada en glufosinato durante el proceso de transformación y una cinta de gen 2mEPSPS, en el que el gen es conducido por un promotor de histona de *Arabidopsis* para conferir tolerancia al herbicida de glifosato a las plantas transformadas. El vector binario fue llamado pFCO117.

- 5 Pueden clonarse todos los otros genes mutados de *Pseudomonas* y genes obtenidos de otros organismos de acuerdo con esta invención, en analogía con lo anterior.

B3 – Enfoque alternativo para clonación de genes de HPPD dentro de una cinta expresión de planta.

- 10 Para cada uno de los genes de HPPD descritos aquí, el marco de lectura abierto (ORF) es amplificado por PCR desde una plantilla de ADN de longitud total. Los sitios de restricción Hind III son añadidos a cada extremo de la ORFs durante la PCR. Adicionalmente, la secuencia de nucleótido ACC es añadido inmediatamente en 5' al codón de inicio del gen para incrementar la eficiencia translacional (Kozak (1987) Nucleic Acids Research 15:8125-8148; Joshi (1987) Nucleic Acids Research 15:6643-6653). El producto de PCR es clonado y se le determina la
15 secuencia usando métodos bien conocidos en la técnica para asegurar que no se introducen mutaciones durante la PCR.

- El plásmido que contiene el producto de PCR es sometido a digestión con Hind III y el fragmento que contiene el fragmento intacto ORF es aislado. Este fragmento es clonado dentro del sitio Hind III de un plásmido tal como pAX200, un vector de expresión de plantas que contiene el
20 promotor de actina de arroz (McElroy et al. (1991) Molec. Gen. Genet. 231:150-160) y el terminador de PinII (An et al. (1989) The Plant Cell 1:115-122). El fragmento terminador – gen – promotor de este plásmido intermedio es subclonado a continuación en el plásmido pSB11 (Japan Tobacco, Inc.) para formar un plásmido final basado en pSB11. Estos plásmidos basados en pSB11 están típicamente organizados de tal forma que el fragmento de ADN que contiene la
25 estructura terminador – gen – promotor, pueda ser extirpado por doble digestión por enzimas de restricción, tales como Kpn I y Pme I, y usadas para transformación dentro de plantas por inyección de chorro de aerosol. La estructura de los clones basados en pSB11 resultantes es verificada por digestión de restricción y electroforesis de gel, y mediante determinación de secuencia a través de las diversas uniones de clonación.

- 30 El plásmido es movilizado dentro de la cepa LBA4404 de *Agrobacterium tumefaciens* que también alberga el plásmido pSB1 (Japan Tobacco, Inc.), usando procedimientos de apareamiento triparental bien conocidos en la técnica, y colocando en placa en medios que contienen espectinomicina. El clon de plásmido basado en pSB11 porta resistencia de espectinomicina pero es un plásmido de intervalo anfitrión estrecho y no puede replicarse en
35 *Agrobacterium*. Las colonias resistentes de espectinomicina surgen cuando plásmidos basados en pSB11 se integran en el plásmido pSB1 de amplio intervalo anfitrión a través de recombinación homóloga. El producto cointegrado de plásmidos basados en el pSB1 y el pSB11 son verificados por hibridación del Sur. La cepa de *Agrobacterium* que alberga el cointegrado es usada para transformar maíz por métodos conocidos en la técnica, tales como, por ejemplo, el
40 método de PureIntro (Japan Tobacco).

C Mutación de diferentes enzimas de HPPD

C1- Biblioteca de mutación puntual de primera generación (como se describe en detalle en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435)).

- 45 El mutante Pfw336 se sometió a mutagénesis adicional en varias posiciones. La aleatorización de estas posiciones fue llevada a cabo usando el Kit del Relámpago de QUIKCHANGE®. La diversidad teórica de la biblioteca fue aproximadamente 300. Los mutantes fueron agrupados y transformados en células de *E. coli* de DH5α. Se discriminaron 600 clones individuales por

tolerancia al inhibidor de HPPD de tembotriona (TBT). Los clones crecieron en medios LB más kanamicina a 37 grados C en un agitador hasta alcanzar un OD600 nm de 0.3. Después los cultivos se cambiaron a 30 grados C y se incubaron por 17 horas adicionales. Los cultivos se sometieron a centrifugación y los pellas de células se suspendieron nuevamente en Hepes/KOH 10 mM pH 7.6, MgCl₂ 4 mM MgCl₂, DTT 1 mM. Las células se sometieron a lisis mediante golpes con perlas y se obtuvieron extractos celulares solubles después de la centrifugación.

Los mutantes se analizaron usando un ensayo de color marrón. Se ensayaron específicamente, los extractos de HPPD en formato de 96 pozos para tolerancia inhibidora de HPPD mediante aplicación de mancha en medio sólido que contiene agar LB, kanamicina, tirosina 5 mM, succinato 42 mM y un inhibidor de HPPD. En la criba primaria, se aplicaron manchas de 20 ul de extracto por triplicado en placas que contenían de tembotriona 250 uM. Se cubrieron las placas con cinta airpore e incubado a 37 grados C. Después de 24 horas, la formación de pigmentos marrón fue visualmente comparada con una muestra que contenía PfHPPD336W. Las variantes que muestran incremento en la formación de pigmentos en la presencia de TBT fueron ensayadas nuevamente en compuesto activo de isoxaflutol (IFT) TBT 250 uM y dicetonitrilo 250 uM (DKN). Aquellas variantes que mostraron nuevamente mejora en la tolerancia de inhibidor fueron expresadas nuevamente, y el extracto fue valorado en TBT 250 uM y DKN 250 uM para determinar el grado de mejora. Las muestras de extracto fueron también analizadas por SDS-PAGE y se encontró que los extractos contenían cantidades iguales de proteína de HPPD.

C2 – Discriminación de la biblioteca de la segunda generación de permutación (como se describe en detalle en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435))

Se analizaron las secuencias de las mejores variantes de primera generación y se generó una biblioteca de permutación de segunda generación en la región que combina las posiciones a 335, 336, 339, 340. La discriminación fue llevada a cabo como se describe anteriormente bajo C1. La siguiente valoración de datos muestra que la variante PfHPPDEvo40 había mejorado la tolerancia a TBT y DKN comparada con PfHPPD336W. El análisis de SDS-PAGE fue llevado a cabo y no mostró diferencias en los niveles de expresión de HPPD entre variantes.

Las variantes también se ensayaron mediante aplicación en placa de células completas de *E. coli* que expresan HPPDs en medios que contienen diferentes inhibidores de HPPD. Para estos experimentos, células de DH5α que contienen HPPD que expresan plásmido crecieron en medio LB + kanamicina hasta que se alcanzó un OD600nm=0.5. Se prepararon diluciones en serie de células en medio LB + kanamicina correspondientes a valores de OD600 de 0.016, 0.008, 0.004, y 0.002. Se colocaron en placas diez microlitros de cada dilución por triplicado en placas que contienen no inhibidor de HPPD, TBT 250 uM, DKN 250 uM y mesotriona (MST) 250 uM. Las placas fueron incubadas por 18 horas a 37 grados C. El análisis de SDS-PAGE fue llevado a cabo y no mostró diferencias en los niveles de expresión de HPPD entre variantes.

C3 - Preparación de mutante G336W (PfW336) de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* y caracterización cinética de enzimas de HPPD.

La secuencia de nucleótido de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* nativa (PfHPPD, 1077 bp, como se describe en el documento WO2009144079), que codifica la secuencia de aminoácido listada aquí como SEQ ID No 45, y como se describe en los documentos WO2009144079, WO 96/38567, y en Rüetschi et al. (Eur. J. Biochem., 205, 459-466, 1992), fue clonada inicialmente en el sitio único NcoI del vector de expresión pKK233-2 (Pharmacia) que provee un codón de inicio.

En el extremo 5', directamente cadena bajo a la ATG, fue insertada una secuencia de ácido nucleico que codifica un aminoácido alanina y una secuencia de ácido nucleico que codifica una etiqueta HIS6 terminal en N. Se añadieron cadena arriba a la ATG, dos pares de bases de cisteína adicionales con el fin de obtener una secuencia que corresponde al sitio de reconocimiento de la enzima NcoI de restricción y cadena abajo al codón de detención fueron

adicionadas las secuencias que corresponden al sitio de reconocimiento de la enzima XbaI. Con las enzimas de restricción NcoI y XbaI, se cortó la secuencia de ADN que corresponde al gen, que incluye la secuencia que codifica la etiqueta HIS, y después se clonó en el vector pSE420(RI)NX (5261 bp) de expresión modificado.

- 5 El vector pSE420(RI)NX (5261 bp) de expresión y clonación está basado en el plásmido pSE420 por Invitrogen (Karlsruhe, Alemania). Las modificaciones de este vector incluyen la adición de un gen npt ii (neomicina fosfotransferasa; Sambrook y Russell, 2001, Molecular Cloning: a laboratory manual (tercera edición)) que confieren tolerancia a el antibiótico kanamicina y al cual le falta la mayoría de la región del superenlazador (sitio de clonación múltiple).
- 10 El plásmido posee el promotor trp-lac (trc) y el gen lacI^q que provee el represor lac en cada cepa anfitriona de *E. coli*. El represor lac se liga a el operador lac (lacO) y restringe la expresión del gen objetivo; esta inhibición puede ser aliviada por inducción con Isopropilo β-D-1-tiogalactopiranosido (IPTG).

- 15 El vector resultante fue llamado pSE420(RI)NX-PfHPPD y fue usado para transformar las células de *Escherichia coli* BL21 (Merck, Darmstadt, Alemania).

El plásmido pSE420(RI)NX-PfHPPD fue sometido a mutagénesis dirigida al sitio mediada por PCR para alterar un codón definido en sitios que corresponden a el gen de PfHPPD. El codón que codifica Glicina (G) en la posición 336 fue reemplazado por un codón que codifica triptófano (W). El mutante resultante fue llamado Pfw336, y el vector resultante pSE420(RI)NX-Pfw336.

- 20 La expresión de HPPD fue llevada a cabo en *E. coli* K-12 BL21 que contiene pSE420(RI)NX-PfHPPD o pSE420(RI)NX-Pfw336. Se dejaron crecer las células hasta que el OD alcanzó 0.5, después la expresión fue iniciada desde el promotor trp-lac (trc) por inducción con IPTG 1 mM que se liga al represor lac y causa su disociación del operón lac. La expresión se llevó a cabo durante 15 h a 28 °C.

- 25 Para preparar el cultivo pre iniciador, se inocularon 2 mL de medio TB (100 µg*mL⁻¹ de carbenicilina) con 50 µL de una solución madre de glicerol de *E. coli* K-12 BL21. El cultivo pre iniciador fue incubado a 37 °C con agitación de 140 rpm por 15 h. Se usaron 200µl del cultivo pre iniciador para iniciar el cultivo de inicio (5mL TB suplemento con 100 µg*L⁻¹), que fue incubado 3 h a 37°C.

- 30 Para preparar el cultivo principal, fueron inoculados 400 mL de medio TB (100 µg*mL⁻¹ de carbenicilina) con 4 mL del cultivo de inicio. Éste cultivo de inicio fue incubado a 37 °C con agitación a 140 rpm hasta que fue alcanzado el OD₆₀₀ de 0.5. La expresión de proteína recombinante fue inducida con 400 µl de solución de IPTG 1M. Se les permitió crecer a las células por una hora adicional bajo estas condiciones, después la temperatura fue bajada a 28°C
- 35 y el cultivo fue agitado a 140 rpm por 15 h. Las células fueron cosechadas por centrifugación a 6000 x g por 15 min a 4 °C. Entonces se almacenaron las pellas celulares a -80 °C.

D - producción de proteína de HPPD en *E. coli*, purificación a través de etiqueta His

- 40 Fue clonada inicialmente la AtHPPD de *Arabidopsis thaliana* que codifica la secuencia (1335 bp; Genbank AF047834; WO 96/38567) en el vector de expresión pQE-30 (QIAGEN, Hilden, Alemania) entre los sitios de restricción de BamHI y HindIII. El vector obtenido fue llamado "pQE30-AtHPPD" (véase el documento WO 2009/144079).

- 45 El plásmido posee el promotor trp-lac (trc) y el gen lacI^q que provee el represor lac en cada cepa anfitriona de *E. coli*. El represor lac se liga al operador lac (lacO) y restringe la expresión del gen objetivo; esta inhibición puede ser aliviada por inducción con Isopropilo β-D-1-tiogalactopiranosido (IPTG).

Todos los anteriores vectores de expresión de *E. coli* definidos, fueron usados para transformar células BL21 de *Escherichia coli* (Merck, Darmstadt, Alemania).

Para el AtHPPD (HPPD de *Arabidopsis thaliana*) que fue usado como referencia véase el documento WO 2009/144079.

- 5 La expresión de HPPD fue llevada a cabo en *E. coli* K-12 BL21 que contenía pQE30-AtHPPD, pET32a-AvHPPDe, pSE420(RI)NX-Pfw336, pSE420(RI)NX-FMP27 o pSE420(RI)NX-FMP37. Se dejaron crecer las células hasta que el OD alcanzó 0.5, después la expresión fue iniciada desde el promotor trp-lac (trc) por inducción con IPTG 1 mM que se liga al represor lac y causa su disociación del operón lac. La expresión se llevó a cabo durante 15 h a 28 °C.
- 10 Para preparar el cultivo pre iniciador, se inocularon 2 mL de medio TB (100 µg*mL⁻¹ de carbenicilina) con 50 µL de una solución madre de glicerol de *E. coli* K-12 BL21. El cultivo pre iniciador fue incubado a 37 °C con agitación de 140 rpm por 15 h. Se usaron 200µl del cultivo pre iniciador para iniciar el cultivo de inicio (5mL TB suplemento con 100 µg*L⁻¹), que fue incubado 3 h a 37°C.
- 15 Para preparar el cultivo principal, fueron inoculados 400 mL de medio TB (100 µg*mL⁻¹ de carbenicilina) con 4 mL del cultivo de inicio. Éste cultivo de inicio fue incubado a 37 °C con agitación a 140 rpm hasta que fue alcanzado el OD₆₀₀ de 0.5. La expresión de proteína recombinante fue inducida con 400 µl de solución de IPTG 1M. Se les permitió crecer a las células por una hora adicional bajo estas condiciones, después la temperatura fue bajada a 28°C
- 20 y el cultivo fue agitado a 140 rpm por 15 h. Las células fueron cosechadas por centrifugación a 6000 x g por 15 min a 4 °C. Entonces se almacenaron las pellas celulares a -80 °C.

D1 - Aislamiento y purificación de HPPD etiquetado de His₆ en forma nativa de células de Lisis

- Las células se sometieron a lisis usando Lisozima, una enzima que escinde enlaces 1,4-β entre el ácido N-acetilmurámico y residuos de N-acetil-D-glucosamina en peptidoglicano que forma la pared celular bacteriana. Las membranas celulares fueron después interrumpidas por la presión interna de las células bacterianas. Adicionalmente, el amortiguador de lisis contenía Benzonasa® Nucleasa, una endonucleasa que hidroliza todas las formas de ADN y ARN sin dañar las proteínas y por lo tanto reduce la viscosidad del producto de lisis celular. La lisis bajo condiciones nativas fue llevada a cabo en hielo.
- 25
 - 30 Para purificación de proteínas etiquetadas His₆ fue usado el Kit de Inicio Rápido QIAexpress® Ni-NTA siguiendo el manual de instrucciones de usuario.

D2 - Purificación de proteínas etiquetadas His₆ por cromatografía de afinidad por iones metálicos inmovilizados (IMAC)

- 35 El producto de lisis celular clarificado (10 mL) obtenido después de la centrifugación de la reacción de lisis fue cargado en una Columna de Inicio Rápida Ni-NTA desde el Kit de Inicio Rápido QIAexpress® Ni-NTA (Qiagen, Hilden, Alemania) y la purificación fue llevada a cabo de acuerdo con el manual de instrucción. La proteína etiquetada His₆ fue sometida a elución con 2.5 mL de amortiguador de elución.

D3 - Desalinización de las soluciones de HPPD por filtración de gel

- 40 Las soluciones de HPPD eluidas de una Columna de Inicio Rápida Ni-NTA con 2.5 mL de amortiguador de elución fueron aplicadas a una columna de Sephadex G-25 PD-10 (GE Healthcare, Freiburg, Alemania) siguiendo el manual de instrucción. Después de que toda la mezcla ha entrado al lecho de gel, se llevó a cabo la elución con 3.5 mL de almacenamiento de amortiguador.

Las soluciones de HPPD eluidas de la columna de desalinización fueron congeladas a -80 °C en alícuotas de 1 mL.

D4 - Determinación de la concentración de la proteína de HPPD usando el ensayo de proteína de Bradford

- 5 Se determinó la concentración de proteína usando el ensayo estándar Bradford (Bradford, (1976), Anal Biochem 72: 248-254).

D5 - Determinación de pureza de soluciones de HPPD usando SDS-PAGE

- 10 La integridad de la proteína que hizo elución fue verificada por electroforesis de gel de proteína SDS-PAGE usando el gel NuPAGE® Novex 4-12 % Bis-Tris Gels (Invitrogen, Karlsruhe, Alemania), aproximadamente fueron cargados 10 µg de proteína. Fueron añadidos 10 µL de Laemmli Sample Buffer a 1-10 µL de solución de proteína y la mezcla fue incubada a 90 °C por 10 min. Después del paso de centrifugación corta, toda la mezcla fue cargada una ranura de un gel SDS previamente fijado en una cámara de gel XCell SureLock™ Novex Mini-Cell llenada con NuPAGE® MOPS SDS Running Buffer (diluido de la solución de 20 x con ddH₂O). Fue
15 aplicado un voltaje de 150 a la cámara de gel por 1 h. Para teñir las bandas de proteína se sumergió el gel, en Coomassie Brilliant Blue R-250 Staining Solution. Para la tinción de bandas de proteína, se sumergió el gel en Solución de Tinción Coomassie Azul Brillante R-250, para la remoción de la tinción del gel de poliacrilamida se sumergió en Solución de Remoción de Tinción Coomassie Azul Brillante R-250 hasta que las bandas azules de proteína aparezcan en un gel
20 blanco.

E - Determinación de la actividad de HPPD en presencia de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida

- 25 Se determinaron valores pI50 (el valor del logaritmo de la concentración del inhibidor necesario para inhibir 50% de la actividad de la enzima en concentración molar, véase 3^{ra} columna de la Tabla 1) para 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida a partir de gráficos de dosificación-respuesta de actividad de HPPD versus concentración de inhibidor, usando el denominado ensayo HGD y el Modelo Logístico de Parámetro 4 o el Modelo Sigmoidal de Dosificación-Respuesta del paquete de programas de D Business Solutions Ltd. XLfit. Con el ensayo HGD se midió la actividad de HPPD a temperatura ambiente al añadir
30 cantidades apropiadas de HPPD a una solución Tris-HCl 200 mM pH 7.6, ascorbato 10 mM, FeSO₄ 20 µM, 650 unidades de catalasa, 8 µg de HGA dioxigenasa (HGA: homogentisato) y 600 µM de HPP en un volumen total de 1 ml. Se determinaron las ratas de reacción inicial a partir del aumento en absorbancia a 318 nm debido a la formación de maleilacetoacetato ($\epsilon_{318} = 11,900 \text{ M}^{-1} \text{ cm}^{-1}$).
35 En casos, en que es usado el símbolo “>”, este indica que el valor era muy superior al indicado, pero no pudo ser calculado con precisión dentro del intervalo de concentración del inhibidor probado.

En la 1^{ra} columna de la Tabla 1, la HPPD empleada en el ensayo es llamada y en la 2^{da} columna de la Tabla 1 se divulga, la correspondiente SEQ ID No de la presente invención.

- 40 En la 4^{ta} columna de la Tabla 1 se divulga, la inhibición de actividad de enzimas de la respectiva enzima en la concentración de 0.2 µM de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida.

Todos los resultados son mostrados en la Tabla 1.

Tabla 1

HPPD	SEQ ID No	pl ₅₀	% de inhibición a 0.2 µM
PfHPPD	46	7,0	76
PfHPPD336W	4	6,7	76
PfHPPD-Evo33	25	6,6	39
PfHPPD-Evo40	27	6,6	40
PfHPPD-Evo41	29	6,7	50
Axmi428H	31	7,0	71
Axmi428H-Evo40	32	5,6	8
Axmi428H-Evo41	33	6,0	25
Axmi309H	35	7,1	78
Axmi309H-Evo41	37	6,5	26
FMP22	11	5,9	0
FMP27	17	6,5	29
FMP37	9	5,3	0
<i>Avena sativa</i> Δ A109	43	5.7	8

Éstos datos muestran que la HPPD derivada de diversos organismos sí muestra una tolerancia aceptable para 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida (véase PfHPPD, Axmi309H, FMP22, FMP27, FMP37) y ciertos mutantes de algunos de los anteriores (véase PfHPPD336W, PfHPPD-Evo33, PfHPPD-Evo40, PfHPPD-Evo41, Axmi428H-Evo40, Axmi428H-Evo41, Axmi309H-Evo41) son incluso menos sensibles a 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida.

F – Transformación de Soja

La transformación de soja es lograda mediante el uso de métodos bien conocidos en la técnica, tal como el que se escribe usando la transformación mediada por *Agrobacterium tumefaciens* de explantes de media semilla de soja usando esencialmente el método descrito por Paz et al. (2006), Plant cell Rep. 25:206. Se identifican transformantes usando diferentes inhibidores de HPPD como marcador de selección. Se puede observar la aparición de brotes verdes, y documentarlos como un indicador de tolerancia al respectivo herbicida. Los brotes transgénicos tolerantes mostrarán adopción de color verde comparables con los brotes de soja de tipo silvestre no tratados con el respectivo inhibidor de HPPD, mientras que los brotes de soja de tipo silvestre tratados con la misma cantidad del respectivo inhibidor de HPPD serán completamente blanqueados. Esto indica que la presencia de la proteína de la HPPD habilita la tolerancia a herbicidas inhibidores de HPPD.

Se transfieren brotes verdes tolerantes al medio de enraizamiento o son injertos. Las plántulas enraizadas son transferidas al invernadero después de un periodo de aclimatación. Las plantas que contienen el transgén son entonces atomizadas con herbicidas inhibidores de HPPD, como por ejemplo con tembotriona a una tasa de 100g AI/ha. Días después de la aplicación, se

5 evaluaron los síntomas debidos a la aplicación del herbicida y comparados con los síntomas observados en plantas de tipo silvestre bajo las mismas condiciones.

Se usaron plantas de soja obtenidas de acuerdo con lo anterior para recoger datos de los ensayos de campo.

G - Selección y establecimiento de plantas de algodón T0.

- 10 La transformación de algodón es lograda al usar métodos bien conocidos en la técnica, el método especialmente preferido es el descrito en el documento PCT WO 00/71733. Se transfieren plantas regeneradas al invernadero. Siguiendo un periodo de aclimatación, las plantas con suficiente crecimiento, son atomizadas con herbicidas inhibidores de HPPD como por ejemplo tembotriona equivalente a 100 g AI/ha suplementada con sulfato de amonio sulfato y metilésteres
- 15 de aceite de colza. Siete días después de la aplicación del aerosol, se evalúan los síntomas debidos al tratamiento con herbicida y comparados con los síntomas observados en plantas de algodón de tipo silvestre sometidas al mismo tratamiento bajo las mismas condiciones.

H - Transformación de células de planta de maíz por Transformación Mediada de *Agrobacterium*

- 20 La construcción de cinta de expresión de planta para expresión estable en la planta de maíz y transformación de maíz son bien conocidos en la técnica y en este ejemplo en particular los métodos fueron descritos y usados de los documentos PCT WO2014/043435 y WO2008/100353. Las secuencias de polinucleótidos que codifican las variantes de HPPD (PCT/US2013/59598 (WO2014/043435)) han sido cubiertas con una secuencia de ADN que codifica una proteína de EPSPS para conferir tolerancia a herbicidas, cuyo objetivo es la EPSPS. El gen de EPSPS fue
- 25 aislado de *Arthrobacter globiformis* (WO2008/100353) y unido en marco a una secuencia de péptido de tránsito para guiar la translocación de la proteína traducida al cloroplasto. La expresión estable fue lograda con un promotor ubicuo (promotor de Ubiquitina 4 para caña de azúcar, documento EEUU 6,638,766), y una secuencia de terminador 35S de Virus Mosaico de la Coliflor, que fue clonado cadena arriba y cadena bajo del gen de EPSPS, respectivamente.

- 30 Las variantes de HPPD correspondientes fueron clonadas con el mismo promotor, péptido de tránsito de cloroplasto, y secuencia de terminador como se describe para la cinta de expresión del gen de EPSPS. Las secuencias que codifican para ambos genes han sido optimizadas de codón para expresión de maíz

- 35 Para la transformación de maíz las orejas fueron recolectadas de 8 a 12 días después de la polinización. Los embriones fueron aislados de las orejas, y fueron preferidos aquellos embriones en tamaño de 0.8-1.5 mm para uso en la transformación. Los embriones fueron inoculados sobre el lado superior de una placa de escutelo en un medio de incubación adecuado, e incubados durante la noche a 25°C en la oscuridad. Sin embargo, no es necesario per se incubar los embriones durante la noche. Los embriones establecieron contacto con una cepa de
- 40 *Agrobacterium* que contenía los vectores apropiados que tiene una secuencia de nucleótido de la presente invención para transferencia mediada de plásmido Ti por aproximadamente 5-10 min, y después se inocularon en placa en un medio de cocultivo durante aproximadamente 3 días (25°C en la oscuridad). Después del cocultivo, se transfirieron los explantes a los medios de período de recuperación por aproximadamente cinco días (a 25°C en la oscuridad). Se incubaron los
- 45 explantes en medios de selección con glifosato por un máximo de ocho semanas, dependiendo de la naturaleza y características de la selección particular usada. Después del periodo de selección, el callo resultante fue transferido a los medios de maduración del embrión, hasta que se observó la formación de embriones somáticos maduros. Los embriones somáticos maduros

resultantes fueron colocados bajo luz baja, y el proceso de regeneración fue iniciado como se conoce en la técnica. Se les permitió a los brotes resultantes enraizar en medios de enraizamiento, y las plantas resultantes son transferidas a macetas y propagadas como plantas transgénicas. Las plantas fueron analizadas rutinariamente para expresión y presencia del transgén usando el método de detección de proteína ELISA. Fueron usadas únicamente las plantas que se recuperaron en los medios de selección y que tienen una expresión de proteína de transgén de HPPD detectable para el análisis de tolerancia de herbicida.

I – Evaluación de tolerancia a herbicida de plantas transgénicas que expresan variantes de proteína de HPPD mutada

I1 – Ensayos de invernadero con plantas T0 de maíz transgénico

Fueron trasplantados eventos T0 regenerados de cultivo de tejido en macetas cuadradas de dos pulgadas con suelo sintético (Fafard® Mix) y fertilizante de liberación controlada (Haifa Multicote™; fertilizante de liberación controlada recubierto de polímero, NPK Pro 18-6-12 + Micronutrientes) y cultivados en el invernadero (GH) bajo luz de sodio de presión alta suplementaria por 12 días a un máximo de 30°C durante el día y a un mínimo de 22°C en la noche. Las plantas recuperadas completamente fueron transferidas a macetas cuadradas de cinco pulgadas llenas con tierra sintética y fertilizante de liberación controlada bajo las mismas condiciones de ambiente. Después de siete días las plantas T0 han sido atomizadas con 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida ya sea a 25 g Al/ha (con “g Al/ha” que indica “gramos de ingrediente activo por hectárea”), 50g Al/ha, o 100g Al/ha preparado de una formulación suplementada de WP20 (polvo que se puede humectar 20%) con la mezcla de aceite vegetal esterificado (adyuvantes de atomización Hasten™, 0.578% v/v) y sulfato de amonio (AMS, 0.97% p/v). Todos los tratamientos de herbicida fueron conducidos en un sistema de DeVries Tracker Sprayer, con protocolos de aplicación estándar, que son bien conocidos en la técnica. Como una atomización de control, se han atomizado eventos T0 con la mezcla adyuvante que carece del herbicida. Todos los eventos T0 atomizados con esta mezcla no mostraron hojas blanqueadas.

Si no se indica lo contrario, seis días después del tratamiento (DAT) de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida se evaluaron los daños de eventos T0 transgénicos.

Se usaron eventos T0, que expresan el gen marcador seleccionable de EPSPS y no poseen un tipo de variante de HPPD, como plantas de maíz de control y exhibieron 100% de daños de hojas ya a 25 g Al/ha de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida.

Las plantas de maíz no transformadas también exhibieron 100% de daños de hojas ya a 25 g Al/ha de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida.

La Tabla 2 resume lo resultados de las plantas de maíz transgénicas que expresan mutantes de proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* que comprenden un reemplazo E (Glu) -> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado PfHPPDEvo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No:16 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente invención bajo SEQ ID No. 29), o una secuencia de ADN mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas (=Comamonas) testosteroni* que comprende un reemplazo E (Glu) -> P (Pro) en la posición 351, un reemplazo G (Gly) -> W (Trp) en la posición 352, un reemplazo K (Lys) -> A (Ala) en la posición 355 y un reemplazo A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 356 (llamado Axmi428H-Evo41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 56 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente invención como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 33) o una secuencia mutada de proteína de HPPD de *Pseudomonas agarici* que comprenden un reemplazo E (Glu) -

> P (Pro) en la posición 335, un reemplazo G (Gly) -> W (Trp) en la posición 336, un reemplazo K (Lys) -> A (Ala) en la posición 339 y un reemplazo A (Ala) -> Q (Gln) en la posición 340 (llamado Axmi309H-EVO41 y que es divulgado bajo SEQ ID No 54 en el documento PCT/US2013/59598 (WO2014/043435) y que es divulgado en la presente invención como secuencia de proteína de HPPD bajo SEQ ID No 37).

Las plantas de maíz de control expresan el gen marcador seleccionable de EPSPS y no poseen una variante proteína de HPPD. Las plantas clasificadas con una calificación de "0" mostraron un blanqueamiento severo de la hoja en un intervalo de 41% a 100% de daño del total del área de la hoja. Una calificación de "1" fue asignada a plantas que tienen una tolerancia moderada con 16% a 40% de daño del total del área de la hoja. Una calificación de "2" fue asignada a plantas con buena tolerancia dentro del intervalo de 6% a 15% de daño del total del área de la hoja. Las plantas con una calificación de "3" casi no mostraron un blanqueamiento en 5% o menos del área de hoja dañada por el tratamiento herbicida.

Los resultados en la Tabla 2 muestran que los eventos de maíz evaluados que expresan proteínas de HPPD transgénicas son más tolerantes a 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida herbicida de HPPD en dosificaciones agrónomicamente relevantes comparadas con plantas de control.

Todos los eventos de control exhibieron síntomas de blanqueamiento severo ya a una concentración del herbicida de 25g de Al/ha. En contraste ~70 % de los eventos evaluados que expresan PfHPPDEvo41 (n=21) y Axmi428H-Evo41 (n=29) mostraron una tolerancia alta de 5% o menos de área de hoja blanqueada después del tratamiento con una concentración herbicida de 100g Al/ha de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida. También el 60% de la variante Axmi309H-Evo41 de HPPD probada confiere resistencia aceptable con 15% o menos de área de hoja blanqueada después del mismo tratamiento con 100g Al/ha.

Tabla 2

Evaluación del daño de área de hoja de plantas de control de maíz y eventos T0 transgénicos de maíz seis días después de la aplicación de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida a una rata de 25 – 100 g Al/ha. Se definieron las siguientes clases de tolerancia a los herbicidas: "0"= tolerancia marginal; 41% - 100% área de hoja dañada; "1"= tolerancia moderada; 16% - 40% área de hoja dañada; "2"= buena tolerancia; 6% - 15% área de hoja dañada; "3"= alto tolerancia; 0% - 5% área de hoja dañada. Los herbicidas fueron aplicados a plantas originadas de 9, 12, y 1 eventos transgénicos independientes de PfHPPDEvo41, Axmi428H-Evo41, y Axmi309H-Evo41, respectivamente.

Eventos en Maíz	Clases de tolerancia de herbicidas				Número total de eventos
	0	1	2	3	
2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida concentración: 25 g Al/ha					
Control	5*	0	0	0	5
PfHPPDEvo41	6	0	1	28	35

2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida concentración: 50 g Al/ha					
Control	4	0	0	0	4
PfHPPDEvo41	1	0	2	28	31
Axmi428H-Evo41	0	0	0	7	7
2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida concentración: 100 g Al/ha					
Control	50	0	0	0	50
PfHPPDEvo41	4	0	2	15	21
Axmi428H-Evo41	3	4	1	21	29
Axmi309H-Evo41	5	9	16	6	36

Nota: *evaluación 9 días después del tratamiento

I1 – Ensayos de invernadero con plantas T1 de soja transgénicas

Se atomizaron plantas soja tipo silvestre (Merlin y Thorne) y plantas T1 de soja transgénicas que expresan la variante de proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* PfHPPD-G336W (WO99/24585), o PfHPPD-Evo33, o PfHPPD-Evo40, o PfHPPD-Evo41 (PCT/US2013/59598 (WO2014/043435)) en las etapas de desarrollo de soja V2-V3, con 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida de tipo de formulación WP20 (intervalo de concentración de 6.25g Al/ha – 75g Al/ha) suplementada con sulfato de amonio y aceite de semilla de colza metilado (Actirob). Como un aerosol de control, han sido atomizadas, soja de tipo salvaje (Merlin y Thorne) y plantas T1 de soja transgénicas con la mezcla adyuvante que carece del herbicida. La tolerancia al herbicida fue evaluada 21 días después de la atomización. Las siguientes clases de tolerancia al herbicida han sido definidas por puntaje: “0”= tolerancia marginal; 41% - 100% área de hoja dañada; “1”= tolerancia moderada; 16% - 40% área de hoja dañada; “2”= buena tolerancia; 6% - 15% área de hoja dañada; “3”= tolerancia alta; 0% - 5% área de hoja dañada.

Tabla 3 Resume los resultados de análisis de tolerancia del inhibidor de HPPD *in planta*.

Todas las plantas (incluyendo los eventos de soja de tipo silvestre), que han sido tratados con la mezcla adyuvante de control sin herbicida, no desarrollaron área de hoja blanqueada. Las plantas de soja de tipo silvestre (Merlin y Thorne) ya mostraron un importante blanqueamiento de 45%-50% del área de hoja total a una concentración de 6.25 g de Al/ha de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida seguida por 90-100% de área de hoja dañada a una concentración superior de 25 g de Al/ha. La mayoría de las plantas T1 de soja transgénicas que expresan la variante de la proteína de HPPD de *Pseudomonas*

fluorescens PfHPPD-G336W, o PfHPPD-Evo33, o PfHPPD-Evo40, o PfHPPD-Evo41 que confieren alta tolerancia a una concentración de 25 g AI/ha.

5 Varias plantas T1 de soja transgénicas que expresan la variante de la proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens*, PfHPPD-Evo41 también exhiben alta tolerancia a 50 g AI/ha con menos de 5% de área de hoja dañada. Por lo tanto eventos PfHPPD-Evo41 fueron más tolerantes a 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida que eventos que expresan PfHPPD-G336W.

Tabla 3

10 Evaluación de la tolerancia del inhibidor de HPPD de plantas de soja de tipo silvestre (wt) (Merlin y Thorne) y eventos transgénicos de soja T1 que expresan la variante de la proteína de HPPD de *Pseudomonas fluorescens* PfHPPD-G336W (WO99/24585), o PfHPPD-Evo33, o PfHPPD-Evo40, o PfHPPD-Evo41 (PCT/US2013/59598 (WO2014/043435)). Las plantas fueron tratadas con 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida con una concentración final de 6.25, 25, 50, o 75 g AI/ha. La tolerancia del herbicida ha sido calificada después de 21 días de tratamiento. Como un control, se trataron plantas de soja de tipo silvestre y plantas T1 de soja transgénicas con la mezcla de atomización que carece del herbicida 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida. Todas estas plantas de control no mostraron áreas de hoja blanqueadas. Las siguientes clases de daño de hoja han sido definidas por calificación de tolerancia al herbicida : “0”= tolerancia marginal; 41% - 100% área de hoja dañada; “1”= tolerancia moderada; 16% - 40% área de hoja dañada; “2”= buena tolerancia; 6% - 15% área de hoja dañada; “3”= alta tolerancia; 0% - 5% área de hoja dañada.

Eventos en Soja	Clases de tolerancia de herbicida				Número total de eventos
	0	1	2	3	
2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida concentración: 6.25 g AI/ha					
Merlin (wt)	4	0	0	0	4
Thorne (wt)	4	0	0	0	4
PfHPPD-Evo33	1	0	0	11	12
PfHPPD-Evo40	0	0	0	4	4
PfHPPD-Evo41	0	0	0	12	12
PfHPPD-G336W	0	0	0	12	12
2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida concentración: 25					

g Al/ha					
Merlin	4	0	0	0	4
Thorne	4	0	0	0	4
PfHPPD-Evo33	1	0	2	13	16
PfHPPD-Evo40	2	7	1	6	16
PfHPPD-Evo41	2	8	1	21	32
PfHPPD-G336W	0	0	0	16	16
2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida concentración: 50 g Al/ha					
PfHPPD-Evo33	0	4	0	0	4
PfHPPD-Evo40	0	4	0	0	4
PfHPPD-Evo41	0	1	0	3	4
PfHPPD-G336W	0	4	0	0	4
2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida concentración: 75 g Al/ha					
PfHPPD-Evo33	0	4	0	0	4
PfHPPD-Evo40	0	4	0	0	4
PfHPPD-Evo41	0	4	0	0	4
PfHPPD-G336W	0	3	1	0	4

J Pruebas de Campo

Pruebas de Campo relacionadas a la eficacia contra malezas de diferentes combinaciones de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida (componente (A) y otros compuestos activos herbicidas (componente (B))

J A) Método de prueba

Los experimentos fueron conducidos como pruebas de campo aplicadas después con un volumen de aplicación de 200 litros de agua por hectárea y dos repeticiones.

Se evaluó visualmente la evaluación 14 días después de aplicación.

- 5 Las plantas tratadas fueron comparadas con plantas no tratadas (escala 0-100%).

Los resultados (como un promedio de 2 repeticiones) son reportados en las tablas de abajo.

Las ratas de aplicación de los ingredientes activos herbicidas cuando fueron usados en solitario o en combinación, son dados en las tablas de abajo.

Como estándar, se utilizó el sistema adyuvante Stefes Mero®

10 J B) Abreviaturas usadas en Tablas 4 - 7

Dosificación g ia/ha = Rata de aplicación en gramos de ingrediente activo por hectárea

E^C = Valor esperado de acuerdo a Colby ($E^C = A+B$)

Δ = Diferencia (%) de valor medido -% - A el valor esperado -%
(valor medido menos valor esperado)

- 15 Evaluación = Valores medidos: para cada (A) + (B) en%

Evaluación: - Valor medido (%) es mayor > que E^C > sinergismo (+ Δ)

Valor medido (%) es igual a o E^C > Efecto aditivo (Δ + _0)

- 20 J C) En las Tablas 4 a 7, abajo, se muestran resultados de los datos de campo para 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida en combinación con otros compuestos herbicidas.

Todos estos datos demuestran los efectos sinérgicos de tales combinaciones en varias malezas.

Tabla 4: 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida más Atrazina

Ingredientes activos	Dosificación g ia/ha	Eficacia 1) (%)
		Euphorbia heterophilla
(A) 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida	75	35
(A) 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida	25	15
(B) Atrazina	1000	74

(A) + (B)	75+1000	100 ($E^C = 83$; $\Delta +17$)
(A) + (B)	25+1000	92 ($E^C = 78$; $\Delta +14$)

Aplicación en la etapa 5 de la hoja; Evaluación 14 días después de la aplicación

Tabla 5: 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida más Glufosinato de amonio

Ingredientes activos	Dosificación g/ha	Eficacia 1) (%)
		<i>Amaranthus retroflexus</i>
(A) 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida	50	65
(B) Glufosinato de amonio	500	33
(A) + (B)	50+500	90 ($E^C = 77$; $\Delta +13$)

Aplicación en la etapa 6 de la hoja; Evaluación 14 días después de la aplicación

5 Tabla 6: 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida más Glifosato

Ingredientes activos	Dosificación g/ha	Eficacia 1) (%)
		<i>Ipomoea aristolochiaefolia</i>
(A) 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida	50	15
(A) 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida	25	10
(B) Glifosato	960	70
(A) + (B)	50+960	89 ($E^C = 75$; $\Delta +14$)
(A) + (B)	25+960	85 ($E^C = 73$; $\Delta +12$)

Aplicación en la etapa 6 de la hoja; Evaluación 14 días después de la aplicación

Tabla 7: 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida más Metribuzin

Ingredientes activos	Dosificación g/ha	Eficacia 1) (%)
		<i>Digitaria horizontalis</i>
(A) 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida	50	70
(B) Metribuzin	480	35
(B) Metribuzin	240	15
(A) + (B)	50+480	100 ($E^C = 81$; $\Delta +19$)
(A) + (B)	50+240	90 ($E^C = 75$; $\Delta +15$)

Aplicación a los 2 macollos; Evaluación 14 días después de la aplicación

5 Se han obtenido resultados comparables por la aplicación de combinaciones adicionales de acuerdo con la invención.

10 Todas las publicaciones y solicitudes de patentes mencionadas en la especificación indican el nivel de destreza de aquellos hábiles en la técnica a los que esta invención pertenece. Todas las publicaciones y solicitudes de patentes son incorporadas aquí por referencia en la misma medida como si cada publicación individual o solicitud de patente fuera indicada específicamente e individualmente para ser incorporada por referencia.

A pesar que la invención anterior se ha descrito en algún detalle a modo de ilustración y ejemplo con fines de claridad de comprensión, será obvio que ciertos cambios y modificaciones se pueden practicar dentro del alcance de las reivindicaciones adjuntas.

REIVINDICACIONES

1. El uso de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales para controlar plantas no deseadas en áreas de plantas de cultivo transgénico tolerante a herbicidas inhibidores de HPPD que contienen uno o más genes quiméricos que comprenden (I) una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos que consisten en (a) *Avena*, (b) *Pseudomonas*, (c) *Synechococcoideae*, (d) *Blepharismidae*, (e) *Rhodococcus*, (f) *Picrophilaceae*, (g) *Kordia*, o (II) una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos definidos anteriormente, o (III) una o más secuencias de ADN que codifican maíz mutado (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*) HPPD, cada uno siendo mutado como se describe en el documento WO 2012/021785.
2. El uso de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales de acuerdo con la reivindicación 1, en la que al menos uno de los genes quiméricos contenidos en el cultivo transgénico comprende una secuencia de ADN que codifica una hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID No.2, SEQ ID No. 4, 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, 25, y SEQ ID No 27, SEQ ID No. 29, SEQ ID No 31, SEQ ID No 32, SEQ ID No 33, SEQ ID No 35, SEQ ID No 36, SEQ ID No 37, SEQ ID No 39, SEQ ID No 40, SEQ ID No 41, SEQ ID No 43, SEQ ID No 46.
3. Un método para controlar plantas no deseadas que comprende la aplicación de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales de acuerdo con la reivindicación 1 en áreas de plantas de cultivo transgénico que son tolerantes a herbicidas inhibidores de HPPD por contener uno o más genes quiméricos que comprenden (I) una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos que consiste en (a) *Avena*, (b) *Pseudomonas*, (c) *Synechococcoideae*, (d) *Blepharismidae*, (e) *Rhodococcus*, (f) *Picrophilaceae*, (g) *Kordia*, o (II) una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos definidos anteriormente, o (III) o (III) una o más secuencias de ADN que codifican maíz mutado (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*) HPPD, cada uno siendo mutado como se describe en el documento WO 2012/021785., y en la que la solicitud es ejecutada a (a) las plantas no deseadas, (b) a las semillas de plantas no deseadas, y/o (c) al área en que las plantas crecen.
4. Un método de acuerdo con la reivindicación 3, en el que al menos uno de los genes quiméricos contenidos en el cultivo transgénico comprende un ADN que codifica una hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID No.2, SEQ ID No. 4, 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, 25, y SEQ ID No 27, SEQ ID No. 29, SEQ ID No 31, SEQ ID No 32, SEQ ID No 33, SEQ ID No 35, SEQ ID No 36, SEQ ID No 37, SEQ ID No 39, SEQ ID No 40, SEQ ID No 41, SEQ ID No 43, SEQ ID No 46.
5. Un método de acuerdo con las reivindicaciones 3 o 4, en el que la planta de cultivo transgénico pertenece al grupo de cultivos de dicotiledóneas que consisten en *Arachis*, *Beta*, *Brassica*, *Cucumis*, *Cucurbita*, *Helianthus*, *Daucus*, *Glycine*, *Gossypium*, *Ipomoea*, *Lactuca*, *Linum*, *Lycopersicon*, *Nicotiana*, *Phasaolus*, *Pisum*, *Solanum*, y *Vicia*, o al grupo de cultivos monocotiledóneos que consisten en *Allium*, *Ananas*, *Asparagus*, *Avena*, *Hordeum*, *Oryza*, *Panicum*, *Saccharum*, *Secale*, *Sorghum*, *Triticale*, *Triticum*, *Zea*.
6. Un método de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 3, 4 o 5, en el que 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales son aplicadas en combinación con uno o más herbicidas inhibidores de HPPD seleccionados de un grupo que consiste en tricetona o herbicida de pirazolinato en formulaciones mixtas o en la mezcla de tanque, y/o con sustancias activas conocidas adicionales que están basadas en la

inhibición de acetolactato sintasa, acetil-CoA carboxilasa, celulosa sintasa, enolpiruvilshikimato-3-fosfato sintasa, glutamina sintetasa, p-hidroxifenilpiruvato dioxigenasa, fitoeno desaturasa, fotosistema I, fotosistema II, protoporfirinógeno oxidasa, o actúan como reguladores de crecimiento.

- 5 7. Un método de acuerdo con la reivindicación 6, en el que se aplican 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales en combinación con uno o más otros herbicidas inhibidores de HPPD seleccionados del grupo que consiste en tembotriona, mesotriona, biciclopirona, tefuriltriona, pirasulfotole, pirazolato, dicetonitrilo, benzofenap, o sulcotriona.
- 10 8. Composición que comprenden 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales (componente (A)) y uno o más, preferiblemente uno, componente(s) (B) seleccionados de los subgrupos B1 a B11, con:

B1 que consisten en compuestos 1,3-diceto, que comprenden

prohexadiona, prohexadiona de calcio, trinexapac-eti,

15 alloxidim, alloxidim de sodio, butroxidim, clethodim, cicloxidim, ketospiradox, profoxidim, setoxidim, tepraloxidim, tralcoxidim,

mesotriona, sulcotriona, tefuriltriona, tembotriona, biciclopirona,

fenquinoatriona, SL-261,

pinoxaden,

20 B2 que consisten en (sulfon)amidas, que comprenden

beflubutamida, bromobutide, dimethenamida, dimethenamida-P, difenamida, napropamida, pethoxamida, N-[3-cloro-4-(1-metiletil)-fenil]-2-metilpentanamida,

naptalam, propyzamida,

diflufenican, etobenzanid, flufenacet, mefenacet, mefluidide, pentanoclor, picolinafen, propanil,
25 ácido N-fenilftalámico,

acetoclor, alaclor, amidoclor, butaclor, butenaclo, dimetaclo, metazaclor, metolaclo, S-metolaclo, pretilaclo, propaclo, propisoclo, (2-cloro-6'-etil-N-isopropoximetilaceto-o-toluiduro), thenilclor,

asulam, carbaril, carbetamida, clorpropham, desmedipham, fenmedipham, propham,

30 butilato, cicloato, dimepiperato, EPTC, esprocarb, metasulfocarb, molinato, orbencarb, pebulato, prosulfocarb, piributicarb, tiobencarb, trialato, vernolato,

amidosulfurona, azimsulfurona, bensulfurona, bensulfurona-metilo, clorimuron, clorimuron-etilo, clorsulfurona, cinosulfurona, ciclosulfamuron, etametsulfurona, etametsulfurona-metilo, etoxisulfurona, flazasulfurona, flucetosulfurona, flupirsulfurona-metilo de sodio, foramsulfurona, halosulfurona-metilo, imazosulfurona, yodosulfurona, yodosulfurona-metilo de sodio,
35 mesosulfurona, mesosulfurona-metilo, metazosulfurona, metiopirsulfurona, metsulfurona, metsulfurona-metilo, monosulfurona, monosulfurona-éster, nicosulfurona, ortosulfamurona, oxasulfurona, primisulfurona-metilo, propirisulfurona, prosulfurona, pirasulfurona, pirazosulfurona-etilo, rimsulfurona, sulfometurona, sulfometurona-metilo, sulfosulfurona, tifensulfurona,
40 tifensulfurona-metilo, triasulfurona, tribenuron, tribenuron-metilo, trifloxisulfurona, trifloxisulfurona

(sodio), triflurosulfurona, triflurosulfurona-metilo, tritosulfurona, (ácido benzoico, 2-[[[4-metoxi-6-(metiltio)-2-pirimidinil]amino]carbonilo]amino]sulfonilo]metil éster),

flucarbazona, flucarbazona de sodio, ipfencarbazona, propoxicarbazona, propoxicarbazona de sodio, tiencarbazona, tiencarbazona-metilo,

- 5 cloransulam, cloransulam-metilo, diclosulam, florasulam, flumetsulam, metosulam, penoxsulam, piroxsulam,

3-cloro-N-[(4,6-dimetoxipirimidin-2-il)carbamoil]-1-metil-4-(5-metil-5,6-dihidro-1,4,2-dioxazin-3-il)-1H-pirazol-5-sulfonamida,

B3 que consisten en arilnitrilos, que comprenden

- 10 bromoxinil, bromoxinil-butilato, bromoxinilo de potasio, bromoxinil-heptanoato, bromoxinil-octanoato, detosil-pirazolato (DTP), dichlobenil, ioxinil, ioxinil-octanoato, ioxinilo de potasio, ioxinilo de sodio, piraclonil,

B4 que consisten en azoles, que comprenden

- 15 benzofenap, pirazolinato (pirazolato), pirazoxifen, piroxasulfone, topamezone, pirasulfotole, tolpiralato, 3-(3-cloro-5-[[1-metil-3-(trifluorometil)-1H-pirazol-5-il]oxi]fenoxi)-1-metil-5-(trifluorometil)-1H-pirazol, 3-(3-yodo-5-[[1-metil-3-(trifluorometil)-1H-pirazol-5-il]oxi]fenoxi)-1-metil-5-(trifluorometil)-1H-pirazol, 1-etil-3-(3-fluoro-5-[[1-metil-3-(trifluorometil)-1H-pirazol-5-il]oxi]fenoxi)-5-(trifluorometil)-1H-pirazol,

piraflufen, piraflufen-etil, fenoxasulfone, fluazolato,

- 20 isouron, isoxaben, isoxaflutole,

imazametabenz, imazametabenz-metilo, imazapic, imazapic de amonio, imazapir, imazapir-isopropilo de amonio, imazaquin, imazaquin de amonio, imazetapir, imazetapir de amonio

azafenidin, metazol, oxadiargil, oxadiazon,

amicarbazona, bencarbazona, carfentrazona, carfentrazona-etil, sulfentrazona,

- 25 amitrole, paclobutrazol, uniconazol, uniconazol-P, cafenstrole,

fentrazamida,

B5 que consisten en otros herbicidas, que comprenden

- 30 alidoclor, aminociclopiraclor, aminociclopiraclor de potasio, aminociclopiraclor-metilo, ácido N-acetiltiazolidine-4-carboxílico, acroleína, aminopiraldil, pelargonato de amonio, sulfamato de amonio, aviglicina, benazolin, benazolin-etilo, benfluralin, benfuresato, bentazone, benzobiciclon, 6-bencilaminopurina, bórax, brasinolide, bromofenoxim, butralin, carvone, catoquina, clorfenac, clorfenac de sodio, clorfenprop, clorflurenol, clorflurenol-metilo, cloridazon, cloruro de clorimequat, ácido cloroacético, clorftalim, clorthal-dimetilo, cinidon, cinidon-etil, cinmetilin, clofencet, clomazone, cloxifonac, cianamida, ciclanilida, ciclopirimorato, 6-isopentilamino-purina, quinetina, zeatin, dalapon, daminozide, dazomet, n-decanol, difenzoquat metilsulfato, 2,6-diisopropilnaftaleno, dikegulac, dikegulac de sodio, dimetipin, ácido dimetilarsénico, dinitramina, dinoterb, diquat, dibromuro de diquat, ditiopir, DNOC, endothal, endothal de dipotasio, endothal de disodio, endothal-mono(N,N-dimetilalquilamonio), etafluralin, etiofumesato, etilchlozato, sulfato ferroso, flamprop, flamprop-M-isopropilo, flamprop-M-metil, flucloralin, flufenpir, flufenpir-etil, flumetralin, flumiclorac, flumiclorac-pentil, flumioxazin, flupropanato, flurenol, flurenol-butil, flurenol-dimetilamonio-metilo, fluridone, flurocloridone, flurtamone, flutiacet, flutiacet-metilo, ácido
- 40

- giberélico, halauxifeno, halauxifeno-metilo, sales de halauxifeno, indanofan, isopropalin, isoprotiolane, hidracida de ácido maleico, cloruro de mepiquat, metam, metiozolin, ácido metilarsónico, 1-metilciclopropeno, metilisotiocianato, mezcla de nitrofenolato, ácido nonanoico, norflurazon, ácido oleico, oryzalin, oxaziclomefone, paraquat, dicloruro de paraquat, pendimetalin, pentaclorofenol, pentoxazona, aceites de petróleo, prodiamina, n-propildihidrojasmonato, piridafol, piridato, quinoclamine, sintofen, clorato de sodio, ácido sulfúrico, aceites de alquitrán, TCA, TCA de sodio, tecnazene, tiazopir, triacontanol, triafamone, trifluralin y sulfato de urea,
- 5 B6 que consisten en ácidos (het)arilcarboxílicos, que comprenden
- cloramben, dicamba, sales de dicamba, 2,3,6-TBA,
- 10 clopiralid, fluroxipir, fluroxipir-metil, inabenfide, picloram, triclopir,
- quinclorac, quinmerac,
- ácido indol-3-ilacético, ácido 4-indol-3-ilbutírico,
- 2-(1-naftil)acetamida, ácido 1-naftilacético, ácido 2-naftiloxiacético,
- B7 que consisten en compuestos de fósforo orgánicos, que comprenden
- 15 anilofos, bensulide, bilanafos, bilanafos de sodio, butimafos, clacyfos, fosamine, glufosinato, sales de glufosinato, glufosinato de amonio, glufosinato de sodio, glufosinato-P, L-glufosinato de amonio, L-glufosinato de sodio, glifosato, sales de glifosato, isopropilo glifosato de amonio, glifosato de amonio, glifosato-dimetilamonio, glifosato-trimesium (=sulfosato), glifosato de diamonio, glifosato de potasio, glifosato de sodio, piperophos, ethephon y tribufos,
- 20 B8 que consisten en fenil éteres, que comprenden
- acifluorfen, acifluorfen de sodio, aclonifen, fluoroglycofen, fluoroglycofen-etilo, fomesafen, fomesafen de sodio, halosafen, lactofen, oxifluorfen,
- bifenox, etoxifen-etil,
- clomeprop,
- 25 cloprop, diclorprop, diclorprop-P, mecoprop, mecoprop de sodio, mecoprop-butotilo, mecoprop-P, mecoprop-P-butotilo, mecoprop-P-dimetilamonio, mecoprop-P-2-etilhexilo, mecoprop-P de potasio,
- 30 4-CPA, 2,4-D, 2,4-D-butotilo, 2,4-D-butilo, 2,4-D-colina, 2,4-D-dimetilamonio, 2,4-D-diolamin, 2,4-D-etilo, 2,4-D-2-etilhexilo, 2,4-D-isobutilo, 2,4-D-isooctilo, 2,4-D- iso-propilo de amonio, 2,4-D de potasio, 2,4-D-triisopropanolamonio, 2,4-D-trolamine, MCPA, MCPA-butotilo, MCPA-dimetilamonio, MCPA-2-etilhexil. MCPA-isopropilamonio, MCPA de potasio, MCPA de sodio, MCPA-tioetilo,
- 2,4-DB, MCPB, MCPB-metilo, MCPB-etilo de sodio,
- 35 clodinafop-etilo, clodinafop-propargilo, cyhalofop, cyhalofop-butilo, diclofop, diclofop-metilo, diclofop-P, diclofop-P-metilo, fenoxaprop, fenoxaprop-P, fenoxaprop-P-etilo, fluazifop, fluazifop-butilo, fluazifop-P, fluazifop-P-butilo, haloxifop, haloxifop-P, metamifop, propaquizafop, quizalafof, quizalafof-etilo, quizalafof-P, quizalafof-P-etilo, quizalafof-P-tefurilo,
- B9 que consisten en pirimidinas, que comprenden
- ancymidol, flurprimidol, pirimisulfan,

- bispiribac, bispiribac de sodio, piribenzoxim, piriminobac, piriminobac-metilo, piribambenz, piribambenz-isopropil, piribambenz-propilo,
- piriftalid, piritiobac, piritiobac de sodio,
- benzfendizone, bromacil, butafenacil, lenacil, saflufenacil, terbacil, tiafenacil,
- 5 2-cloro-4-fluoro-5-[3-metil-2,6-dioxo-4-(trifluorometil)-3,6-dihidropirimidin-1(2H)-il]-N-[metil(1-metiletil)-sulfamoil]benzamida,
- etil[(3-{2-cloro-5-[2,6-dioxo-4-(trifluorometil)-3,6-dihidropirimidin-1(2H)-il]-4-fluorofenoxi}piridin-2-il)oxi]acetato
- B10 que consisten en (tio)ureas, que comprenden
- 10 cumilurona,
- clorbromurona, clorotolurona, cloroxurona, daimurona, diflufenzopir, diflufenzopir de sodio, dimefurona, diurona, fluometurona, forclorfenurona, isoproturona, karbutilato, linurona, metildimrona, metobromurona, metoxurona, monaolinurona, neburona, sidurona, terbucarb, tidiazurona,
- 15 metiurona,
- tebutiurona,
- metabenzthiazurona,
- B11 que consisten en triazinas, que comprenden
- triaziflam, indaziflam,
- 20 atrazine, cianazine, cyprazine, propazine, simazine, terbumeton, terbutilazine, trietazine, prometon,
- ametryn, dimetametryn, prometryn, simetryn, terbutryn,
- ethozin, hexazinon, metamitron, metribuzin,
- trifludimoxazin.
- 25 9. Composición de acuerdo con la reivindicación 8, que comprende adicionalmente uno o más protectores (componente (C)) seleccionados del grupo que consistente en (C1), cloquintocet-mexilo (C2), cyprosulfamida (C3), diclormid (C4), fenclorim (C5), fenclorazol (C6), furilazol (C7), isoxadifen-etilo (C8), mefenpir-dietilo (C9), 4-(dicloroacetil)-1-oxa-4-azaspiro[4.5]decano de CAS 71526-07-3 (C10), 2,2,5-trimetil-3-(decloroacetil)-1,3-oxazolidina de CAS 52836-31-4 (C11). 2-metoxi-N-({4-[(metilcarbamoil)amino]fenil}sulfonil)benzamida de CAS 129531-12-0 (C12).
- 30 10. Composición de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 8 y 9, en la que uno o más, preferiblemente uno, componente(s) (B) es/son seleccionados del los subgrupos B1 a B11, con:
- 35 B1 que consisten en clethodim, mesotriona, sulcotriona, tefuriltriona, tembotriona y biciclopirona,

- B2 que consisten en acetoclor, diclosulam, diflufenican, flumetsulam, foramsulfuron, nicosulfuron, S-metolaclo, tiencarbazona-metil, dimethenamida-P, rimsulfuron, alaclor, clorimuron-etil, florasulam, flucarbazona de sodio, flufenacet, yodosulfuron-metilo de sodio, etoxisulfuron, ipfencarbazona, metsulfuron-metil, propoxycarbazona de sodio y tribenuron-metil,
- 5 B3 que consisten en bromoxinilo e ioxinil,
- B4 que consisten en amicarbazona, carfentrazone-etil, imazapir, imazetapir, isoxaflutole, oxadiargil, oxadiazon, pirasulfotole, piroxasulfona y topramezona,
- B5 que consisten en dicloruro de paraquat, pendimetalin, aminopirialid, flumioxazin, flurtamone, halauxifeno, halauxifeno-metilo, sales de halauxifeno, piridato, bentazone, cinidon-etilo, clomazone y trifluralina,
- 10 B6 que consisten en dicamba, sales de dicamba y fluroxipir,
- B7 que consisten en glufosinato, glufosinato de amonio, L-glufosinato de amonio, glifosato, glifosato-isopropilo de amonio
- B8 que consisten en 2,4-D, 2,4-D-butotilo, 2,4-D-butilo, 2,4-D-colina, 2,4-D-dimetilamonio, 2,4-D-diolamin, 2,4-D-etilo, 2,4-D-2-etilhexilo, 2,4-D-isobutilo, 2,4-D-isooctilo, 2,4-D- iso-propilo de amonio, 2,4-D de potasio, 2,4-D-triisopropanolamonio, 2,4-D-trolamine, fenoxaprop-P-etilo, lactofen, fluazifop-P-butilo, aclonifen y haloxifop-P,
- 15 B9 que consisten en saflufenacil
- B10 que consisten en diuron, diflufenzopir y fluometuron, y
- 20 B11 que consisten en atrazina, indaziflam, terbutilazine y metribuzin.
11. Composición de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 7 y 8, en la que, uno o más, preferiblemente uno, componente(s) (B) es/son seleccionados del subgrupo B1a B11, con:
- B1 que consisten en clethodim mesotriona, biciclopirona y tembotriona,
- 25 B2 que consisten en acetoclor, diclosulam, diflufenican, foramsulfuron, nicosulfuron, S-metolaclo, tiencarbazona-metil, dimethenamida-P, rimsulfuron, alaclor, clorimuron-etilo, florasulam, flucarbazona de sodio, flufenacet y yodosulfuron-metilo de sodio,
- B3 que consisten en es bromoxinil,
- B4 que consisten en carfentrazone-etil, imazapir, imazetapir, isoxaflutole, oxadiargil, oxadiazon y piroxasulfone,
- 30 B5 que consisten en dicloruro de paraquat, pendimetalin, aminopirialid, flumioxazin, flurtamone, halauxifeno, halauxifeno-metil, sales de halauxifeno y piridato,
- B6 que consisten en dicamba y sales de dicamba,
- 35 B7 que consisten en glufosinato de amonio y glifosato,
- B8 que consisten en 2,4-D, 2,4-D-butotilo, 2,4-D-butilo, 2,4-D-colina, 2,4-D-dimetilamonio, 2,4-D-diolamin, 2,4-D-etilo, 2,4-D-2-etilhexilo, 2,4-D-isobutilo, 2,4-D-isooctilo, 2,4-D- iso-propilo de amonio, 2,4-D de potasio, 2,4-D-triisopropanolamonio, 2,4-D-trolamine, fenoxaprop-P-etilo, lactofen y fluazifop-P-butilo,

- B9 que consisten en saflufenacil,
- B10 que consisten en diuron y diflufenzopir, y
- B11 que consisten en son atrazine, indaziflam, terbutilazine y metribuzin.

5

RESUMEN

Uso de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales para controlar plantas no deseadas en áreas de plantas de cultivo transgénico que son tolerantes a herbicidas inhibidores de HPPD.

- 5 El uso de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales para controlar plantas no deseadas en áreas de plantas de cultivo transgénico que son tolerantes a herbicidas inhibidores de HPPD por contener uno o más genes quiméricos que comprenden (I) una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos que consisten en (a) *Avena*, (b)
- 10 *Pseudomonas*, (c) *Synechococcoideae*, (d) *Blepharismidae*, (e) *Rhodococcus*, (f) *Picrophilaceae*, (g) *Kordia*, o (II) una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos definidos anteriormente, preferiblemente de *Pseudomonas* o (III) una o más secuencias de ADN que codifican maíz mutado (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*) HPPD, cada uno siendo mutado como se describe en el documento WO 2012/021785.

15

REIVINDICACIONES

1. El uso de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales para controlar plantas no deseadas en áreas de plantas de cultivo transgénico tolerante a herbicidas inhibidores de HPPD que contienen uno o más genes quiméricos que comprenden (I) una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos que consisten en (a) *Avena*, (b) *Pseudomonas*, (c) *Synechococcoideae*, (d) *Blepharismidae*, (e) *Rhodococcus*, (f) *Picrophilaceae*, (g) *Kordia*, o (II) una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos definidos anteriormente, o (III) una o más secuencias de ADN que codifican maíz mutado (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*) HPPD, cada uno siendo mutado como se describe en el documento WO 2012/021785.
2. El uso de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales de acuerdo con la reivindicación 1, en la que al menos uno de los genes quiméricos contenidos en el cultivo transgénico comprende una secuencia de ADN que codifica una hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID No.2, SEQ ID No. 4, 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, 25, y SEQ ID No 27, SEQ ID No. 29, SEQ ID No 31, SEQ ID No 32, SEQ ID No 33, SEQ ID No 35, SEQ ID No 36, SEQ ID No 37, SEQ ID No 39, SEQ ID No 40, SEQ ID No 41, SEQ ID No 43, SEQ ID No 46.
3. Un método para controlar plantas no deseadas que comprende la aplicación de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales de acuerdo con la reivindicación 1 en áreas de plantas de cultivo transgénico que son tolerantes a herbicidas inhibidores de HPPD por contener uno o más genes quiméricos que comprenden (I) una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos que consiste en (a) *Avena*, (b) *Pseudomonas*, (c) *Synechococcoideae*, (d) *Blepharismidae*, (e) *Rhodococcus*, (f) *Picrophilaceae*, (g) *Kordia*, o (II) una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos definidos anteriormente, o (III) o (III) una o más secuencias de ADN que codifican maíz mutado (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*) HPPD, cada uno siendo mutado como se describe en el documento WO 2012/021785., y en la que la solicitud es ejecutada a (a) las plantas no deseadas, (b) a las semillas de plantas no deseadas, y/o (c) al área en que las plantas crecen.
4. Un método de acuerdo con la reivindicación 3, en el que al menos uno de los genes quiméricos contenidos en el cultivo transgénico comprende un ADN que codifica una hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID No.2, SEQ ID No. 4, 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, 25, y SEQ ID No 27, SEQ ID No. 29, SEQ ID No 31, SEQ ID No 32, SEQ ID No 33, SEQ ID No 35, SEQ ID No 36, SEQ ID No 37, SEQ ID No 39, SEQ ID No 40, SEQ ID No 41, SEQ ID No 43, SEQ ID No 46.
5. Un método de acuerdo con las reivindicaciones 3 o 4, en el que la planta de cultivo transgénico pertenece al grupo de cultivos de dicotiledóneas que consisten en *Arachis*, *Beta*, *Brassica*, *Cucumis*, *Cucurbita*, *Helianthus*, *Daucus*, *Glycine*, *Gossypium*, *Ipomoea*, *Lactuca*, *Linum*, *Lycopersicon*, *Nicotiana*, *Phasaolus*, *Pisum*, *Solanum*, y *Vicia*, o al grupo de cultivos monocotiledóneos que consisten en *Allium*, *Ananas*, *Asparagus*, *Avena*, *Hordeum*, *Oryza*, *Panicum*, *Saccharum*, *Secale*, *Sorghum*, *Triticale*, *Triticum*, *Zea*.
6. Un método de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 3, 4 o 5, en el que 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales son aplicadas en combinación con uno o más herbicidas inhibidores de HPPD seleccionados de un grupo que consiste en tricetona o herbicida de pirazolinato en formulaciones mixtas o en la mezcla de tanque, y/o con sustancias activas conocidas adicionales que están basadas en la

inhibición de acetolactato sintasa, acetil-CoA carboxilasa, celulosa sintasa, enolpiruvilshikimato-3-fosfato sintasa, glutamina sintetasa, p-hidroxifenilpiruvato dioxigenasa, fitoeno desaturasa, fotosistema I, fotosistema II, protoporfirinógeno oxidasa, o actúan como reguladores de crecimiento.

- 5 7. Un método de acuerdo con la reivindicación 6, en el que se aplican 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales en combinación con uno o más otros herbicidas inhibidores de HPPD seleccionados del grupo que consiste en tembotriona, mesotriona, biciclopirona, tefuriltriona, pirasulfotole, pirazolato, dicetonitrilo, benzofenap, o sulcotriona.
- 10 8. Composición que comprenden 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales (componente (A)) y uno o más, preferiblemente uno, componente(s) (B) seleccionados de los subgrupos B1 a B11, con:

B1 que consisten en compuestos 1,3-diceto, que comprenden

prohexadiona, prohexadiona de calcio, trinexapac-eti,

15 alloxidim, alloxidim de sodio, butroxidim, clethodim, cicloxidim, ketospiradox, profoxidim, setoxidim, tepraloxidim, tralcoxidim,

mesotriona, sulcotriona, tefuriltriona, tembotriona, biciclopirona,

fenquinoatriona, SL-261,

pinoxaden,

20 B2 que consisten en (sulfon)amidas, que comprenden

beflubutamida, bromobutide, dimethenamida, dimethenamida-P, difenamida, napropamida, pethoxamida, N-[3-cloro-4-(1-metiletil)-fenil]-2-metilpentanamida,

naptalam, propyzamida,

diflufenican, etobenzanid, flufenacet, mefenacet, mefluidide, pentanoclor, picolinafen, propanil,
25 ácido N-fenilftalámico,

acetoclor, alaclor, amidoaclor, butaclor, butenaclo, dimetaclor, metazaclor, metolaclor, S-metolaclor, pretilaclor, propaclor, propisoclor, (2-cloro-6'-etil-N-isopropoximetilaceto-o-toluiduro), thenilclor,

asulam, carbaril, carbetamida, clorpropham, desmedipham, fenmedipham, propham,

30 butilato, cicloato, dimepiperato, EPTC, esprocarb, metasulfocarb, molinato, orbencarb, pebulato, prosulfocarb, piributicarb, tiobencarb, trialato, vernolato,

amidosulfurona, azimsulfurona, bensulfurona, bensulfurona-metilo, clorimuron, clorimuron-etilo, clorsulfurona, cinosulfurona, ciclosulfamuron, etametsulfurona, etametsulfurona-metilo, etoxisulfurona, flazasulfurona, flucetosulfurona, flupirsulfurona-metilo de sodio, foramsulfurona, halosulfurona-metilo, imazosulfurona, yodosulfurona, yodosulfurona-metilo de sodio,
35 mesosulfurona, mesosulfurona-metilo, metazosulfurona, metiopirsulfurona, metsulfurona, metsulfurona-metilo, monosulfurona, monosulfurona-éster, nicosulfurona, ortosulfamurona, oxasulfurona, primisulfurona-metilo, propirisulfurona, prosulfurona, pirasulfurona, pirazosulfurona-etilo, rimsulfurona, sulfometurona, sulfometurona-metilo, sulfosulfurona, tifensulfurona, tifensulfurona-metilo, triasulfurona, tribenuron, tribenuron-metilo, trifloxisulfurona, trifloxisulfurona
40

(sodio), triflurosulfurona, triflurosulfurona-metilo, tritosulfurona, (ácido benzoico, 2-[[[4-metoxi-6-(metiltio)-2-pirimidinil]amino]carbonilo]amino]sulfonilo]metil éster),

flucarbazona, flucarbazona de sodio, ipfencarbazona, propoxicarbazona, propoxicarbazona de sodio, tiencarbazona, tiencarbazona-metilo,

- 5 cloransulam, cloransulam-metilo, diclosulam, florasulam, flumetsulam, metosulam, penoxsulam, piroxsulam,

3-cloro-N-[(4,6-dimetoxipirimidin-2-il)carbamoil]-1-metil-4-(5-metil-5,6-dihidro-1,4,2-dioxazin-3-il)-1H-pirazol-5-sulfonamida,

B3 que consisten en arilnitrilos, que comprenden

- 10 bromoxinil, bromoxinil-butilato, bromoxinilo de potasio, bromoxinil-heptanoato, bromoxinil-octanoato, detosil-pirazolato (DTP), dichlobenil, ioxinil, ioxinil-octanoato, ioxinilo de potasio, ioxinilo de sodio, piraclonil,

B4 que consisten en azoles, que comprenden

- 15 benzofenap, pirazolinato (pirazolato), pirazoxifen, piroxasulfone, topramezone, pirasulfotole, tolpiralato, 3-(3-cloro-5-[[1-metil-3-(trifluorometil)-1H-pirazol-5-il]oxi]fenoxi)-1-metil-5-(trifluorometil)-1H-pirazol, 3-(3-yodo-5-[[1-metil-3-(trifluorometil)-1H-pirazol-5-il]oxi]fenoxi)-1-metil-5-(trifluorometil)-1H-pirazol, 1-etil-3-(3-fluoro-5-[[1-metil-3-(trifluorometil)-1H-pirazol-5-il]oxi]fenoxi)-5-(trifluorometil)-1H-pirazol,

piraflufen, piraflufen-etil, fenoxasulfone, fluazolato,

- 20 isouron, isoxaben, isoxaflutole,

imazametabenz, imazametabenz-metilo, imazapic, imazapic de amonio, imazapir, imazapir-isopropilo de amonio, imazaquin, imazaquin de amonio, imazetapir, imazetapir de amonio

azafenidin, metazol, oxadiargil, oxadiazon,

amicarbazona, bencarbazona, carfentrazona, carfentrazona-etil, sulfentrazona,

- 25 amitrole, paclobutrazol, uniconazol, uniconazol-P, cafenstrole,

fentrazamida,

B5 que consisten en otros herbicidas, que comprenden

- 30 alidoclor, aminociclopiraclor, aminociclopiraclor de potasio, aminociclopiraclor-metilo, ácido N-acetiltiazolidine-4-carboxílico, acroleína, aminopirialid, pelargonato de amonio, sulfamato de amonio, aviglicina, benazolin, benazolin-etilo, benfluralin, benfuresato, bentazone, benzobiciclon, 6-bencilaminopurina, bórax, brasinolide, bromofenoxim, butralin, carvone, catoquina, clorfenac, clorfenac de sodio, clorfenprop, clorflurenol, clorflurenol-metilo, cloridazon, cloruro de clorimequat, ácido cloroacético, clorftalim, clorthal-dimetilo, cinidon, cinidon-etil, cinmetilin, clofencet, clomazone, cloxifonac, cianamida, ciclanilida, ciclopirimorato, 6-isopentilamino-purina, quinetina, zeatin, dalapon, daminozide, dazomet, n-decanol, difenzoquat metilsulfato, 2,6-diisopropilnaftaleno, dikegulac, dikegulac de sodio, dimetipin, ácido dimetilarsénico, dinitramina, dinoterb, diquat, dibromuro de diquat, ditiopir, DNOC, endothal, endothal de dipotasio, endothal de disodio, endothal-mono(N,N-dimetilalquilamonio), etafluralin, etiofumesato, etilchlozato, sulfato ferroso, flamprop, flamprop-M-isopropilo, flamprop-M-metil, flucloralin, flufenpir, flufenpir-etil, flumetralin, flumiclorac, flumiclorac-pentil, flumioxazin, flupropanato, flurenol, flurenol-butil, flurenol-dimetilamonio-metilo, fluridone, flurocloridone, flurtamone, flutiacet, flutiacet-metilo, ácido
- 40

- giberélico, halauxifeno, halauxifeno-metilo, sales de halauxifeno, indanofan, isopropalin, isoprotiolane, hidracida de ácido maleico, cloruro de mepiquat, metam, metiozolin, ácido metilarsónico, 1-metilciclopropeno, metilisotiocianato, mezcla de nitrofenolato, ácido nonanoico, norflurazon, ácido oleico, oryzalin, oxaziclomefone, paraquat, dicloruro de paraquat, pendimetalin, 5 pentaclorofenol, pentoxazona, aceites de petróleo, prodiamina, n-propildihidrojasmonato, piridafol, piridato, quinoclamine, sintofen, clorato de sodio, ácido sulfúrico, aceites de alquitrán, TCA, TCA de sodio, tecnazene, tiazopir, triacantanol, triafamone, trifluralin y sulfato de urea,
- B6 que consisten en ácidos (het)arilcarboxílicos, que comprenden
- cloramben, dicamba, sales de dicamba, 2,3,6-TBA,
- 10 clopiralid, fluroxipir, fluroxipir-metil, inabenfide, picloram, triclopir, quinclorac, quinmerac,
- ácido indol-3-ilacético, ácido 4-indol-3-ilbutírico,
- 2-(1-naftil)acetamida, ácido 1-naftilacético, ácido 2-naftiloxiacético,
- B7 que consisten en compuestos de fósforo orgánicos, que comprenden
- 15 anilofos, bensulide, bilanafos, bilanafos de sodio, butimafos, clacyfos, fosamine, glufosinato, sales de glufosinato, glufosinato de amonio, glufosinato de sodio, glufosinato-P, L-glufosinato de amonio, L-glufosinato de sodio, glifosato, sales de glifosato, isopropilo glifosato de amonio, glifosato de amonio, glifosato-dimetilamonio, glifosato-trimesium (=sulfosato), glifosato de diamonio, glifosato de potasio, glifosato de sodio, piperophos, ethephon y tribufos,
- 20 B8 que consisten en fenil éteres, que comprenden
- acifluorfen, acifluorfen de sodio, aclonifen, fluoroglycofen, fluoroglycofen-etilo, fomesafen, fomesafen de sodio, halosafen, lactofen, oxifluorfen,
- bifenox, etoxifen-etil,
- clomeprop,
- 25 cloprop, diclorprop, diclorprop-P, mecoprop, mecoprop de sodio, mecoprop-butotilo, mecoprop-P, mecoprop-P-butotilo, mecoprop-P-dimetilamonio, mecoprop-P-2-etilhexilo, mecoprop-P de potasio,
- 30 4-CPA, 2,4-D, 2,4-D-butotilo, 2,4-D-butilo, 2,4-D-colina, 2,4-D-dimetilamonio, 2,4-D-diolamin, 2,4-D-etilo, 2,4-D-2-etilhexilo, 2,4-D-isobutilo, 2,4-D-isooctilo, 2,4-D- iso-propilo de amonio, 2,4-D de potasio, 2,4-D-triisopropanolamonio, 2,4-D-trolamine, MCPA, MCPA-butotilo, MCPA-dimetilamonio, MCPA-2-etilhexil. MCPA-isopropilamonio, MCPA de potasio, MCPA de sodio, MCPA-tioetilo,
- 2,4-DB, MCPB, MCPB-metilo, MCPB-etilo de sodio,
- 35 clodinafop-etilo, clodinafop-propargilo, cyhalofop, cyhalofop-butilo, diclofop, diclofop-metilo, diclofop-P, diclofop-P-metilo, fenoxaprop, fenoxaprop-P, fenoxaprop-P-etilo, fluazifop, fluazifop-butilo, fluazifop-P, fluazifop-P-butilo, haloxifop, haloxifop-P, metamifop, propaquizafop, quizalafof, quizalafof-etilo, quizalafof-P, quizalafof-P-etilo, quizalafof-P-tefurilo,
- B9 que consisten en pirimidinas, que comprenden
- ancymidol, flurprimidol, pirimisulfan,

- bispiribac, bispiribac de sodio, piribenzoxim, piriminobac, piriminobac-metilo, piribambenz, piribambenz-isopropil, piribambenz-propilo,
- piriftalid, piritiobac, piritiobac de sodio,
- benzfendizone, bromacil, butafenacil, lenacil, saflufenacil, terbacil, tiafenacil,
- 5 2-cloro-4-fluoro-5-[3-metil-2,6-dioxo-4-(trifluorometil)-3,6-dihidropirimidin-1(2H)-il]-N-[metil(1-metiletil)-sulfamoil]benzamida,
- etil[(3-{2-cloro-5-[2,6-dioxo-4-(trifluorometil)-3,6-dihidropirimidin-1(2H)-il]-4-fluorofenoxi}piridin-2-il)oxi]acetato
- B10 que consisten en (tio)ureas, que comprenden
- 10 cumilurona,
- clorbromurona, clorotolurona, cloroxurona, daimurona, diflufenzopir, diflufenzopir de sodio, dimefurona, diurona, fluometurona, forclorfenurona, isoproturona, karbutilato, linurona, metildimrona, metobromurona, metoxurona, monaolinurona, neburona, sidurona, terbucarb, tidiazurona,
- 15 metiurona,
- tebutiurona,
- metabenztiazurona,
- B11 que consisten en triazinas, que comprenden
- triaziflam, indaziflam,
- 20 atrazine, cianazine, cyprazine, propazine, simazine, terbumeton, terbutilazine, trietazine, prometon,
- ametryn, dimetametryn, prometryn, simetryn, terbutryn,
- ethozin, hexazinon, metamitron, metribuzin,
- trifludimoxazin.
- 25 9. Composición de acuerdo con la reivindicación 8, que comprende adicionalmente uno o más protectores (componente (C)) seleccionados del grupo que consistente en (C1), cloquintocet-mexilo (C2), cyprosulfamida (C3), diclormid (C4), fenclorim (C5), fenclorazol (C6), furilazol (C7), isoxadifen-etilo (C8), mefenpir-dietilo (C9), 4-(dicloroacetil)-1-oxa-4-azaspiro[4.5]decano de CAS 71526-07-3 (C10), 2,2,5-trimetil-3-(decloroacetil)-1,3-oxazolidina de CAS 52836-31-4 (C11). 2-metoxi-N-({4-[(metilcarbamoil)amino]fenil}sulfonil)benzamida de CAS 129531-12-0 (C12).
- 30 10. Composición de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 8 y 9, en la que uno o más, preferiblemente uno, componente(s) (B) es/son seleccionados del los subgrupos B1 a B11, con:
- 35 B1 que consisten en clethodim, mesotriona, sulcotriona, tefuriltriona, tembotriona y biciclopirona,

- B2 que consisten en acetoclor, diclosulam, diflufenican, flumetsulam, foramsulfuron, nicosulfuron, S-metolaclo, tiencarbazona-metil, dimethenamida-P, rimsulfuron, alaclor, clorimuron-etil, florasulam, flucarbazona de sodio, flufenacet, yodosulfuron-metilo de sodio, etoxisulfuron, ipfencarbazona, metsulfuron-metil, propoxycarbazona de sodio y tribenuron-metil,
- 5 B3 que consisten en bromoxinilo e ioxinil,
- B4 que consisten en amicarbazona, carfentrazone-etil, imazapir, imazetapir, isoxaflutole, oxadiargil, oxadiazon, pirasulfotole, piroxasulfona y topramezona,
- B5 que consisten en dicloruro de paraquat, pendimetalin, aminopirialid, flumioxazin, flurtamone, halauxifeno, halauxifeno-metilo, sales de halauxifeno, piridato, bentazone, cinidon-etilo, clomazone y trifluralina,
- 10 B6 que consisten en dicamba, sales de dicamba y fluroxipir,
- B7 que consisten en glufosinato, glufosinato de amonio, L-glufosinato de amonio, glifosato, glifosato-isopropilo de amonio
- B8 que consisten en 2,4-D, 2,4-D-butotilo, 2,4-D-butilo, 2,4-D-colina, 2,4-D-dimetilamonio, 2,4-D-diolamin, 2,4-D-etilo, 2,4-D-2-etilhexilo, 2,4-D-isobutilo, 2,4-D-isooctilo, 2,4-D- iso-propilo de amonio, 2,4-D de potasio, 2,4-D-triisopropanolamonio, 2,4-D-trolamine, fenoxaprop-P-etilo, lactofen, fluazifop-P-butilo, aclonifen y haloxifop-P,
- 15 B9 que consisten en saflufenacil
- B10 que consisten en diuron, diflufenzopir y fluometuron, y
- 20 B11 que consisten en atrazina, indaziflam, terbutilazine y metribuzin.
11. Composición de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 7 y 8, en la que, uno o más, preferiblemente uno, componente(s) (B) es/son seleccionados del subgrupo B1a B11, con:
- B1 que consisten en clethodim mesotriona, biciclopirona y tembotriona,
- 25 B2 que consisten en acetoclor, diclosulam, diflufenican, foramsulfuron, nicosulfuron, S-metolaclo, tiencarbazona-metil, dimethenamida-P, rimsulfuron, alaclor, clorimuron-etilo, florasulam, flucarbazona de sodio, flufenacet y yodosulfuron-metilo de sodio,
- B3 que consisten en es bromoxinil,
- B4 que consisten en carfentrazone-etil, imazapir, imazetapir, isoxaflutole, oxadiargil, oxadiazon y piroxasulfone,
- 30 B5 que consisten en dicloruro de paraquat, pendimetalin, aminopirialid, flumioxazin, flurtamone, halauxifeno, halauxifeno-metil, sales de halauxifeno y piridato,
- B6 que consisten en dicamba y sales de dicamba,
- 35 B7 que consisten en glufosinato de amonio y glifosato,
- B8 que consisten en 2,4-D, 2,4-D-butotilo, 2,4-D-butilo, 2,4-D-colina, 2,4-D-dimetilamonio, 2,4-D-diolamin, 2,4-D-etilo, 2,4-D-2-etilhexilo, 2,4-D-isobutilo, 2,4-D-isooctilo, 2,4-D- iso-propilo de amonio, 2,4-D de potasio, 2,4-D-triisopropanolamonio, 2,4-D-trolamine, fenoxaprop-P-etilo, lactofen y fluazifop-P-butilo,

- B9 que consisten en saflufenacil,
- B10 que consisten en diuron y diflufenzopir, y
- B11 que consisten en son atrazine, indaziflam, terbutilazine y metribuzin.

5

From the INTERNATIONAL BUREAU

PCT

NOTIFICATION OF THE RECORDING
OF A CHANGE

(PCT Rule 92bis.1 and
Administrative Instructions, Section 422)

To:

BIP PATENTS
Bayer Intellectual Property GmbH
Alfred-Nobel-Str. 10
40789 Monheim am Rhein
ALLEMAGNE

Date of mailing (day/month/year) 18 April 2016 (18.04.2016)	IMPORTANT NOTIFICATION
Applicant's or agent's file reference BCS131021-WO	
International application No. PCT/EP2014/075454	International filing date (day/month/year) 25 November 2014 (25.11.2014)

1. The following indications appeared on record concerning:
☒ the applicant ☐ the inventor ☐ the agent ☐ the common representative

Name and Address BAYER CROPSCIENCE AG Alfred-Nobel-Str. 50 40789 Monheim am Rhein Germany	State of Nationality DE	State of Residence DE
	Telephone No.	
	Facsimile No.	
	E-mail address	

2. The International Bureau hereby notifies the applicant that the following change has been recorded concerning:
☐ the person ☒ the name ☐ the address ☐ the nationality ☐ the residence

Name and Address BAYER CROPSCIENCE AKTIENGESELLSCHAFT Alfred-Nobel-Str. 50 40789 Monheim am Rhein Germany	State of Nationality DE	State of Residence DE
	Telephone No.	
	Facsimile No.	
	E-mail address ☐ Notifications by e-mail authorized	

3. Further observations, if necessary:

4. A copy of this notification has been sent to:

☒ the receiving Office
☒ the International Searching Authority
☐ the Authority(ies) specified for supplementary search

☐ the International Preliminary Examining Authority
☒ the designated Offices concerned
☐ the elected Offices concerned
☐ other:

The International Bureau of WIPO 34, chemin des Colombettes 1211 Geneva 20, Switzerland Facsimile No. +41 22 338 89 70	Authorized officer Wimmer Peter e-mail pt06.pct@wipo.int Telephone No. +41 22 338 74 06
---	--

From the INTERNATIONAL BUREAU

PCT

NOTIFICATION OF THE RECORDING
OF A CHANGE

(PCT Rule 92bis.1 and
Administrative Instructions, Section 422)

To:

BIP PATENTS
Bayer Intellectual Property GmbH
Alfred-Nobel-Str. 10
40789 Monheim am Rhein
ALLEMAGNE

Date of mailing (day/month/year) 18 April 2016 (18.04.2016)	IMPORTANT NOTIFICATION
Applicant's or agent's file reference BCS131021-WO	
International application No. PCT/EP2014/075454	International filing date (day/month/year) 25 November 2014 (25.11.2014)

1. The following indications appeared on record concerning:

☐ the applicant ☐ the inventor ☐ the agent ☐ the common representative

Name and Address	State of Nationality	State of Residence
	Telephone No.	
	Facsimile No.	
	E-mail address	

2. The International Bureau hereby notifies the applicant that the following change has been recorded concerning:

☒ the person ☐ the name ☐ the address ☐ the nationality ☐ the residence

Name and Address TRABOLD, Klaus Maaßstr. 23 69123 Heidelberg Germany	State of Nationality	State of Residence
	Telephone No.	
	Facsimile No.	
	E-mail address ☐ Notifications by e-mail authorized	

3. Further observations, if necessary:
Additional inventor for all designated States.

4. A copy of this notification has been sent to:

☒ the receiving Office
☒ the International Searching Authority
☐ the Authority(ies) specified for supplementary search

☐ the International Preliminary Examining Authority
☒ the designated Offices concerned
☐ the elected Offices concerned
☐ other:

The International Bureau of WIPO 34, chemin des Colombettes 1211 Geneva 20, Switzerland Facsimile No. +41 22 338 89 70	Authorized officer Wimmer Peter e-mail pt06.pct@wipo.int Telephone No. +41 22 338 74 06
---	--



(51) International Patent Classification:
A01N 43/713 (2006.01)

(21) International Application Number:
PCT/EP2014/075454

(22) International Filing Date:
25 November 2014 (25.11.2014)

(25) Filing Language: English

(26) Publication Language: English

(30) Priority Data:
13194780.6 28 November 2013 (28.11.2013) EP

(71) Applicant: **BAYER CROPSCIENCE AG** [DE/DE]; Alfred-Nobel-Str. 50, 40789 Monheim am Rhein (DE).

(72) Inventors: **POREE, Fabien**; Dunantring 89, 65936 Frankfurt (DE). **WALDRAFF, Christian**; Franz-Lehar-Weg 7, 61118 Bad Vilbel (DE). **LABER, Bernd**; Graf-von-Stauffenberg-Str. 12, 65510 Idstein (DE). **KÖHN, Arnim**; Ringstr. 12, 55270 Klein-Winternheim (DE). **GATZ-WEILER, Elmar**; Am Nauheimer Bach 22, 61231 Bad Nauheim (DE).

(74) Agents: **BIP PATENTS** et al.; Bayer Intellectual Property GmbH, Alfred-Nobel-Str. 10, 40789 Monheim am Rhein (DE).

(81) Designated States (*unless otherwise indicated, for every kind of national protection available*): AE, AG, AL, AM,

AO, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BH, BN, BR, BW, BY, BZ, CA, CH, CL, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DO, DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, GT, HN, HR, HU, ID, IL, IN, IR, IS, JP, KE, KG, KN, KP, KR, KZ, LA, LC, LK, LR, LS, LU, LY, MA, MD, ME, MG, MK, MN, MW, MX, MY, MZ, NA, NG, NI, NO, NZ, OM, PA, PE, PG, PH, PL, PT, QA, RO, RS, RU, RW, SA, SC, SD, SE, SG, SK, SL, SM, ST, SV, SY, TH, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, ZA, ZM, ZW.

(84) Designated States (*unless otherwise indicated, for every kind of regional protection available*): ARIPO (BW, GH, GM, KE, LR, LS, MW, MZ, NA, RW, SD, SL, ST, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), Eurasian (AM, AZ, BY, KG, KZ, RU, TJ, TM), European (AL, AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HR, HU, IE, IS, IT, LT, LU, LV, MC, MK, MT, NL, NO, PL, PT, RO, RS, SE, SI, SK, SM, TR), OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, KM, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

Declarations under Rule 4.17:

— *as to applicant's entitlement to apply for and be granted a patent (Rule 4.17(ii))*

Published:

— *without international search report and to be republished upon receipt of that report (Rule 48.2(g))*
— *with sequence listing part of description (Rule 5.2(a))*

(54) Title: USE OF 2-CHLORO-3-(METHYLSULFANYL)-N-(1-METHYL-1H-TETRAZOL-5-YL)-4-(TRIFLUOROMETHYL)BENZAMIDE OR ITS SALTS FOR CONTROLLING UNWANTED PLANTS IN AREAS OF TRANSGENIC CROP PLANTS BEING TOLERANT TO HPPD INHIBITOR HERBICIDES

(57) Abstract: The use of 2-chloro-3-(methylsulfanyl)-N-(1-methyl-1H-tetrazol-5-yl)-4-(thylfluoromethyl)benzannide or its salts for controlling unwanted plants in areas of transgenic crop plants being tolerant to HPPD inhibitor herbicides by containing one or more chimeric gene(s) comprising (I) a DNA sequence encoding hydroxyphenylpyruvate dioxygenase (HPPD) derived from a member of a group of organisms consisting of (a) Avena, (b) Pseudomonas, (c) Synechococcoideae, (d) Blepharismidae, (e) Rhodococcus, (f) Picrophilaceae, (g) Kordia, or (II) one or more mutated DNA sequences of HPPD encoding genes of the before defined organisms, preferably from Pseudomonas, or (III) one or more DNA sequences encoding mutated maize (Zea mays) or soybean (Glycine max) HPPD each being mutated as described in WO 2012/021785.



Cesion

Assignment

Yo, (Nosotros), abajo firmado(s)

I (We), the undersigned,

1. Dr. Fabien POREE
2. Dr. Christian WALDRAFF
3. Dr. Bernd LABER
4. Dr. Arnim KÖHN
5. Dr. Elmar GATZWEILER
6. Klaus TRABOLD

domiciliado(s) en

of

1. Dunantring 89, 65936 Frankfurt, DE
2. Franz-Lehar-Weg 7, 61118 Bad Vilbel, DE
3. Graf-von-Stauffenberg-Str. 12, 65510 Idstein, DE
4. Ringstraße 12, 55270 Klein-Winternheim, DE
5. Am Nauheimer Bach 22, 61231 Bad Nauheim, DE
6. Maaßstr.23, 69123 Heidelberg, DE

declaro(amos) bajo juramento ser único(s) y verdadero(s) inventor(es) de la invención:

state(s) under oath to be sole and true inventor(s) of the invention

USE OF 2-CHLORO-3-(METHYLSULFANYL)-N-(1-METHYL-1H-TETRAZOL-5-YL)-4-(TRIFLUOROMETHYL)BENZAMIDE OR ITS SALTS FOR CONTROLLING UNWANTED PLANTS IN AREAS OF TRANSGENIC CROP PLANTS BEING TOLERANT TO HPPD INHIBITOR HERBICIDES

declaro(amos) así mismo que cedo(amos) y transfiero(erimos), sin limitación, a favor de la sociedad

state as well, that assign, without reservations or limitations in favour of

1) BAYER CROPSOURCE AKTIENGESELLSCHAFT

constituída y existente de conformidad con las leyes de

a corporation constituted and existing in conformity with the laws of

DE

domiciliada en

domiciled in

C

1) Alfred-Nobel-Str. 50, 40789 Monheim
am Rhein, DE

todos los derechos inherentes a dicha
invención y que la citada Compañía
queda facultada para solicitar en su
nombre la patente correspondiente en la
República de Colombia

all rights inherent to said invention and
that the above mentioned company
hereby is enabled to apply, in its name,
for the corresponding patent in the
Republic of Colombia.

Dado y firmado hoy
en/in

Given and signed this at

Assignor:

3/3/2016
18-03-2016
09-03-2016
18.03.2016
9-03-2016
4-02-2016

1. [Signature]
2. [Signature]
3. [Signature]
4. [Signature]
5. [Signature]
6. [Signature]

Assignee:

1) BAYER CROPSCIENCE
AKTIENGESELLSCHAFT

1. [Signature]
Dr. Robert Krieg
Senior Patent Counsel

Clarke, Modet & C^o

COLOMBIA

Carrera 11 N° 86-53 Piso 6 Bogotá Colombia Tel: (57 1) 6181088 Fax: (57 1) 6350824 Email: info@clarkemodet.com.co

PODER

POWER OF ATTORNEY

Yo (nosotros), abajo firmante(s)

I (we), the undersigned

en mi (nuestro) carácter de representante(s) legales de

legal representative(s) of

Bayer CropScience Aktiengesellschaft

Bayer CropScience Aktiengesellschaft

una sociedad organizada y existente de acuerdo con las leyes de Alemania

an organization existing under the laws of Germany

y en actual cumplimiento de su objeto social, con domicilio en Alfred-Nobel-Straße 50, 40789 Monheim am Rhein, Alemania

and in present execution of its business activity, domiciled at Alfred-Nobel-Straße 50, 40789 Monheim am Rhein, Germany

por el presente instrumento confiero (conferimos) poder especial a favor de **CAROLINA MERCEDES DAZA MONTALVO**, con Cédula de Ciudadanía No. 66.783.790 de Palmira Valle, y tp. 141563 con domicilio en Bogotá, Colombia, para que actuando en nombre del (de la) otorgante le (la) represente ante cualquier entidad, autoridad y/o persona, especialmente ante las del orden Administrativo, Contencioso Administrativo, Judicial, Tribunales de Arbitramento y/o cualquier otro en lo referente a los siguientes asuntos:

do hereby grant **POWER OF ATTORNEY** to **CAROLINA MERCEDES DAZA MONTALVO**, identification card No. 66.783.790 of Palmira Valle, and tp. 141563 residing in Bogotá Colombia, to act in behalf of grantor before any entity, authority and/or natural or juridical person, specially before those Administrative, Administrative-Contentious, Judicial, arbitration courts, and/or any other, in all matters concerning the following:

- 1) Solicitar, tramitar, obtener y/o registrar cualquiera de las modalidades de Propiedad Industrial, tales como: patentes de invención, modelos de utilidad; diseños industriales; así como sus renovaciones, prórrogas, transferencias, cambios de nombre y/o domicilio, contratos y licencias.
- 2) Solicitar, tramitar, obtener y/o registrar registros sanitarios, permisos y/o licencias de funcionamiento; así como sus renovaciones o prórrogas, transferencias, cambios de nombre y/o domicilio, contratos y licencias.
- 3) Ejercer acciones de oposición, observación, reclamos, reconsideración, reposición, apelación, cancelación administrativa o judicial, nulidad, protección al consumidor, concesión de licencias, protección de secretos industriales y demás acciones y recursos relacionados con derechos derivados de los asuntos arriba indicados y en contra de la competencia desleal, acciones derivadas de la obtención o explotación de licencias, acciones de indemnización de perjuicios. También podrá(n) intervenir en juicios civiles, comerciales, penales, contencioso-administrativos, tutelas y de policía; en acciones o juicios promovidos por el (la) mandante o en contra el (ella)
- 4) En el ejercicio de este mandato los mandatarios arriba mencionados quedan facultados para: conciliar, cancelar, transigir, comprometer en árbitros, desistir, recibir y tomar posesión de la cosa objeto de litigio y renunciar o desistir a derechos concedidos o en curso de concesión, admitir los hechos del proceso.
- 5) Ratificar o no la agencia oficiosa.
- 6) Así mismo faculto (facultamos) a los mencionados apoderados para recibir notificaciones y designar apoderados judiciales o extrajudiciales, sustituir el presente poder y revocar las sustituciones que hicieren.

- 1) To apply, process, obtain and/or register any of the modalities of Industrial Property, such as: Patents of Invention, Utility Models; Designs; as well as their renewals, assignments, changes of name and/or domicile, agreements and licenses.
- 2) To apply, process, obtain and/or register sanitary registrations, operating authorizations and/or licenses; as well as their renewals or assignments, changes of name and/or domicile, agreements and licenses.
- 3) To bring actions of opposition, observations, claims, reconsideration, appeal or legal remedies, cancellations, nullity, protection to the consumer, granting of licenses, protection of trade secrets and other actions related with rights derived from the above-mentioned matters and against the unfair competition, actions resulting from the obtaining or exploitation of licenses, recovering damages actions. They can also intervene or participate in Civil, Commercial, Criminal or Contentious-Administrative Trials; the actions for writ mandamus, police actions; in actions, lawsuits or litigations instituted by the grantor or against him.
- 4) To the effect of this mandate the above-named proxy are empowered to: conciliate, cancel, settle, submit to arbitration, withdraw and to receive and take possession of the litigation related objet and waive or renounce the rights granted or in process of granting, admit the facts of the case.
- 5) To ratify or not the officious agency.
- 6) I (we) hereby appoint the afore mentioned attorneys with powers to receive notifications and to designate judicial and extrajudicial attorneys, substitute this Power of Attorney and to revoke such substitutions.

Dado y firmado en Madrid

Granted and signed at

a los 08

días de Marzo 2016

on this 08 day of

Marzo

of 2015



(Miguel Rigueiro / apoderado / legal representative)
Firma / signature

LISTADO DE SECUENCIAS

<110> Bayer CropScience AG

<120> Uso de

2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales para controlar plantas no deseadas en áreas de plantas de cultivo transgénico que son tolerantes a herbicidas inhibidores de HPPD

<130> BCS13-1021

<160> 46

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 1323

<212> ADN

<213> Secuencia Artificial

<220>

<223> Secuencia de ácido nucleico que codifica HPPD Avena sativa optimizada para la expresión en células de Escherichia coli

<400> 1

atgcctccga caccggcaac agcaaccggt gcagcagcag cagccgttac accggaacat 60

gcagcagcta gctttccgcg tgttggtcgt gttaatccgc gtagcgatcg ttttccggtt 120

ctgagctttc atcatgttga actgtggtgt gcagatgcag caagcgagc aggtcgtttt 180

agctttgcac tgggtgcacc tctggcagca cgttctgac tgagcaccgg taatagcgca 240

catgaagcc tgctgctgcg tagcgggtgca ctggcatttc tgtttaccgc tccgatgca 300

cctctccgc aggaagcagc aaccgcagcc gcaaccgcaa gcattccgag cttagcgca 360

gatgcagccc gtacctttgc agcagcacat ggcctggcag ttcgtagcgt tgggtgtcgt 420

gttgagatg ccgcagaagc atttcgcgtt agcgttgagg gaggtgcacg tcctgcattt 480

gcaccggcag atctgggtca tggttttggt ctggcagaag ttgaactgta cggcgatgtt 540

gttctgcgtt ttgttagcta tccggatgaa accgatctgc cgtttctgcc tggttttgaa 600

cgtgttagct ctccgggtgc agttgattat ggtctgaccc gttttgatca tgttgttggc 660

aatgttccgg aaatggcacc ggttattgat tatatgaaag gctttctggg ctttcatgaa 720
tttgagaat ttaccgcaga agatgttggc accaccgaaa gcggtctgaa tagcgttgtt 780
ctggccaata atagcgaagc agttctgctg ccgctgaatg aaccggtgca tggcaccaaa 840
cgtcgtagcc agattcagac ctatctggaa tatcatggtg gtccgggtgt tcagcatatt 900
gcactggcaa gcaatgatgt tctgcgtacc ctgcgtgaaa tgcgtgcacg taccgatg 960
ggtgggtttg aatttatggc acctccgcag gcaaaatatt atgaaggtgt gcgtcgtatt 1020
gccggtgatg ttctgagcga agagcagatt aaagaatgcc aggaactggg cgttctggtt 1080
gatcgtgatg atcagggtgt tctgctgcag atttttacca aaccggttgg tgatcgtccg 1140
accttttttc tggaaatgat tcagcgtatt ggctgcatgg aaaaagatga agtgggtcag 1200
gaatatcaga aaggcgggtg tgggtggttt ggtaaaggca attttagcga actgtttaaa 1260
agcattgaag attatgaaaa aagcctggaa gttaaacaga gcgttgttgc ccagaaaagc 1320
taa 1323

<210> 2
<211> 440
<212> PRT
<213> Avena sativa

<400> 2

Met Pro Pro Thr Pro Ala Thr Ala Thr Gly Ala Ala Ala Ala Ala Val
1 5 10 15

Thr Pro Glu His Ala Ala Arg Ser Phe Pro Arg Val Val Arg Val Asn
20 25 30

Pro Arg Ser Asp Arg Phe Pro Val Leu Ser Phe His His Val Glu Leu
35 40 45

Trp Cys Ala Asp Ala Ala Ser Ala Ala Gly Arg Phe Ser Phe Ala Leu
50 55 60

Gly Ala Pro Leu Ala Ala Arg Ser Asp Leu Ser Thr Gly Asn Ser Ala
65 70 75 80

His Ala Ser Leu Leu Leu Arg Ser Gly Ala Leu Ala Phe Leu Phe Thr
 85 90 95

Ala Pro Tyr Ala Pro Pro Pro Gln Glu Ala Ala Thr Ala Ala Thr
 100 105 110

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

Ala His Gly Leu Ala Val Arg Ser Val Gly Val Arg Val Ala Asp Ala
 130 135 140

Ala Glu Ala Phe Arg Val Ser Val Ala Gly Gly Ala Arg Pro Ala Phe
145 150 155 160

Ala Pro Ala Asp Leu Gly His Gly Phe Gly Leu Ala Glu Val Glu Leu
 165 170 175

Tyr Gly Asp Val Val Leu Arg Phe Val Ser Tyr Pro Asp Glu Thr Asp
 180 185 190

Leu Pro Phe Leu Pro Gly Phe Glu Arg Val Ser Ser Pro Gly Ala Val
 195 200 205

Asp Tyr Gly Leu Thr Arg Phe Asp His Val Val Gly Asn Val Pro Glu
210 215 220

Met Ala Pro Val Ile Asp Tyr Met Lys Gly Phe Leu Gly Phe His Glu
225 230 235 240

Phe Ala Glu Phe Thr Ala Glu Asp Val Gly Thr Thr Glu Ser Gly Leu
 245 250 255

Asn Ser Val Val Leu Ala Asn Asn Ser Glu Ala Val Leu Leu Pro Leu
260 265 270

Asn Glu Pro Val His Gly Thr Lys Arg Arg Ser Gln Ile Gln Thr Tyr
275 280 285

Leu Glu Tyr His Gly Gly Pro Gly Val Gln His Ile Ala Leu Ala Ser
290 295 300

Asn Asp Val Leu Arg Thr Leu Arg Glu Met Arg Ala Arg Thr Pro Met
305 310 315 320

Gly Gly Phe Glu Phe Met Ala Pro Pro Gln Ala Lys Tyr Tyr Glu Gly
325 330 335

Val Arg Arg Ile Ala Gly Asp Val Leu Ser Glu Glu Gln Ile Lys Glu
340 345 350

Cys Gln Glu Leu Gly Val Leu Val Asp Arg Asp Asp Gln Gly Val Leu
355 360 365

Leu Gln Ile Phe Thr Lys Pro Val Gly Asp Arg Pro Thr Phe Phe Leu
370 375 380

Glu Met Ile Gln Arg Ile Gly Cys Met Glu Lys Asp Glu Val Gly Gln
385 390 395 400

Glu Tyr Gln Lys Gly Gly Cys Gly Gly Phe Gly Lys Gly Asn Phe Ser
405 410 415

Glu Leu Phe Lys Ser Ile Glu Asp Tyr Glu Lys Ser Leu Glu Val Lys
420 425 430

Gln Ser Val Val Ala Gln Lys Ser
435 440

<210> 3
<211> 1077
<212> ADN
<213> Pseudomonas fluorescens

<220>
<221> característica_misc
<222> (1006)..(1008)
<223> codón de GGT es reemplazado por codón TGG

<400> 3
atggcagatc tatacga aaa ccaatgggc ctgatgggct ttgaattcat cgaattcgcg 60
tcgccgacgc cgggtaccct ggagccgac ttcgagatca tgggcttcac caaagtcgcg 120
accacaccgtt ccaagaacgt gcacctgtac cgccagggcg agatcaacct gatcctcaac 180
aacgagccca acagcatcgc ctctacttt gcggccgaac acggcccgtc ggtgtgcggc 240
atggcggttc gcgtgaagga ctgc aaaaag gcctacaacc gcgccctgga actcggcgcc 300
cagccgatcc atattgacac cgggccgatg gaattgaacc tgccggcgat caagggcac 360
ggcggcgcg cgttgtaacct gatcgaccgt ttcggcgaag gcagctcgat ctacgacatc 420
gacttcgtgt acctcgaagg tgtggagcgc aatccggtcg gtgcaggtct caaagtcac 480
gaccacctga ccacaacgt ctatcgggc cgcatggtct actgggcaa cttctacgag 540
aaattgttca acttccgtga agcgcgttac ttcgatatca agggcgagta caccggcctg 600
acttcaagg ccatgagtc gccggacggc atgatccga tccgctgaa cgaagagtcg 660
tccaagggcg cggggcagat cgaagagttc ctgatgcagt tcaacggcga aggcattcag 720
cacgtggcgt tcctaccga cgacctggc aagacctggg acgcgttgaa gaaaatcggc 780
atgcgcttca tgaccgcgc gccagacact tattacgaaa tgctcgaagg ccgcctgcct 840
gaccacggcg agccggtgga tcaactgcag gcacgcgta tcctgctgga cggatcttcc 900
gtggaaggcg acaaacgcct gctgctgcag atcttctcgg aaacctgat gggcccggtg 960
ttcttgaat tcattcagcg caaggcgac gatgggttg gcgagtgga cttcaaggcg 1020
ctgttcgagt ccattcgaac tgaccaggcg cgtcgtggtg tattgaccgc cgattaa 1077

<210> 4
<211> 358
<212> PRT
<213> Pseudomonas fluorescens

<220>
<221> CARACTERÍSTICA_MISC
<222> (336)..(336)
<223> Gly reemplazado por Trp

<400> 4

Met Ala Asp Leu Tyr Glu Asn Pro Met Gly Leu Met Gly Phe Glu Phe
1 5 10 15

Ile Glu Phe Ala Ser Pro Thr Pro Gly Thr Leu Glu Pro Ile Phe Glu
20 25 30

Ile Met Gly Phe Thr Lys Val Ala Thr His Arg Ser Lys Asn Val His
35 40 45

Leu Tyr Arg Gln Gly Glu Ile Asn Leu Ile Leu Asn Asn Glu Pro Asn
50 55 60

Ser Ile Ala Ser Tyr Phe Ala Ala Glu His Gly Pro Ser Val Cys Gly
65 70 75 80

Met Ala Phe Arg Val Lys Asp Ser Gln Lys Ala Tyr Asn Arg Ala Leu
85 90 95

Glu Leu Gly Ala Gln Pro Ile His Ile Asp Thr Gly Pro Met Glu Leu
100 105 110

Asn Leu Pro Ala Ile Lys Gly Ile Gly Gly Ala Pro Leu Tyr Leu Ile
115 120 125

Asp Arg Phe Gly Glu Gly Ser Ser Ile Tyr Asp Ile Asp Phe Val Tyr

130	135	140	
Leu Glu Gly Val Glu Arg Asn Pro Val Gly Ala Gly Leu Lys Val Ile			
145	150	155	160
Asp His Leu Thr His Asn Val Tyr Arg Gly Arg Met Val Tyr Trp Ala			
165	170	175	
Asn Phe Tyr Glu Lys Leu Phe Asn Phe Arg Glu Ala Arg Tyr Phe Asp			
180	185	190	
Ile Lys Gly Glu Tyr Thr Gly Leu Thr Ser Lys Ala Met Ser Ala Pro			
195	200	205	
Asp Gly Met Ile Arg Ile Pro Leu Asn Glu Glu Ser Ser Lys Gly Ala			
210	215	220	
Gly Gln Ile Glu Glu Phe Leu Met Gln Phe Asn Gly Glu Gly Ile Gln			
225	230	235	240
His Val Ala Phe Leu Thr Asp Asp Leu Val Lys Thr Trp Asp Ala Leu			
245	250	255	
Lys Lys Ile Gly Met Arg Phe Met Thr Ala Pro Pro Asp Thr Tyr Tyr			
260	265	270	
Glu Met Leu Glu Gly Arg Leu Pro Asp His Gly Glu Pro Val Asp Gln			
275	280	285	
Leu Gln Ala Arg Gly Ile Leu Leu Asp Gly Ser Ser Val Glu Gly Asp			
290	295	300	
Lys Arg Leu Leu Leu Gln Ile Phe Ser Glu Thr Leu Met Gly Pro Val			
305	310	315	320
Phe Phe Glu Phe Ile Gln Arg Lys Gly Asp Asp Gly Phe Gly Glu Trp			

325	330	335
Asn Phe Lys Ala Leu Phe Glu Ser Ile Glu Arg Asp Gln Val Arg Arg		
340	345	350

Gly Val Leu Thr Ala Asp
355

<210> 5
<211> 1077
<212> ADN
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Secuencia de ácido nucleico que codifica HPPD de Pseudomonas fluorescens
mutada en la posición 336 (Gly a Trp) optimizada para la
expresión en soja y algodón

<220>
<221> característica_misc
<222> (1006)..(1008)
<223> codón de GGT es reemplazado por codón TGG

<400> 5
atggctgatac ttatgagaa ccctatgggt cttatgggct tcgagtttat tgagttcgct 60

tctcctaccc ctggtactct tgaacctatt ttcgagatca tgggcttcac taaggttgca 120

actcacaggt ctaagaacgt tcacctttac aggcagggtg agatcaacct taccctaac 180

aacgagccta actccattgc ttctatttc gctgctgagc atggtccatc tgtttgcggt 240

atggctttca gagttaagga ttctcagaag gcttacaaca gggctcttga acttggtgct 300

cagcctattc atattgatac cggacctatg gaactcaacc ttctgctat taagggtatt 360

ggtggtgctc ctctttacct tattgataga ttcggtgagg gctcctccat ctacgatatt 420

gatttcgttt acctgaggg cgttgagaga aaccctgttg gtgctggtct taaggttatc 480

gatcacctta cccacaacgt ttacagaggt aggatgggtt actgggctaa ctctacgag 540

aagttgttca acttcagaga ggctcggtac ttcgatatta agggcgagta cactggtctt 600

acctctaagg ctatgtctgc tctgatggg atgatcagga ttctcttaa cgaagagtc 660
tctaagggtg ctgggtcaaat tgaagagttc ctcatgcaat tcaacgggtga gggatttcag 720
catgttgctt tcttgaccga tgacctgtt aagactggg acgctcttaa gaaaatcggc 780
atgcgtttca tgactgctcc tccagatact tactacgaaa tgcttgaggg taggcttcct 840
gatcatgggtg aacctgttga tcaacttcag gctaggggta ttcttctga tggttcttct 900
gttgagggcg ataagaggct ttgcttcag attttctcc agactcttat gggctcctgtg 960
ttcttcgagt tcattcagag aaagggtgat gatggttgc gtgaatggaa cttcaaggct 1020
cttttcgagt ccattgagag ggatcaagtt agaaggggtg ttctaccgc tgattaa 1077

<210> 6
<211> 1053
<212> ADN
<213> Synechococcus sp.

<400> 6
atgaacccgt ccattcgaat tgtccaagg atccaccacc tgcacttcta ctttgggat 60
ctgccccgtt ggcgggaaca ctttgtcgg gtttggggct tccgggtggc aagcgacgcc 120
ggcaacaccc tggagctgga gcagggatcc ctgcgcttgc gcctgtctca gccggcacgg 180
gcgggggacg aggtggaccg ccatttcag cggcatgggc cgggggtggt gcatgtggcc 240
ttggcgttgg gagagcagga gctaccggcc ttggcggagc tgttcggggg ccgaggcgcc 300
caactggcgt ggatccggc agcagcggcg ctctgcctcc acaccccta cgggatccgg 360
catttctga tccctggccc ctggatgcc gccctgccg aagcgggcct gtttccac 420
tgggatcacg tgggttgaa cgtggagcag ggatccctgc aggcggcagc cgactgttat 480
gggcgggtgc tgggctggcg gcggctgtac cgctacagca tcggcaccgc cacctccggc 540
ctggaaagcg tgggtgtggg ggatccggaa gcggggatcc aatgggcat caacgagccc 600
acctgtgccg cttccagat tcaggagttt ttgatgccc atggcgggcc gggcattcag 660
cacgcggcgc tgcacagctc agacattgtt gccagcctgc gccggttgc gcagggggga 720
gtggactttt tgcaagtggc gccgcagtac tacaccagcc tggaaaggga gctggggttg 780

gcgctccgtt ctgcccttgg gcaggccatc tcctggcaag acctggtgga gcagcagatc 840
 cttctggatg ctaccctgcc cgcttctgat ggccaggatc gcccccttct gctgcagacc 900
 tttaccagc ccctcttgg tcggcccacc ttttcttgg aagtcattca acggctaggc 960
 ggggccacgg gctttggcga ggccaatttt caggctttgt tcgaggccct ggaacggcaa 1020
 cagcgacagc gacaccaggc gctgaccct tag 1053

<210> 7
 <211> 350
 <212> PRT
 <213> Synechococcus sp.

<400> 7

Met Asn Pro Ser Ile Arg Ile Val Gln Gly Ile His His Leu His Phe
 1 5 10 15

Tyr Leu Trp Asp Leu Pro Arg Trp Arg Glu His Phe Cys Arg Val Trp
 20 25 30

Gly Phe Arg Val Ala Ser Asp Ala Gly Asn Thr Leu Glu Leu Glu Gln
 35 40 45

Gly Ser Leu Arg Leu Arg Leu Ser Gln Pro Ala Arg Ala Gly Asp Glu
 50 55 60

Val Asp Arg His Leu Gln Arg His Gly Pro Gly Val Val Asp Val Ala
 65 70 75 80

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

Gly Arg Gly Ala Gln Leu Ala Trp Ile Pro Ala Ala Ala Leu Cys
 100 105 110

Leu His Thr Pro Tyr Gly Ile Arg His Ser Leu Ile Pro Gly Pro Leu

115	120	125
Asp Ala Ala Pro Ala Glu Ala Gly Leu Phe Ser His Trp Asp His Val		
130	135	140
Val Leu Asn Val Glu Gln Gly Ser Leu Gln Ala Ala Ala Asp Trp Tyr		
145	150	155 160
Gly Arg Val Leu Gly Trp Arg Arg Leu Tyr Arg Tyr Ser Ile Gly Thr		
165	170	175
Ala Thr Ser Gly Leu Glu Ser Val Val Val Gly Asp Pro Glu Ala Gly		
180	185	190
Ile Gln Trp Ala Ile Asn Glu Pro Thr Cys Ala Ala Ser Gln Ile Gln		
195	200	205
Glu Phe Leu His Ala His Gly Gly Pro Gly Ile Gln His Ala Ala Leu		
210	215	220
His Ser Ser Asp Ile Val Ala Ser Leu Arg Arg Leu Arg Gln Gly Gly		
225	230	235 240
Val Asp Phe Leu Gln Val Ala Pro Gln Tyr Tyr Thr Ser Leu Glu Arg		
245	250	255
Glu Leu Gly Leu Ala Leu Arg Ser Ala Leu Gly Gln Ala Ile Ser Trp		
260	265	270
Gln Asp Leu Val Glu Gln Gln Ile Leu Leu Asp Ala Thr Leu Pro Ala		
275	280	285
Ser Asp Gly Gln Asp Arg Pro Leu Leu Leu Gln Thr Phe Thr Gln Pro		
290	295	300
Leu Phe Gly Arg Pro Thr Phe Phe Phe Glu Val Ile Gln Arg Leu Gly		

305 310 315 320

Gly Ala Thr Gly Phe Gly Glu Ala Asn Phe Gln Ala Leu Phe Glu Ala
 325 330 335

Leu Glu Arg Gln Gln Arg Gln Arg His Gln Ala Leu Thr Pro
 340 345 350

<210> 8

<211> 1149

<212> ADN

<213> *Blepharisma japonicum*

<400> 8

atgacttatt acgacaagca agaaacgcgt ccagatcttg gcgaattcta tggtttccat 60

cacgttcggt tttagctctc caactcagag caagccgctt cgttctacac atctcgcttt 120

gggttttctc cggttgccta tgaaggattg gaaacaggaa accaaaaatt ctgtaccaat 180

gtcgtccgaa gcaaccatgt agtcacgct ttacctcag ctctcactcc tgaagacaat 240

gaagtgaacc gtcacgttg caagcatagt gatggagttc aagacattgc cttagtgta 300

agtgacgcaa gagggatgta tgagaaagcg atagctaaag gctgtaaaag ctccgtgag 360

ccacaggttt tacaagatca atttgatct gttataatag cgtctctcca gacttatgga 420

gacactgttc acacattagt ccaaaatgtc gactatacag gaccctttt gcctggcttc 480

agagcaatca caaaagatga tccattaaac tctgccttc ctcaggtaaa ttatgacatt 540

attgatcatg tttaggaaa tcagcctggt ggcgatatga ctctacagt agaatggtat 600

gagaaatatt tagaatttca tcgatattgg tctgctgat agtctgtaat ccataccgat 660

tattcagcat taaggctgt tgtggttgct gattgggatg aagtgatcaa aatgcctatt 720

aatgagcctg ctgatggact tagaaaaagt caaatccaag aatatgtcga atattatggt 780

ggagcaggcg tacaacatat tgccttaaaa gtcaatgata ttatttcagt aataagcacc 840

ttaagggcta gaggtgtgga attcttagaa gttcctccta aatattatga tagcttaaga 900

aaaagacttg cgcattctgc ggtacaaatt gaagaagact taaaaagaat tgaagacctt 960

catatTTTgg ttgactTTga cgaccgtggg tatttacttc agatTTTcac aaaaccagta 1020

gaagacagac ctactctgtt ttatgaaatt attcaaagac ataataacaa tggattcgga 1080

attggaaatt ttaaagccct atttgaatca ttggaacaag agcaagaaag aagaggtaat 1140

ttgatctaa 1149

<210> 9

<211> 382

<212> PRT

<213> *Blepharisma japonicum*

<400> 9

Met Thr Tyr Tyr Asp Lys Gln Glu Thr Arg Pro Asp Leu Gly Glu Phe
1 5 10 15

Tyr Gly Phe His His Val Arg Phe Tyr Val Ser Asn Ser Glu Gln Ala
20 25 30

Ala Ser Phe Tyr Thr Ser Arg Phe Gly Phe Ser Pro Val Ala Tyr Glu
35 40 45

Gly Leu Glu Thr Gly Asn Gln Lys Phe Cys Thr Asn Val Val Arg Ser
50 55 60

Asn His Val Val Ile Ala Phe Thr Ser Ala Leu Thr Pro Glu Asp Asn
65 70 75 80

Glu Val Asn Arg His Val Gly Lys His Ser Asp Gly Val Gln Asp Ile
85 90 95

Ala Phe Ser Val Ser Asp Ala Arg Gly Met Tyr Glu Lys Ala Ile Ala
100 105 110

Lys Gly Cys Lys Ser Phe Arg Glu Pro Gln Val Leu Gln Asp Gln Phe
115 120 125

Gly Ser Val Ile Ile Ala Ser Leu Gln Thr Tyr Gly Asp Thr Val His
130 135 140

Thr Leu Val Gln Asn Val Asp Tyr Thr Gly Pro Phe Leu Pro Gly Phe
145 150 155 160

Arg Ala Ile Thr Lys Asp Asp Pro Leu Asn Ser Ala Phe Pro Gln Val
165 170 175

Asn Tyr Asp Ile Ile Asp His Val Val Gly Asn Gln Pro Gly Gly Asp
180 185 190

Met Thr Pro Thr Val Glu Trp Tyr Glu Lys Tyr Leu Glu Phe His Arg
195 200 205

Tyr Trp Ser Ala Asp Glu Ser Val Ile His Thr Asp Tyr Ser Ala Leu
210 215 220

Arg Ser Val Val Val Ala Asp Trp Asp Glu Val Ile Lys Met Pro Ile
225 230 235 240

Asn Glu Pro Ala Asp Gly Leu Arg Lys Ser Gln Ile Gln Glu Tyr Val
245 250 255

Glu Tyr Tyr Gly Gly Ala Gly Val Gln His Ile Ala Leu Lys Val Asn
260 265 270

Asp Ile Ile Ser Val Ile Ser Thr Leu Arg Ala Arg Gly Val Glu Phe
275 280 285

Leu Glu Val Pro Pro Lys Tyr Tyr Asp Ser Leu Arg Lys Arg Leu Ala
290 295 300

His Ser Ala Val Gln Ile Glu Glu Asp Leu Lys Arg Ile Glu Asp Leu
305 310 315 320

His Ile Leu Val Asp Phe Asp Asp Arg Gly Tyr Leu Leu Gln Ile Phe
325 330 335

Thr Lys Pro Val Glu Asp Arg Pro Thr Leu Phe Tyr Glu Ile Ile Gln
340 345 350

Arg His Asn Asn Asn Gly Phe Gly Ile Gly Asn Phe Lys Ala Leu Phe
355 360 365

Glu Ser Leu Glu Gln Glu Gln Glu Arg Arg Gly Asn Leu Ile
370 375 380

<210> 10

<211> 1206

<212> ADN

<213> Rhodococcus sp.

<400> 10

atgacgatcg agcagactct caccgacaag gaacgcctgg caggtctcga cctcggccag 60
ctcgagcagt tggtcgggct cgtcgagtac gacggcaccc gcgaccggtt cccggtcagc 120
ggctgggatg ccgtcgtctg ggtggtcggc aacgccaccc agaccgcca ctacttcag 180
tccgcgttcg ggatgacct cgtgcctac tccggacca ccaccggcaa ccgcgaccac 240
cacagcttcg tcctcgaatc cggggccgtc cgcttcgtca tcaaaggcgc cgtgaacccg 300
gacagcccc tgatcgacca ccaccgcacc cacggcgacg gcgtcgtcga catcgccctc 360
gccgtccccg acgtcgaaa gtgcatcgcc cagccccgcg cccagggcgc caccgtcctc 420
gacgaacccc acgacgtgac cgacgaccac ggcaccgtcc gcctcgccgc gatcgccacc 480
tacggcgaca cccgccacac cctcgtcgac cgcagccact acaccggccc ctacctgccc 540
ggctacaccg cccgcacctc cgccacacc aaacgggacg gggcacccaa gcgcctgttc 600
caggccctcg accacgtcgt cggcaacgtc gaactcggca agatggacca ctgggtcgac 660
ttctacaacc gggcatggg ctttacgaac atggccgagt tcgtcggcga ggacatcgcc 720
accgactact ccgcgctgat gagcaaggtc gtctccaacg gcaaccaccg ggtcaagttc 780

cccctcaacg aacccgccct cgccaagaaa cgctcgaga tcgacgaata cctcgacttc 840
 taccgcggcc cggcgccca gcacctggcc ctggccacca atgacatcct caccgccgtc 900
 gaccagctga ccgccgaggg cgctcgagttc ctggccaccc ccgactccta ctacaggagc 960
 cccgaactgc gggcccgat cggaacgtc cgcgccccca tcgccgaact gcagaaacgc 1020
 ggcatcctcg tcgaccgca cgaagacggc tacctgctgc agatcttcac caaaccctc 1080
 gtcgaccggc ccaccgtgtt cttcgaactc atcgaacgcc acggctcctt cggcttcggc 1140
 atcggcaact tcaaagccct cttcagggcc atcgaacgcg aacaagccgc ccgcggaac 1200
 ttctga 1206

<210> 11
 <211> 401
 <212> PRT
 <213> Rhodococcus sp.

<400> 11

Met Thr Ile Glu Gln Thr Leu Thr Asp Lys Glu Arg Leu Ala Gly Leu
 1 5 10 15

Asp Leu Gly Gln Leu Glu Gln Leu Val Gly Leu Val Glu Tyr Asp Gly
 20 25 30

Thr Arg Asp Pro Phe Pro Val Ser Gly Trp Asp Ala Val Val Trp Val
 35 40 45

Val Gly Asn Ala Thr Gln Thr Ala His Tyr Phe Gln Ser Ala Phe Gly
 50 55 60

Met Thr Leu Val Ala Tyr Ser Gly Pro Thr Thr Gly Asn Arg Asp His
 65 70 75 80

His Ser Phe Val Leu Glu Ser Gly Ala Val Arg Phe Val Ile Lys Gly
 85 90 95

Ala Val Asn Pro Asp Ser Pro Leu Ile Asp His His Arg Thr His Gly
100 105 110

Asp Gly Val Val Asp Ile Ala Leu Ala Val Pro Asp Val Asp Lys Cys
115 120 125

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

Asp Val Thr Asp Asp His Gly Thr Val Arg Leu Ala Ala Ile Ala Thr
145 150 155 160

Tyr Gly Asp Thr Arg His Thr Leu Val Asp Arg Ser His Tyr Thr Gly
165 170 175

Pro Tyr Leu Pro Gly Tyr Thr Ala Arg Thr Ser Gly His Thr Lys Arg
180 185 190

Asp Gly Ala Pro Lys Arg Leu Phe Gln Ala Leu Asp His Val Val Gly
195 200 205

Asn Val Glu Leu Gly Lys Met Asp His Trp Val Asp Phe Tyr Asn Arg
210 215 220

Val Met Gly Phe Thr Asn Met Ala Glu Phe Val Gly Glu Asp Ile Ala
225 230 235 240

Thr Asp Tyr Ser Ala Leu Met Ser Lys Val Val Ser Asn Gly Asn His
245 250 255

Arg Val Lys Phe Pro Leu Asn Glu Pro Ala Leu Ala Lys Lys Arg Ser
260 265 270

Gln Ile Asp Glu Tyr Leu Asp Phe Tyr Arg Gly Pro Gly Ala Gln His
275 280 285

Leu Ala Leu Ala Thr Asn Asp Ile Leu Thr Ala Val Asp Gln Leu Thr
290 295 300

Ala Glu Gly Val Glu Phe Leu Ala Thr Pro Asp Ser Tyr Tyr Glu Asp
305 310 315 320

Pro Glu Leu Arg Ala Arg Ile Gly Asn Val Arg Ala Pro Ile Ala Glu
325 330 335

Leu Gln Lys Arg Gly Ile Leu Val Asp Arg Asp Glu Asp Gly Tyr Leu
340 345 350

Leu Gln Ile Phe Thr Lys Pro Leu Val Asp Arg Pro Thr Val Phe Phe
355 360 365

Glu Leu Ile Glu Arg His Gly Ser Leu Gly Phe Gly Ile Gly Asn Phe
370 375 380

Lys Ala Leu Phe Glu Ala Ile Glu Arg Glu Gln Ala Ala Arg Gly Asn
385 390 395 400

Phe

<210> 12

<211> 1209

<212> ADN

<213> Rhodococcus sp.

<400> 12

atgactaccg ccgacattcg cctgacgccc cgcgaggtgg ccgcacatct ggagaccgac 60

gagctccggc agttggtcgg gctcgtcgaa cagcagcagc cgtcggatcc gtttcccgatg 120

gtcgcgatgg atgccgtggt gttcgtgtgc ggcaacgcga cgcagagcac gcagtacttc 180

gtctccacgt ggggcatgac cctcgtcgcc tacgccgggc cggagaccgg tcagcgctcg 240

cacaagtctt tcgtcctcga gtcggggtcg gcacggttcg tgctgcacgg cgccgtcgat 300

ccgaagagcc cgctcgcgga ccatcaccgg gcgcacggcg acggcgtggt ggacctggcg 360
 atggaagttc tcgacgtcga ccgctgcatc gcgcatgcac gctcgcaggg ggccaccatt 420
 ctcgaggagc cgcgcgacgt cacggatcag ttcggcaccg tgcggctcgc ggcgatcgcc 480
 acgtacggca gcacccggca caccatcgtc gaccgaagcc gatacgacgg ccctacctc 540
 cccggattcg tcgcgcgctc cagcggtttc gcggcgcgac cgggtaaacc cccgcgattg 600
 ttccaggcgc tcgaccacgc cgtcggcaac gtcgagatgg gccggatgga tcttggtg 660
 cggttctaca accgcgtcat gggcttcacg aacatggccg aattcgtcgg cgacgacatc 720
 gccacggagt actcggcgtc gatgtcgaag gtcgtggcga acggcaatca ccgggtgaag 780
 ttcccgtca acgaaccgc ggtgggaaag aagaagtcgc agatcgacga atatctcgag 840
 ttctacggtg agccgggctg ccagcatctg gccctcgcga ccggagacat cctcgcgacg 900
 gtggacgcgt tgcgggccga ggggtgtcga ttctgaaca caccgacgc gtactacgag 960
 gaccacagc tgcgcgccc gatcggcagg gtgcgggtgc cggaggagga actgcagaag 1020
 cgcggaatcc tcgtcgaccg cgacgaggac ggatacctcc tgcagatctt caccaaaccg 1080
 ctcggcgacc ggccgaccgt gttcttcgag gtgatcgaac ggacgggttc gctcgggttc 1140
 ggggcgggta acttcaggc cctgttcgaa tccatcgagc gtgagcaggc ggcgcgcggc 1200
 aatctgtga 1209

<210> 13

<211> 402

<212> PRT

<213> Rhodococcus sp.

<400> 13

Met Thr Thr Ala Asp Ile Arg Leu Thr Pro Arg Glu Val Ala Ala His
 1 5 10 15

Leu Glu Thr Asp Glu Leu Arg Gln Leu Val Gly Leu Val Glu His Asp
 20 25 30

Asp Ala Ser Asp Pro Phe Pro Val Val Ala Met Asp Ala Val Val Phe
35 40 45

Val Cys Gly Asn Ala Thr Gln Ser Thr Gln Tyr Phe Val Ser Thr Trp
50 55 60

Gly Met Thr Leu Val Ala Tyr Ala Gly Pro Glu Thr Gly Gln Arg Ser
65 70 75 80

His Lys Ser Phe Val Leu Glu Ser Gly Ser Ala Arg Phe Val Leu His
85 90 95

Gly Ala Val Asp Pro Lys Ser Pro Leu Ala Asp His His Arg Ala His
100 105 110

Gly Asp Gly Val Val Asp Leu Ala Met Glu Val Leu Asp Val Asp Arg
115 120 125

Cys Ile Ala His Ala Arg Ser Gln Gly Ala Thr Ile Leu Glu Glu Pro
130 135 140

Arg Asp Val Thr Asp Gln Phe Gly Thr Val Arg Leu Ala Ala Ile Ala
145 150 155 160

Thr Tyr Gly Ser Thr Arg His Thr Ile Val Asp Arg Ser Arg Tyr Asp
165 170 175

Gly Pro Tyr Leu Pro Gly Phe Val Ala Arg Ser Ser Gly Phe Ala Ala
180 185 190

Arg Pro Gly Lys Pro Pro Arg Leu Phe Gln Ala Leu Asp His Ala Val
195 200 205

Gly Asn Val Glu Met Gly Arg Met Asp His Trp Val Arg Phe Tyr Asn
210 215 220

Arg Val Met Gly Phe Thr Asn Met Ala Glu Phe Val Gly Asp Asp Ile
225 230 235 240

Ala Thr Glu Tyr Ser Ala Leu Met Ser Lys Val Val Ala Asn Gly Asn
 245 250 255

His Arg Val Lys Phe Pro Leu Asn Glu Pro Ala Val Gly Lys Lys Lys
 260 265 270

Ser Gln Ile Asp Glu Tyr Leu Glu Phe Tyr Gly Glu Pro Gly Cys Gln
 275 280 285

His Leu Ala Leu Ala Thr Gly Asp Ile Leu Ala Thr Val Asp Ala Leu
 290 295 300

Arg Ala Glu Gly Val Glu Phe Leu Asn Thr Pro Asp Ala Tyr Tyr Glu
305 310 315 320

Asp Pro Gln Leu Arg Ala Arg Ile Gly Arg Val Arg Val Pro Val Glu
 325 330 335

Glu Leu Gln Lys Arg Gly Ile Leu Val Asp Arg Asp Glu Asp Gly Tyr
 340 345 350

Leu Leu Gln Ile Phe Thr Lys Pro Leu Gly Asp Arg Pro Thr Val Phe
 355 360 365

Phe Glu Val Ile Glu Arg His Gly Ser Leu Gly Phe Gly Ala Gly Asn
 370 375 380

Phe Gln Ala Leu Phe Glu Ser Ile Glu Arg Glu Gln Ala Ala Arg Gly
385 390 395 400

Asn Leu

<210> 14

<211> 1107

<212> ADN

<213> *Picrophilus torridus*

<400> 14

```
atgtatggca aaaatttaat ctgagaacta agggaaaagg agatctttaa acgattacat    60
cacgtggaat ttacgttag cagtgcctaa acatggtcat attcatgaa caggggtctt    120
ggatttaaaa cagtggcata tgccggtcca gaaaccggga taagggacaa gatatacctat    180
gttatgtccc agggcactgc aaggatatct ttacatcat caatgaatga tgatagctat    240
atatcgaatc atgttaaaaa acacggggat ggcgtaaagg atatagcact tgaggtcgat    300
gatctggacg aggcataaag cctgatagaa aagatggaa caaaggttc aaaaataaat    360
gaaataaagg atggaaatgg aaagataaga actgcagaga taaaacgta cgttgaaacc    420
gttcatacat taatagaaac cggggattac aatggcgtat tcatgcccg ttatgaggaa    480
tctgaaataa attcaaaaaa cactgggata aaaaagatcg atcatatagt tggaaatgtc    540
tatgagggcg agatggatag ctgggttaat tttacatag aaaaacttg ctttgagcat    600
ttaataacct ttgatgataa agatataaga actgattaca gcgcattaag atcaaaggtt    660
gtaaaataca atgacgatat cgtatttcca ataatgagc ctgcaaaggg ctaagaaaa    720
tcacagatag aggaatatct tgactattac aggtctgagg gcgttcagca catagcactg    780
ttaactgatg atataataaa aactgtatcc atgatggagg aaaacggcat agaatttta    840
aaaacaccag gatcatacta tgaatcccta tcatcaagga taggctcaat agacgaggat    900
ttaaatgaaa tagagaaaca taacatactt gtggatcgtg atgagaacgg atacctatta    960
cagatcttca caaagcctgt tactgacagg ccaacgttct tctttgaggt catacagaga   1020
aagggtgcaa ggtcattcgg caacgtaac ttaaggcac ttttgaggc gatagaaagg   1080
gagcaggcaa agagaggaaa cctatga                                     1107
```

<210> 15

<211> 368

<212> PRT

<213> *Picrophilus torridus*

<400> 15

Met Tyr Gly Lys Asn Leu Ile Ser Glu Leu Arg Glu Lys Glu Ile Phe
1 5 10 15

Lys Arg Leu His His Val Glu Phe Tyr Val Ser Ser Ala Lys Thr Trp
20 25 30

Ser Tyr Phe Met Asn Arg Gly Leu Gly Phe Lys Thr Val Ala Tyr Ala
35 40 45

Gly Pro Glu Thr Gly Ile Arg Asp Lys Ile Ser Tyr Val Met Ser Gln
50 55 60

Gly Thr Ala Arg Ile Ser Phe Thr Ser Ser Met Asn Asp Asp Ser Tyr
65 70 75 80

Ile Ser Asn His Val Lys Lys His Gly Asp Gly Val Lys Asp Ile Ala
85 90 95

Leu Glu Val Asp Asp Leu Asp Glu Ala Lys Ser Leu Ile Glu Lys Tyr
100 105 110

Gly Thr Lys Val Ser Lys Ile Asn Glu Ile Lys Asp Gly Asn Gly Lys
115 120 125

Ile Arg Thr Ala Glu Ile Lys Thr Tyr Gly Glu Thr Val His Thr Leu
130 135 140

Ile Glu Thr Gly Asp Tyr Asn Gly Val Phe Met Pro Gly Tyr Glu Glu
145 150 155 160

Ser Glu Ile Asn Ser Lys Asn Thr Gly Ile Lys Lys Ile Asp His Ile
165 170 175

Val Gly Asn Val Tyr Glu Gly Glu Met Asp Ser Trp Val Asn Phe Tyr
180 185 190

Ile Glu Lys Leu Gly Phe Glu His Leu Ile Thr Phe Asp Asp Lys Asp
195 200 205

Ile Arg Thr Asp Tyr Ser Ala Leu Arg Ser Lys Val Val Lys Tyr Asn
210 215 220

Asp Asp Ile Val Phe Pro Ile Asn Glu Pro Ala Lys Gly Leu Arg Lys
225 230 235 240

Ser Gln Ile Glu Glu Tyr Leu Asp Tyr Tyr Arg Ser Glu Gly Val Gln
245 250 255

His Ile Ala Leu Leu Thr Asp Asp Ile Ile Lys Thr Val Ser Met Met
260 265 270

Glu Glu Asn Gly Ile Glu Phe Leu Lys Thr Pro Gly Ser Tyr Tyr Glu
275 280 285

Ser Leu Ser Ser Arg Ile Gly Ser Ile Asp Glu Asp Leu Asn Glu Ile
290 295 300

Glu Lys His Asn Ile Leu Val Asp Arg Asp Glu Asn Gly Tyr Leu Leu
305 310 315 320

Gln Ile Phe Thr Lys Pro Val Thr Asp Arg Pro Thr Phe Phe Phe Glu
325 330 335

Val Ile Gln Arg Lys Gly Ala Arg Ser Phe Gly Asn Gly Asn Phe Lys
340 345 350

Ala Leu Phe Glu Ala Ile Glu Arg Glu Gln Ala Lys Arg Gly Asn Leu
355 360 365

<210> 16

<211> 1164

<212> ADN

<213> Kordia algicida

<400> 16

atggcagcag aaataaaaaa cttaaaagat ttacaaaata cagaatacgg actcaaaaaa 60

ttatttgacg aagcagaaga ctttctcca ctttaggaa cagactacgt agaattatac 120

gtcgggaacg ccaaacaatc ggcacatttc taaaaacgg ctttggttt tcaatcagaa 180

gcttacgcag gattggaaac aggattaacc gacagagttt catacgtatt aaaacaagat 240

aaaattcgct tggcttaac aacaccatta ggaaaagggt gcgaaatcaa tgagcatatc 300

gatttacag gcgatggcgt aaaagtagta gcactttggg tagaagatgc taaaaagcc 360

ttgaagaaa cgacaaaag aggcgcaaaa ccgtacatgg aaccaacaaa agaagaagat 420

gaaaacggat atgtaattcg ctccaggaatc tatactacg gagaaacgg tcatgttttt 480

gtagaacgta aaaactataa cggagtcttt ttaccaggat atcaaagatg ggaatctcac 540

tacaatccgg agccagttgg cttaaaattc atcgatcaca tgtaggaaa ttaggttg 600

ggagaaatga aagaatggtg tgaattctac gcgaaagtaa tgggatttgc gcaaattatc 660

tcctttacag atgatgatat ttctaccgat ttactgcgt tgatgagtaa agtaatgagt 720

aatggaaatg gtagaatcaa attccaatc aatgaacccg cagaaggaaa aaagaaatcg 780

caaattgaag aatatctaga cttttacaat gggtcaggag tacaacatat tgcggttgct 840

acagacaata ttattgatac ggtttcgcaa atgcgcgaac gtggagtaga attcttatac 900

gttcagata catattatga tgacttgta gaacgtgtg gcgacatga tgaagatgta 960

gaagaactca aaaaacacgg aatcttaatt gatcgtgatg aagaaggata cttattgcag 1020

ttattacca aaaccattgt agacagacca acaatgttct ttgaagtcac tcagcgtaaa 1080

ggcgacaat catttgaggt aggaaacttt aaagctttat ttgaagcgat agaaagagaa 1140

caagctgctc gcggaacatt gtaa

1164

<210> 17

<211> 387

<212> PRT

<213> Kordia algicida

<400> 17

Met Ala Ala Glu Ile Lys Asn Leu Lys Asp Leu Gln Asn Thr Glu Tyr

1 5 10 15

Gly Leu Lys Lys Leu Phe Asp Glu Ala Glu Asp Phe Leu Pro Leu Leu

20 25 30

Gly Thr Asp Tyr Val Glu Leu Tyr Val Gly Asn Ala Lys Gln Ser Ala

35 40 45

His Phe Tyr Lys Thr Ala Phe Gly Phe Gln Ser Glu Ala Tyr Ala Gly

50 55 60

Leu Glu Thr Gly Leu Thr Asp Arg Val Ser Tyr Val Leu Lys Gln Asp

65 70 75 80

Lys Ile Arg Leu Val Leu Thr Thr Pro Leu Gly Lys Gly Gly Glu Ile

85 90 95

Asn Glu His Ile Asp Leu His Gly Asp Gly Val Lys Val Val Ala Leu

100 105 110

Trp Val Glu Asp Ala Thr Lys Ala Phe Glu Glu Thr Thr Lys Arg Gly

115 120 125

Ala Lys Pro Tyr Met Glu Pro Thr Lys Glu Glu Asp Glu Asn Gly Tyr

130 135 140

Val Ile Arg Ser Gly Ile Tyr Thr Tyr Gly Glu Thr Val His Val Phe

145 150 155 160

Val Glu Arg Lys Asn Tyr Asn Gly Val Phe Leu Pro Gly Tyr Gln Arg

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

355 360 365

Asn Phe Lys Ala Leu Phe Glu Ala Ile Glu Arg Glu Gln Ala Ala Arg
370 375 380

Gly Thr Leu
385

<210> 18

<211> 1056

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de ácido nucleico que codifica HPPD de Synechococcus sp. optimizada para la expresión en soja y algodón

<400> 18

atggctaacc catcattag gatcgttcag ggaatccatc accttcactt ctacctttgg 60

gatcttccaa ggtggagaga gcatttctgt agagtttggg gattcagagt tgcttctgat 120

gctggaaaca ctcttgaact tgagcaagga tctcttaggc ttaggctttc tcaaccagct 180

agagctgggt atgaagtga taggcatctt caaagacatg gaccaggtgt tgttgatgtt 240

gctcttgctg ttggagaaca agaactcca gctcttgctg aacttcttag aggaaggggt 300

gctcaacttg ctggattcc agctgctgct gctctttgcc ttcatactcc atacggaatt 360

aggcactccc ttattccagg accacttgat gctgctccag ctgaggctgg acttttttct 420

cattgggatc acgttgttct taatgtggag cagggatctc ttcaagctgc tgctgattgg 480

tatggaagag ttcttgatg gcgtagactt taccgttact ccatcggaac tgctacttca 540

ggacttgagt ctgttgttgt tggagatcca gaggctggca ttcaatgggc tatcaacgaa 600

cctacttgcg ctgcttctca gattcaagag ttccttcattg ctcatgggtg accaggtatt 660

caacatgctg ctctccactc ttcagatatt gtggcttctc ttagaaggct taggcaaggt 720

ggagttgatt tccttcaagt ggctccacag tactatactt ctcttgagag agagcttgga 780

cttgctctta gatctgctct tggacaggct atttcttggc aggatcttgt tgagcagcag 840

attcttcttg atgctactct tccagcttct gatggacaag ataggccact ttgctccaa 900
actttcactc aaccactttt cggaaggcca acattcttct tcgaagtgat tcaaagactt 960
ggaggtgcta ctggatttgg agaggctaata ttccaagctc ttttcgaggc tcttgaaagg 1020
caacaaaggc aaaggcatca agctcttact ccatga 1056

<210> 19

<211> 1152

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de ácido nucleico que codifica *Blepharisma japonicum* HPPD optimizada para la expresión en soja y algodón

<400> 19

atggctactt actacgataa gcaagagact agaccagatc ttggagagtt ctacggattc 60
caccatgtta ggttctacgt gtctaattct gagcaagctg cttctttcta cacttcccgt 120
ttcggatttt ctccagttgc ttacgaagga ctgagactg gaaatcagaa gttctgcact 180
aacgttgta ggtctaacca cgtggtgatt gcttttactt ctgctctcac tccagaggat 240
aatgaggta acaggcatgt tggaaagcac tctgatggg ttccaggatat tgctttctct 300
gtgtctgatg ctagaggaat gtacgagaag gctattgcta agggatgcaa gtctttcaga 360
gagccacaag ttcttaaga tcagttcgga tcagtgatta ttgcttcct tcagacttac 420
ggtgatactg ttacactct cgttcagaac gttgattaca ctggaccatt ccttcaggt 480
ttcagggcta tctaagga tgatccactt aactctgctt tcccacaggt gaactacgat 540
atcattgatc acgttggtgg aaatcagcca ggtggagata tgactccaac tgttgagtgg 600
tacgagaagt accttgagtt tcacaggtat tggagtgtg atgagtctgt gatccacact 660
gattactctg ctcttagatc tgtgtgtg gctgattggg atgaggttat caagatgcct 720
attaacgaac cagctgatgg acttaggaag tcccagattc aagagtacgt tgagtattat 780
ggtggagctg gtgttcaaca cattgctctc aaggtgaacg atatcatttc cgtgatttcc 840

actcttagag ctagaggagt tgagtttctt gaagtccac caaagtacta cgattctctc 900
 agaaagaggc ttgctcattc tgctgttcag atcgaagagg atcttaaacg tattgaggac 960
 cttcacatcc tcgtggattt tgatgatagg ggataccttc tccagatttt cactaagcca 1020
 gttgaggata ggccaacttt gttctacgag atcatccaaa ggcataacaa caacggattc 1080
 ggaatcgga atttcaaggc tcttttcgag tctcttgagc aagaacaaga gagaagggga 1140
 aacctcatct ga 1152

<210> 20

<211> 1209

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de ácido nucleico que codifica Rhodococcus sp. cepa RHA1),
 aislada de HPPD ro03041 optimizada para la expresión en soja y
 algodón

<400> 20

atggctacta ttgagcagac tctcactgat aaggaaaggc ttgctggact tgatcttgga 60
 caacttgagc agcttggttg acttggtgag tacgatggaa ctagggaccc atttcagtt 120
 tctggatggg atgctgttgt ttgggtgtg ggaaatgcta ctcaaactgc tcactacttc 180
 caatctgctt tcggaatgac tcttggtgct tactctggac caactactgg aaatagggat 240
 caccactctt tcgttcttga atctggtgct gtgagattcg ttattaaggg tgctgtgaac 300
 ccagattctc cacttattga tcaccatagg actcatggtg atggtgttgt ggatattgct 360
 cttgctgttc cagatgtgga taagtgcatt gctcatgcta gggctcaagg tgctactgtt 420
 cttgatgagc cacacgatgt tactgatgat cacggaactg ttaggcttgc tgctattgct 480
 acttacggtg atacaaggca cactcttgtt gataggtcac actacactgg accatatctt 540
 ccaggataca ctgctagaac ttccggacac actaagaggg atggtgctcc aaagagactt 600
 ttccaggctc ttgatcacgt tgttggaac gttgagcttg gaaagatgga tcactgggtg 660
 gacttctaca ataggggtgat gggattcact aatatggctg agtttgtggg agaagatatc 720

gctactgatt actctgctct catgtctaag gttgtgtcta atggaaacca cagggtgaag 780
 ttcccactta atgaaccagc tctcgctaaa aaaaggtcac agatcgatga gtacctcgat 840
 ttttatcgtg gaccaggtgc tcaacatctt gctctcgcta ctaacgatat tctcactgct 900
 gtggatcaac ttactgctga ggggtgttag tttcttgcta ctccagattc ctattacgag 960
 gaccagaac ttagagctag gatcggaat gtagggctc caatcgctga acttcagaag 1020
 aggggaatac tcgttgatag agatgaggat ggataccttc tccagatctt cactaagcca 1080
 ttggttgata ggccaactgt tttcttcgag cttattgaga ggcatggatc tcttgattc 1140
 ggaatcgga acttcaaggc tcttttcgag gctattgaga gagaacaagc tgctagggga 1200
 aatttctga 1209

<210> 21

<211> 1212

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de nucleótido que codifica Rhodococcus sp. (cepa RHA1),
 aislada de HPPD ro02040 optimizada para la expresión en
 soja y algodón

<400> 21

atggctacta ctgctgatat taggcttact ccaaggaag ttgctgtca tcttgagact 60
 gatgagctta ggcaacttgt tggacttgtt gagcacgatg atgcttcaga tccattccca 120
 gttgttgcta tggatgctgt tgtttttgtt tgcggaaacg ctactcaatc tactcagtac 180
 ttcgtgtcta ctggggaat gactcttgtt gcttatgctg gaccagaaac tggacagaga 240
 tctcacaagt ctttcgtgct tgaatctgga tctgctagat tcgttctca cgggtgctgtt 300
 gatccaaagt ctccacttgc tgatcatcat agggctcatg gtgatgggtg tgtggatctt 360
 gctatggaag tgcttgatgt ggatagatgc attgctcatg ctagatctca ggggtgctact 420
 attcttgaag aacctcgtga tgtgactgat cagtttgga ctgttaggct tgctgctatt 480
 gctacttacg gctccactag gcacactatt gtggataggt ccagatatga tggaccatac 540

cttccaggat ttgttgctag gtcactgga ttgctgcta gaccaggaaa gccaccaaga 600
 cttttcaag ctcttgatca cgctgttga aatgttgaat tgggaaggat ggatcattgg 660
 gtgaggttct acaatagggt gatgggattc actaatatgg ctgagttcgt gggatgatgat 720
 attgctactg agtactctgc tcttatgtct aaggttggg ctaatggaaa tcacagggtg 780
 aagttccac ttaatgaacc agctgtggga aagaagaagt cccagatcga cgagtacctt 840
 gagttttacg gtgaaccagg atgtcaacat ctgtctctcg ctactggatga tattcttgct 900
 actgtggatg ctcttagagc tgaagggtt gagttcctca atactccaga tgcttactac 960
 gaggaccac aacttagagc taggattgga agagttaggg ttccagtga ggaacttcag 1020
 aagaggggaa tactcgttga tagagatgag gatggatacc ttctccagat cttactaag 1080
 ccacttgag ataggccaac tgtttcttc gaagtgattg agaggcatgg atctcttga 1140
 ttggagcag gaaactcca ggcacttttc gactctattg agagagaaca agctgctagg 1200
 ggaaatcttt ga 1212

<210> 22

<211> 1110

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de ácido nucleico que codifica *Picrophilus torridus* HPPD optimizada para la expresión en soja y algodón

<400> 22

atggcttacg gaaagaacct ttttctgag cttagagaga aagagatctt caagaggctt 60
 catcacgttg agttctacgt ttctccgct aagacttgg cctacttcat gaatagggga 120
 ctcggattca agactgttgc ttatgctgga ccagaaactg gaatcaggga taagatctcc 180
 tacgttatgt ctcaaggtag tgctaggatt tctttcactt cctccatgaa cgatgattcc 240
 tacatttcca accacgttaa gaaacacggg gatgggttta aggatatcgc tctcgaagtg 300
 gatgatcttg atgaggctaa gtctctcatt gagaagtacg gaactaagggt gtccaagatc 360
 aacgagatca aggatggaaa cggaagatt aggactgctg agatcaagac ttacggtgaa 420

actgtgcaca ctcttatcga gactggatg tacaacggg tttcatgcc aggatacgaa 480

gagtctgaga tcaactcaa gaacactgg atcaaaaaa tcgatcacat tgtgggaaat 540

gtttacgagg gtgaaatgga ttctgggtg aacttctaca ttgagaagtt gggattcgag 600

caccttatca ctttcgatga taaggatc aggactgatt actctgctct taggtctaag 660

gtggtgaagt acaacgatga tatcgtgtc cctattaacg aaccagctaa gggacttagg 720

aagtccaaa tcgaagagta cctcgattat taccgttctg aggggtgtca acacattgct 780

ttgctcacag acgatcat caagactgtg tccatgatgg aagagaacgg aattgagttc 840

cttaagactc caggatctta ctacgagtct ttgtcctcta ggattggatc tatcgatgag 900

gatctcaacg aaatcgagaa gcacaacatt cttgtggata gggatgagaa cggatacctt 960

ctccagattt tactaagcc agtgactgat aggccaacat tcttctcga agtgatcaa 1020

agaaaggggtg ctgatcttt cggaaacgga aactcaagg ctctttcga ggctattgag 1080

agagaacaag ctaagagggg aaaccttga 1110

<210> 23

<211> 1167

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de ácido nucleico que codifica HPPD de Kordia algicida optimizada para la expresión en soja y algodón

<400> 23

atggctgctg ctgagattaa gaacctcaag gatctccaga atactgagta cggactcaag 60

aaacttttg atgaggctga ggatttcctt ccacttctg gaactgatta cgttgagctt 120

tatgtgggaa acgcaaagca atctgctcac ttctacaaga ctgcttcgg atttcaatct 180

gaggcttacg ctggacttga aactggactt actgataggg tttctacgt gcttaagcag 240

gataagatta ggcttgct cactactcca cttggaaagg gtggagagat taacgagcac 300

attgatcttc atggatgatg tgtaagggt gtggtcttt gggttgaaga tgctactaag 360

gctttcgaag agactactaa gagaggtgca aagccttata tggaacctac aaaagaagag 420
gacgagaacg gatacgtgat tagatccgga atctacactt acggtgagac tgttcacgtt 480
ttcgtggaga ggaagaacta caacggagtc tttcttcctg gataccaacg atgggagtct 540
cattacaatc cagagccagt gggacttaag ttcacgatc acatgggtggg taatgttgga 600
tggggagaga tgaaggaatg gtgcgagttt tacgctaagg ttatgggatt cgctcagatc 660
atttccttca ctgatgatga tatctccact gatttcactg ctcttatgtc caaggtgatg 720
tctaattgaa acggaaggat caagttccct attaacgaac cagctgaggg aaagaagaag 780
tcccagatcg aagagtacct cgatttctac aacggatctg gtgttcagca tattgctgtg 840
gcaactgata acatcatcga tactgtgtct caaatgagag aaaggggagt ggagtttctt 900
tacgtcccag atacttacta cgatgatctc cttgagagag tgggagatat tgacgaggat 960
gtggaggaac ttaagaagca cggaatcctc attgatagag atgaagaggg ataccttctc 1020
cagcttttca ctaagactat cgtggatagg ccaactatgt tcttcgaagt gatccaaaga 1080
aagggtgctc aatctttcgg agtgggaaac ttcaaggctc ttttcgaggc tattgagaga 1140
gaacaagctg ctagaggaac tctttga 1167

<210> 24

<211> 1077

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de ácido nucleico que codifica HPPD de Pseudomonas fluorescens

mutada en la posición 335, mutación Glu => Pro;

y mutada en la posición 336; mutación Gly => Trp

<400> 24

atggcagatc tatacgaaaa cccaatgggc ctgatgggct ttgaattcat cgaattcgcg 60

tcgccgacgc cgggtaccct ggagccgatc ttcgagatca tgggcttcac caaagtcgcg 120

accaccgtt ccaagaacgt gcacctgtac cgccagggcg agatcaacct gatcctcaac 180

aacgagccca acagcatcgc ctctacttt gcggccgaac acggcccgtc ggtgtgcggc 240
atggcgttcc gcgtaagga ctgcaaaag gcctacaacc gcgccctgga actcggcgcc 300
cagccgatcc atattgacac cgggccgatg gaattgaacc tgccggcgat caaggcatc 360
ggcggcgcg cgtgtacct gatcgaccgt ttcggcgaag gcagctcgat ctacgacatc 420
gacttcgtgt acctgaagg tgtggagcgc aatccggtcg gtgcaggtct caaagtcac 480
gaccacctga cccacaacgt ctatcgcggc cgcatggtct actgggcaa cttctacgag 540
aaattgttca acttccgtga agcgcgttac ttcgatatca agggcgagta caccgcctg 600
acttcaagg ccatgagtg gccggacggc atgatccga tcccgctgaa cgaagagtcg 660
tccaaggcg cggggcagat cgaagagttc ctgatgcagt tcaacggcga aggcattcag 720
cacgtggcgt tcctcaccga cgacctggc aagacctggg acgcgttgaa gaaaatcggc 780
atgcgttca tgaccgcgc gccagacact tattacgaaa tgctgaagg ccgcctgcct 840
gaccacggcg agccggtgga tcaactgcag gcacgcgta tcctgctgga cggatcttcc 900
gtggaaggcg acaaacgcct gctgctgcag atcttctcgg aaaccctgat gggcccggcg 960
ttttcgaat tcattcagcg caaggcgac gatgggttg gcccttgaa cttcaaggcg 1020
ctgttcgagt ccacgaacg tgaccaggcg cgtcgtggtg tattgaccgc cgattaa 1077

<210> 25

<211> 358

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Proteína codificada por SEQ ID No 24

<220>

<221> CARACTERÍSTICA_MISC

<222> (335)..(335)

<223> mutación Glu --> Pro

<220>

<221> CARACTERÍSTICA_MISC

<222> (336)..(336)

<223> mutación Gly --> Trp

<400> 25

Met Ala Asp Leu Tyr Glu Asn Pro Met Gly Leu Met Gly Phe Glu Phe
1 5 10 15

Ile Glu Phe Ala Ser Pro Thr Pro Gly Thr Leu Glu Pro Ile Phe Glu
20 25 30

Ile Met Gly Phe Thr Lys Val Ala Thr His Arg Ser Lys Asn Val His
35 40 45

Leu Tyr Arg Gln Gly Glu Ile Asn Leu Ile Leu Asn Asn Glu Pro Asn
50 55 60

Ser Ile Ala Ser Tyr Phe Ala Ala Glu His Gly Pro Ser Val Cys Gly
65 70 75 80

Met Ala Phe Arg Val Lys Asp Ser Gln Lys Ala Tyr Asn Arg Ala Leu
85 90 95

Glu Leu Gly Ala Gln Pro Ile His Ile Asp Thr Gly Pro Met Glu Leu
100 105 110

Asn Leu Pro Ala Ile Lys Gly Ile Gly Gly Ala Pro Leu Tyr Leu Ile
115 120 125

Asp Arg Phe Gly Glu Gly Ser Ser Ile Tyr Asp Ile Asp Phe Val Tyr
130 135 140

Leu Glu Gly Val Glu Arg Asn Pro Val Gly Ala Gly Leu Lys Val Ile
145 150 155 160

Asp His Leu Thr His Asn Val Tyr Arg Gly Arg Met Val Tyr Trp Ala
165 170 175

Asn Phe Tyr Glu Lys Leu Phe Asn Phe Arg Glu Ala Arg Tyr Phe Asp
180 185 190

Ile Lys Gly Glu Tyr Thr Gly Leu Thr Ser Lys Ala Met Ser Ala Pro
195 200 205

Asp Gly Met Ile Arg Ile Pro Leu Asn Glu Glu Ser Ser Lys Gly Ala
210 215 220

Gly Gln Ile Glu Glu Phe Leu Met Gln Phe Asn Gly Glu Gly Ile Gln
225 230 235 240

His Val Ala Phe Leu Thr Asp Asp Leu Val Lys Thr Trp Asp Ala Leu
245 250 255

Lys Lys Ile Gly Met Arg Phe Met Thr Ala Pro Pro Asp Thr Tyr Tyr
260 265 270

Glu Met Leu Glu Gly Arg Leu Pro Asp His Gly Glu Pro Val Asp Gln
275 280 285

Leu Gln Ala Arg Gly Ile Leu Leu Asp Gly Ser Ser Val Glu Gly Asp
290 295 300

Lys Arg Leu Leu Leu Gln Ile Phe Ser Glu Thr Leu Met Gly Pro Val
305 310 315 320

Phe Phe Glu Phe Ile Gln Arg Lys Gly Asp Asp Gly Phe Gly Pro Trp
325 330 335

Asn Phe Lys Ala Leu Phe Glu Ser Ile Glu Arg Asp Gln Val Arg Arg
340 345 350

Gly Val Leu Thr Ala Asp
355

<210> 26
<211> 1077
<212> ADN
<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de ácido nucléico que codifica HPPD de *Pseudomonas fluorescens* en la posición 335, mutación Glu-->Pro, mutada en la posición 336, mutación Gly-->Ser, y mutada en la posición 340, mutation Ala-->Glu

<400> 26

atggcagatc tatacga aaa ccaatgggc ctgatgggct ttgaattcat cgaattcgcg	60
tcgccgacgc cgggtaccct ggagccgac ttcgagatca tgggcttcac caaagtcgcg	120
acccaccgtt ccaagaacgt gcacctgtac cgccagggcg agatcaacct gatcctcaac	180
aacgagccca acagcatcgc ctctacttt gcggccgaac acggcccgtc ggtgtgcggc	240
atggcggttc gcgtgaagga ctgc aaaag gcctacaacc gcgccctgga actcggcgcc	300
cagccgatcc atattgacac cgggccgatg gaattgaacc tgccggcgat caaggcatc	360
ggcggcgcg cgttgtacct gatcgaccgt ttcggcgaag gcagctcgat ctacgacatc	420
gacttcgtgt acctcgaagg tgtggagcgc aatccggtcg gtgcaggtct caaagtcac	480
gaccacctga ccacaacgt ctatcgggc cgcatggtct actgggcaa cttctacgag	540
aaattgttca acttccgtga agcgcgttac ttcgatatca agggcgagta caccggcctg	600
acttcaagg ccatgagtgc gccggacggc atgatccgca tcccgctgaa cgaagagtcg	660
tccaagggcg cggggcagat cgaagagttc ctgatgcagt tcaacggcga aggcattcag	720
cacgtggcgt tcctaccga cgacctggc aagacctggg acgcgttgaa gaaaatcggc	780
atgcgcttca tgaccgcgc gccagacact tattacgaaa tgctcgaagg ccgcctgcct	840
gaccacggcg agccggtgga tcaactgcag gcacgcggtg tcctgctgga cggatcttcc	900
gtggaaggcg acaaacgcct gctgctgcag atcttctcgg aaacctgat gggcccgtg	960
ttcttgaat tcattcagcg caaggcgac gatgggttg gccctcgaa cttcaaggag	1020
ctgttcgagt ccattgaacg tgaccaggtg cgtcgtggtg tattgaccgc cgattaa	1077

<210> 27
<211> 358
<212> PRT
<213> Secuencia Artificial

<220>
<223> Proteína codificada por Seq ID No 26

<220>
<221> CARACTERÍSTICA_MISC
<222> (335)..(335)
<223> mutación Glu-->Pro

<220>
<221> CARACTERÍSTICA_MISC
<222> (336)..(336)
<223> mutación Glu-->Ser

<220>
<221> CARACTERÍSTICA_MISC
<222> (340)..(340)
<223> mutación Ala-->Glu

<400> 27

Met Ala Asp Leu Tyr Glu Asn Pro Met Gly Leu Met Gly Phe Glu Phe
1 5 10 15

Ile Glu Phe Ala Ser Pro Thr Pro Gly Thr Leu Glu Pro Ile Phe Glu
 20 25 30

Ile Met Gly Phe Thr Lys Val Ala Thr His Arg Ser Lys Asn Val His
 35 40 45

Leu Tyr Arg Gln Gly Glu Ile Asn Leu Ile Leu Asn Asn Glu Pro Asn
 50 55 60

Ser Ile Ala Ser Tyr Phe Ala Ala Glu His Gly Pro Ser Val Cys Gly
65 70 75 80

Met Ala Phe Arg Val Lys Asp Ser Gln Lys Ala Tyr Asn Arg Ala Leu

85	90	95
Glu Leu Gly Ala Gln Pro Ile His Ile Asp Thr Gly Pro Met Glu Leu		
100	105	110
Asn Leu Pro Ala Ile Lys Gly Ile Gly Gly Ala Pro Leu Tyr Leu Ile		
115	120	125
Asp Arg Phe Gly Glu Gly Ser Ser Ile Tyr Asp Ile Asp Phe Val Tyr		
130	135	140
Leu Glu Gly Val Glu Arg Asn Pro Val Gly Ala Gly Leu Lys Val Ile		
145	150	155
Asp His Leu Thr His Asn Val Tyr Arg Gly Arg Met Val Tyr Trp Ala		
165	170	175
Asn Phe Tyr Glu Lys Leu Phe Asn Phe Arg Glu Ala Arg Tyr Phe Asp		
180	185	190
Ile Lys Gly Glu Tyr Thr Gly Leu Thr Ser Lys Ala Met Ser Ala Pro		
195	200	205
Asp Gly Met Ile Arg Ile Pro Leu Asn Glu Glu Ser Ser Lys Gly Ala		
210	215	220
Gly Gln Ile Glu Glu Phe Leu Met Gln Phe Asn Gly Glu Gly Ile Gln		
225	230	235
His Val Ala Phe Leu Thr Asp Asp Leu Val Lys Thr Trp Asp Ala Leu		
245	250	255
Lys Lys Ile Gly Met Arg Phe Met Thr Ala Pro Pro Asp Thr Tyr Tyr		
260	265	270
Glu Met Leu Glu Gly Arg Leu Pro Asp His Gly Glu Pro Val Asp Gln		

275 280 285
 Leu Gln Ala Arg Gly Ile Leu Leu Asp Gly Ser Ser Val Glu Gly Asp
 290 295 300
 Lys Arg Leu Leu Leu Gln Ile Phe Ser Glu Thr Leu Met Gly Pro Val
 305 310 315 320
 Phe Phe Glu Phe Ile Gln Arg Lys Gly Asp Asp Gly Phe Gly Pro Ser
 325 330 335
 Asn Phe Lys Glu Leu Phe Glu Ser Ile Glu Arg Asp Gln Val Arg Arg
 340 345 350
 Gly Val Leu Thr Ala Asp
 355

<210> 28

<211> 1077

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de ácido nucleico que codifica HPPD de Pseudomonas fluorescens,
 mutada en la posición 335, mutación Glu-->Pro, mutada en la posición
 336, mutación Gly-->Trp, mutada en la posición 339, mutación
 Lys-->Ala, y mutada en la posición 340, mutación Ala-->Gln

<400> 28

atggcagatc tatacgaaaa cccaatgggc ctgatgggct ttgaattcat cgaattcgcg	60
tcgccgacgc cgggtaccct ggagccgatc ttcgagatca tgggcttcac caaagtcgcg	120
acccaccgtt ccaagaacgt gcacctgtac cgccagggcg agatcaacct gatcctcaac	180
aacgagccca acagcatcgc ctctacttt gcggccgaac acggcccgtc ggtgtgcggc	240
atggcggttc gcgtgaagga ctgcataaag gcctacaacc gcgccttga actcggcgcc	300
cagccgatcc atattgacac cgggcccgatg gaattgaacc tgccggcgat caaggcatc	360
ggcggcgcgc cgttgtacct gatcgaccgt ttcggcgaag gcagctcgat ctacgacatc	420

gacttcgtgt acctcgaagg tgtggagcgc aatccggtcg gtgcaggtct caaagtcac 480
 gaccacctga cccacaacgt ctatcgcggc cgcatggtct actgggcaa cttctacgag 540
 aaattgttca acttccgtga agcgcgttac ttcgatatca agggcgagta caccggcctg 600
 acttccaagg ccatgagtgcc gccggacggc atgatccgca tcccgctgaa cgaagagtcg 660
 tccaagggcg cggggcagat cgaagagttc ctgatgcagt tcaacggcga aggcattccag 720
 cacgtggcgt tcctcaccga cgacctggtc aagacctggg acgcgttgaa gaaaatcggc 780
 atgcgcttca tgaccgcgcc gccagacact tattacgaaa tgctcgaagg ccgcctgcct 840
 gaccacggcg agccggtgga tcaactgcag gcacgcggta tcctgctgga cggatcttcc 900
 gtggaaggcg acaaacgcct gctgctgcag atcttctcgg aaaccctgat gggcccgtg 960
 ttcttgaat tcattcagcg caagggcgac gatgggttg gcccgaggaa cttcgcgcag 1020
 ctgttcgagt ccattgaacg tgaccaggtg cgtcgtggtg tattgaccgc cgattaa 1077

<210> 29

<211> 358

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Proteína codificada por SEQ ID No 28

<220>

<221> CARACTERÍSTICA_MISC

<222> (335)..(335)

<223> mutación Glu-->Pro

<220>

<221> CARACTERÍSTICA_MISC

<222> (336)..(336)

<223> mutación Gly-->Trp

<220>

<221> CARACTERÍSTICA_MISC

<222> (339)..(339)

<223> mutación Lys-->Ala

<220>

<221> CARACTERÍSTICA_MISC

<222> (340)..(340)

<223> mutación Ala -->Gln

<400> 29

Met Ala Asp Leu Tyr Glu Asn Pro Met Gly Leu Met Gly Phe Glu Phe

1 5 10 15

Ile Glu Phe Ala Ser Pro Thr Pro Gly Thr Leu Glu Pro Ile Phe Glu

20 25 30

Ile Met Gly Phe Thr Lys Val Ala Thr His Arg Ser Lys Asn Val His

35 40 45

Leu Tyr Arg Gln Gly Glu Ile Asn Leu Ile Leu Asn Asn Glu Pro Asn

50 55 60

Ser Ile Ala Ser Tyr Phe Ala Ala Glu His Gly Pro Ser Val Cys Gly

65 70 75 80

Met Ala Phe Arg Val Lys Asp Ser Gln Lys Ala Tyr Asn Arg Ala Leu

85 90 95

Glu Leu Gly Ala Gln Pro Ile His Ile Asp Thr Gly Pro Met Glu Leu

100 105 110

Asn Leu Pro Ala Ile Lys Gly Ile Gly Gly Ala Pro Leu Tyr Leu Ile

115 120 125

Asp Arg Phe Gly Glu Gly Ser Ser Ile Tyr Asp Ile Asp Phe Val Tyr

130 135 140

Leu Glu Gly Val Glu Arg Asn Pro Val Gly Ala Gly Leu Lys Val Ile

145 150 155 160

Asp His Leu Thr His Asn Val Tyr Arg Gly Arg Met Val Tyr Trp Ala

165	170	175
Asn Phe Tyr Glu Lys Leu Phe Asn Phe Arg Glu Ala Arg Tyr Phe Asp		
180	185	190
Ile Lys Gly Glu Tyr Thr Gly Leu Thr Ser Lys Ala Met Ser Ala Pro		
195	200	205
Asp Gly Met Ile Arg Ile Pro Leu Asn Glu Glu Ser Ser Lys Gly Ala		
210	215	220
Gly Gln Ile Glu Glu Phe Leu Met Gln Phe Asn Gly Glu Gly Ile Gln		
225	230	235
His Val Ala Phe Leu Thr Asp Asp Leu Val Lys Thr Trp Asp Ala Leu		
245	250	255
Lys Lys Ile Gly Met Arg Phe Met Thr Ala Pro Pro Asp Thr Tyr Tyr		
260	265	270
Glu Met Leu Glu Gly Arg Leu Pro Asp His Gly Glu Pro Val Asp Gln		
275	280	285
Leu Gln Ala Arg Gly Ile Leu Leu Asp Gly Ser Ser Val Glu Gly Asp		
290	295	300
Lys Arg Leu Leu Leu Gln Ile Phe Ser Glu Thr Leu Met Gly Pro Val		
305	310	315
Phe Phe Glu Phe Ile Gln Arg Lys Gly Asp Asp Gly Phe Gly Pro Trp		
325	330	335
Asn Phe Ala Gln Leu Phe Glu Ser Ile Glu Arg Asp Gln Val Arg Arg		
340	345	350
Gly Val Leu Thr Ala Asp		

<210> 30

<211> 1122

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de ácido nucleico que codifica Axmi428H

<400> 30

```

atgaacgccc cggtgaccca aagcaatgcc agccagtcc agacctggga caaccccatg    60
ggcacggacg gcttcgagtt cgtcgaatac gcggccccc atcccgtagc catgggtcag    120
ctgttcgagc gcatgggctt tcaggccatt gccaagcacc gccgcaagaa cgtgaccctg    180
tatcgccagg gcgagatcaa cttcatcatc aatgccgaac ccgacagctt tgcccagcgt    240
ttcgcgctc tgcacggccc cagcgtctgc gccatcgcca tccgctcaa cgacgccaag    300
tacgcctatg agcgcgccac ctgctgggt gcctggggct atgccagca ggccgcccc    360
ggcgaactga gcattccgc catcaagggc attggcgact cctgatcta tttcatcgac    420
aaatggcgcg gcaagaatgg cgccaaggac ggtgatctcg gcaatatcag cttcttcgac    480
gtggacttcg agcctctgcc cgggtccgat ctgcatccc agggcctggg cctgacctat    540
atcgaccacc tgaccaaaaa cgtctaccgc ggccgcatgg ccgagctggc cgagtctac    600
gagcgcatct tcaacttcg cgagatccgc tacttcgaca tcgaaggcca ggccacaggc    660
gtcaagagca aggccatgac cagcccctgc ggcaagatcc gcattcccat caacaggaa    720
ggcaacgaca aggcgggcca gattcaggag tatctggaca tgtaccgagg cgaaggcata    780
cagcacatcg cgctgggatc gaccaatctc tacgacaccg tggacggtct gcagatgaac    840
ggcatcaagc tgctgaacac cagcgagacc tattacgagc tgctgcccc gcgcatcccg    900
gacctgcagg aaccattcc cgagctgctg gcgcgcaaca tccttgtaga cggccagccc    960
ggcgagctgc tgctgcagat cttcagcgaa aaccagctgg gtcccatctt cttcagttc   1020
atccagcgca agggcaatag cggctttggc gagggcaatt tcaaggcctt gttcagagcc   1080

```

atggaactcg accagatgcg ccgcggcgtg ctcaagacct ga

1122

<210> 31

<211> 373

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Proteína codificada por SEQ ID No 30

<400> 31

Met Asn Ala Pro Leu Thr Gln Ser Asn Ala Ser Gln Phe Gln Thr Trp

1 5 10 15

Asp Asn Pro Met Gly Thr Asp Gly Phe Glu Phe Val Glu Tyr Ala Ala

20 25 30

Pro Asp Pro Val Ala Met Gly Gln Leu Phe Glu Arg Met Gly Phe Gln

35 40 45

Ala Ile Ala Lys His Arg Arg Lys Asn Val Thr Leu Tyr Arg Gln Gly

50 55 60

Glu Ile Asn Phe Ile Ile Asn Ala Glu Pro Asp Ser Phe Ala Gln Arg

65 70 75 80

Phe Ala Arg Leu His Gly Pro Ser Val Cys Ala Ile Ala Ile Arg Val

85 90 95

Asn Asp Ala Lys Tyr Ala Tyr Glu Arg Ala Thr Ser Leu Gly Ala Trp

100 105 110

Gly Tyr Ala Gln Gln Ala Ala Pro Gly Glu Leu Ser Ile Pro Ala Ile

115 120 125

Lys Gly Ile Gly Asp Ser Leu Ile Tyr Phe Ile Asp Lys Trp Arg Gly

130 135 140

Lys Asn Gly Ala Lys Asp Gly Asp Leu Gly Asn Ile Ser Phe Phe Asp
145 150 155 160

Val Asp Phe Glu Pro Leu Pro Gly Ala Asp Leu His Pro Glu Gly Leu
 165 170 175

Gly Leu Thr Tyr Ile Asp His Leu Thr Asn Asn Val Tyr Arg Gly Arg
 180 185 190

Met Ala Glu Leu Ala Glu Phe Tyr Glu Arg Ile Phe Asn Phe Arg Glu
 195 200 205

Ile Arg Tyr Phe Asp Ile Glu Gly Gln Ala Thr Gly Val Lys Ser Lys
 210 215 220

Ala Met Thr Ser Pro Cys Gly Lys Ile Arg Ile Pro Ile Asn Glu Glu
225 230 235 240

Gly Asn Asp Lys Ala Gly Gln Ile Gln Glu Tyr Leu Asp Met Tyr Arg
 245 250 255

Gly Glu Gly Ile Gln His Ile Ala Leu Gly Ser Thr Asn Leu Tyr Asp
 260 265 270

Thr Val Asp Gly Leu Gln Met Asn Gly Ile Lys Leu Leu Asn Thr Ser
 275 280 285

Glu Thr Tyr Tyr Glu Leu Leu Pro Lys Arg Ile Pro Asp Leu Gln Glu
290 295 300

Pro Ile Pro Glu Leu Leu Ala Arg Asn Ile Leu Val Asp Gly Gln Pro
305 310 315 320

Gly Glu Leu Leu Leu Gln Ile Phe Ser Glu Asn Gln Leu Gly Pro Ile
 325 330 335

Phe Phe Glu Phe Ile Gln Arg Lys Gly Asn Ser Gly Phe Gly Glu Gly
340 345 350

Asn Phe Lys Ala Leu Phe Glu Thr Met Glu Leu Asp Gln Met Arg Arg
355 360 365

Gly Val Leu Lys Thr
370

<210> 32

<211> 373

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de proteína Axmi428H que contiene mutaciones en la posición 351,
Glu-->Pro, en la posición 352, Gly--> Ser, en la posición 356 Ala
-->Glu

<220>

<221> CARACTERÍSTICA_MISC

<222> (351)..(351)

<223> mutación Glu --> Pro

<220>

<221> CARACTERÍSTICA_MISC

<222> (352)..(352)

<223> mutación Gly --> Ser

<220>

<221> CARACTERÍSTICA_MISC

<222> (356)..(356)

<223> mutación Ala --> Glu

<400> 32

Met Asn Ala Pro Leu Thr Gln Ser Asn Ala Ser Gln Phe Gln Thr Trp
1 5 10 15

Asp Asn Pro Met Gly Thr Asp Gly Phe Glu Phe Val Glu Tyr Ala Ala
20 25 30

Pro Asp Pro Val Ala Met Gly Gln Leu Phe Glu Arg Met Gly Phe Gln
35 40 45

Ala Ile Ala Lys His Arg Arg Lys Asn Val Thr Leu Tyr Arg Gln Gly
50 55 60

Glu Ile Asn Phe Ile Ile Asn Ala Glu Pro Asp Ser Phe Ala Gln Arg
65 70 75 80

Phe Ala Arg Leu His Gly Pro Ser Val Cys Ala Ile Ala Ile Arg Val
85 90 95

Asn Asp Ala Lys Tyr Ala Tyr Glu Arg Ala Thr Ser Leu Gly Ala Trp
100 105 110

Gly Tyr Ala Gln Gln Ala Ala Pro Gly Glu Leu Ser Ile Pro Ala Ile
115 120 125

Lys Gly Ile Gly Asp Ser Leu Ile Tyr Phe Ile Asp Lys Trp Arg Gly
130 135 140

Lys Asn Gly Ala Lys Asp Gly Asp Leu Gly Asn Ile Ser Phe Phe Asp
145 150 155 160

Val Asp Phe Glu Pro Leu Pro Gly Ala Asp Leu His Pro Glu Gly Leu
165 170 175

Gly Leu Thr Tyr Ile Asp His Leu Thr Asn Asn Val Tyr Arg Gly Arg
180 185 190

Met Ala Glu Leu Ala Glu Phe Tyr Glu Arg Ile Phe Asn Phe Arg Glu
195 200 205

Ile Arg Tyr Phe Asp Ile Glu Gly Gln Ala Thr Gly Val Lys Ser Lys
210 215 220

Ala Met Thr Ser Pro Cys Gly Lys Ile Arg Ile Pro Ile Asn Glu Glu
225 230 235 240

Gly Asn Asp Lys Ala Gly Gln Ile Gln Glu Tyr Leu Asp Met Tyr Arg
 245 250 255

Gly Glu Gly Ile Gln His Ile Ala Leu Gly Ser Thr Asn Leu Tyr Asp
 260 265 270

Thr Val Asp Gly Leu Gln Met Asn Gly Ile Lys Leu Leu Asn Thr Ser
 275 280 285

Glu Thr Tyr Tyr Glu Leu Leu Pro Lys Arg Ile Pro Asp Leu Gln Glu
 290 295 300

Pro Ile Pro Glu Leu Leu Ala Arg Asn Ile Leu Val Asp Gly Gln Pro
305 310 315 320

Gly Glu Leu Leu Leu Gln Ile Phe Ser Glu Asn Gln Leu Gly Pro Ile
 325 330 335

Phe Phe Glu Phe Ile Gln Arg Lys Gly Asn Ser Gly Phe Gly Pro Ser
 340 345 350

Asn Phe Lys Glu Leu Phe Glu Thr Met Glu Leu Asp Gln Met Arg Arg
 355 360 365

Gly Val Leu Lys Thr
370

<210> 33

<211> 373

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de proteína Axmi428H que contiene mutaciones en la posición 351,

Glu-->Pro, en la posición 352, Gly--> Trp, en la posición 355
Lys-->Ala, y en la posición 356 Ala -->Gln

<220>
<221> CARACTERÍSTICA_MISC
<222> (351)..(351)
<223> Mutación Glu --> Pro

<220>
<221> CARACTERÍSTICA_MISC
<222> (352)..(352)
<223> Mutación Gly -->Trp

<220>
<221> CARACTERÍSTICA_MISC
<222> (355)..(355)
<223> Mutación Lys-->Ala

<220>
<221> CARACTERÍSTICA_MISC
<222> (356)..(356)
<223> Mutación Ala-->Gln

<400> 33

Met Asn Ala Pro Leu Thr Gln Ser Asn Ala Ser Gln Phe Gln Thr Trp
1 5 10 15

Asp Asn Pro Met Gly Thr Asp Gly Phe Glu Phe Val Glu Tyr Ala Ala
20 25 30

Pro Asp Pro Val Ala Met Gly Gln Leu Phe Glu Arg Met Gly Phe Gln
35 40 45

Ala Ile Ala Lys His Arg Arg Lys Asn Val Thr Leu Tyr Arg Gln Gly
50 55 60

Glu Ile Asn Phe Ile Ile Asn Ala Glu Pro Asp Ser Phe Ala Gln Arg
65 70 75 80

Phe Ala Arg Leu His Gly Pro Ser Val Cys Ala Ile Ala Ile Arg Val
85 90 95

Asn Asp Ala Lys Tyr Ala Tyr Glu Arg Ala Thr Ser Leu Gly Ala Trp
100 105 110

Gly Tyr Ala Gln Gln Ala Ala Pro Gly Glu Leu Ser Ile Pro Ala Ile
115 120 125

Lys Gly Ile Gly Asp Ser Leu Ile Tyr Phe Ile Asp Lys Trp Arg Gly
130 135 140

Lys Asn Gly Ala Lys Asp Gly Asp Leu Gly Asn Ile Ser Phe Phe Asp
145 150 155 160

Val Asp Phe Glu Pro Leu Pro Gly Ala Asp Leu His Pro Glu Gly Leu
165 170 175

Gly Leu Thr Tyr Ile Asp His Leu Thr Asn Asn Val Tyr Arg Gly Arg
180 185 190

Met Ala Glu Leu Ala Glu Phe Tyr Glu Arg Ile Phe Asn Phe Arg Glu
195 200 205

Ile Arg Tyr Phe Asp Ile Glu Gly Gln Ala Thr Gly Val Lys Ser Lys
210 215 220

Ala Met Thr Ser Pro Cys Gly Lys Ile Arg Ile Pro Ile Asn Glu Glu
225 230 235 240

Gly Asn Asp Lys Ala Gly Gln Ile Gln Glu Tyr Leu Asp Met Tyr Arg
245 250 255

Gly Glu Gly Ile Gln His Ile Ala Leu Gly Ser Thr Asn Leu Tyr Asp
260 265 270

Thr Val Asp Gly Leu Gln Met Asn Gly Ile Lys Leu Leu Asn Thr Ser
275 280 285

Glu Thr Tyr Tyr Glu Leu Leu Pro Lys Arg Ile Pro Asp Leu Gln Glu
290 295 300

Pro Ile Pro Glu Leu Leu Ala Arg Asn Ile Leu Val Asp Gly Gln Pro
305 310 315 320

Gly Glu Leu Leu Leu Gln Ile Phe Ser Glu Asn Gln Leu Gly Pro Ile
325 330 335

Phe Phe Glu Phe Ile Gln Arg Lys Gly Asn Ser Gly Phe Gly Pro Trp
340 345 350

Asn Phe Ala Gln Leu Phe Glu Thr Met Glu Leu Asp Gln Met Arg Arg
355 360 365

Gly Val Leu Lys Thr
370

<210> 34

<211> 1074

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de ácido nucleico que codifica Axmi309H

<400> 34

atggcagatt tatacgaaaa cccaatgggc ctgatgggct tcgagttcat cgagttcgca 60

tcgccgactc ctggcaccct ggagccgatc ttcgagatca tgggcttcac caaggtcgcg 120

acccaccgtt ccaagaacgt gcacctgtat cgccagggcg cgatcaacct gatcctcaac 180

aacgaacccc acagcgttgc ttctacttc gcggctgaac acggcccgtc cgtttgcggc 240

atggcggttc gggtaagga ttcgcagaag gcctacaacc gcgcactgga actcggcgcc 300

cagccgatcc acatcgaaac agggccgatg gagctgaacc tgccggcgat caaaggcatt 360

ggcggcgcgcg cgctgtacct gatcgaccgt ttcggcgaag gcagctcgat ctatgacatc 420

gacttcgtgt tcctcgaagg cgttgaccgc aaccgggtcg gtgccggcct gaagatcatc 480
 gaccacctga cccacaacgt gtatcgcggc cgcattggcct actgggcca cttctacgag 540
 aagctgttca acttccgcga gatccgctac ttcgacatca aaggcgaata caccggcctg 600
 acctcgaag cgatgaccgc accggacggc atgatccgca tcccgctcaa cgaagaatcg 660
 tcgaagggtg ccgggcagat cgaagagttc ctgatgcagt tcaacggcga aggcattccag 720
 cacgtggcgt tcctcaccga cgacctggtc aagacctggg atcagttgaa gaagatcggc 780
 atgcgtttca tgaccgcgcc gccggacacc tactacgaaa tgctcgaagg ccgcctgccg 840
 aaccacggcg agccgggtga tcaactgcaa tcgcgcggca tcctgctcga cggtcgctcg 900
 gataaagaag acaagcgtct gctgctgcag atcttctcgg aaacctgat gggcccgggtg 960
 ttcttcaat tcattcagcg taaaggcgt gatggtttcg gagaaggcaa cttcaaggct 1020
 ctgttcgaat cgatcgagcg tgaccagggt cgtcgtggcg tgctcgctac cgag 1074

<210> 35

<211> 373

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Proteína codificada por SEQ ID No 34

<400> 35

Met Asn Ala Pro Leu Thr Gln Ser Asn Ala Ser Gln Phe Gln Thr Trp

1 5 10 15

Asp Asn Pro Met Gly Thr Asp Gly Phe Glu Phe Val Glu Tyr Ala Ala

20 25 30

Pro Asp Pro Val Ala Met Gly Gln Leu Phe Glu Arg Met Gly Phe Gln

35 40 45

Ala Ile Ala Lys His Arg Arg Lys Asn Val Thr Leu Tyr Arg Gln Gly

50 55 60

Glu Ile Asn Phe Ile Ile Asn Ala Glu Pro Asp Ser Phe Ala Gln Arg
65 70 75 80

Phe Ala Arg Leu His Gly Pro Ser Val Cys Ala Ile Ala Ile Arg Val
 85 90 95

Asn Asp Ala Lys Tyr Ala Tyr Glu Arg Ala Thr Ser Leu Gly Ala Trp
 100 105 110

Gly Tyr Ala Gln Gln Ala Ala Pro Gly Glu Leu Ser Ile Pro Ala Ile
 115 120 125

Lys Gly Ile Gly Asp Ser Leu Ile Tyr Phe Ile Asp Lys Trp Arg Gly
 130 135 140

Lys Asn Gly Ala Lys Asp Gly Asp Leu Gly Asn Ile Ser Phe Phe Asp
145 150 155 160

Val Asp Phe Glu Pro Leu Pro Gly Ala Asp Leu His Pro Glu Gly Leu
 165 170 175

Gly Leu Thr Tyr Ile Asp His Leu Thr Asn Asn Val Tyr Arg Gly Arg
 180 185 190

Met Ala Glu Leu Ala Glu Phe Tyr Glu Arg Ile Phe Asn Phe Arg Glu
 195 200 205

Ile Arg Tyr Phe Asp Ile Glu Gly Gln Ala Thr Gly Val Lys Ser Lys
 210 215 220

Ala Met Thr Ser Pro Cys Gly Lys Ile Arg Ile Pro Ile Asn Glu Glu
225 230 235 240

Gly Asn Asp Lys Ala Gly Gln Ile Gln Glu Tyr Leu Asp Met Tyr Arg
 245 250 255

Gly Glu Gly Ile Gln His Ile Ala Leu Gly Ser Thr Asn Leu Tyr Asp
260 265 270

Thr Val Asp Gly Leu Gln Met Asn Gly Ile Lys Leu Leu Asn Thr Ser
275 280 285

Glu Thr Tyr Tyr Glu Leu Leu Pro Lys Arg Ile Pro Asp Leu Gln Glu
290 295 300

Pro Ile Pro Glu Leu Leu Ala Arg Asn Ile Leu Val Asp Gly Gln Pro
305 310 315 320

Gly Glu Leu Leu Leu Gln Ile Phe Ser Glu Asn Gln Leu Gly Pro Ile
325 330 335

Phe Phe Glu Phe Ile Gln Arg Lys Gly Asn Ser Gly Phe Gly Glu Gly
340 345 350

Asn Phe Lys Ala Leu Phe Glu Thr Met Glu Leu Asp Gln Met Arg Arg
355 360 365

Gly Val Leu Lys Thr
370

<210> 36

<211> 358

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de proteína Axmi309H que contiene mutaciones en la posición 335,
Glu-->Pro, en la posición 336, Gly--> Ser, en la posición 340 Ala
-->Glu

<220>

<221> CARACTERÍSTICA_MISC

<222> (335)..(335)

<223> mutación Glu-->Pro

<220>

<221> CARACTERÍSTICA_MISC

<222> (336)..(336)

<223> mutación Gly-->Ser

<220>

<221> CARACTERÍSTICA_MISC

<222> (340)..(340)

<223> mutación Ala-->Glu

<400> 36

Met Ala Asp Leu Tyr Glu Asn Pro Met Gly Leu Met Gly Phe Glu Phe
1 5 10 15

Ile Glu Phe Ala Ser Pro Thr Pro Gly Thr Leu Glu Pro Ile Phe Glu
20 25 30

Ile Met Gly Phe Thr Lys Val Ala Thr His Arg Ser Lys Asn Val His
35 40 45

Leu Tyr Arg Gln Gly Ala Ile Asn Leu Ile Leu Asn Asn Glu Pro His
50 55 60

Ser Val Ala Ser Tyr Phe Ala Ala Glu His Gly Pro Ser Val Cys Gly
65 70 75 80

Met Ala Phe Arg Val Lys Asp Ser Gln Lys Ala Tyr Asn Arg Ala Leu
85 90 95

Glu Leu Gly Ala Gln Pro Ile His Ile Glu Thr Gly Pro Met Glu Leu
100 105 110

Asn Leu Pro Ala Ile Lys Gly Ile Gly Gly Ala Pro Leu Tyr Leu Ile
115 120 125

Asp Arg Phe Gly Glu Gly Ser Ser Ile Tyr Asp Ile Asp Phe Val Phe
130 135 140

Leu Glu Gly Val Asp Arg Asn Pro Val Gly Ala Gly Leu Lys Ile Ile
145 150 155 160

Asp His Leu Thr His Asn Val Tyr Arg Gly Arg Met Ala Tyr Trp Ala
 165 170 175

Asn Phe Tyr Glu Lys Leu Phe Asn Phe Arg Glu Ile Arg Tyr Phe Asp
 180 185 190

Ile Lys Gly Glu Tyr Thr Gly Leu Thr Ser Lys Ala Met Thr Ala Pro
 195 200 205

Asp Gly Met Ile Arg Ile Pro Leu Asn Glu Glu Ser Ser Lys Gly Ala
 210 215 220

Gly Gln Ile Glu Glu Phe Leu Met Gln Phe Asn Gly Glu Gly Ile Gln
225 230 235 240

His Val Ala Phe Leu Thr Asp Asp Leu Val Lys Thr Trp Asp Gln Leu
 245 250 255

Lys Lys Ile Gly Met Arg Phe Met Thr Ala Pro Pro Asp Thr Tyr Tyr
 260 265 270

Glu Met Leu Glu Gly Arg Leu Pro Asn His Gly Glu Pro Val Asp Gln
 275 280 285

Leu Gln Ser Arg Gly Ile Leu Leu Asp Gly Ala Ser Asp Lys Glu Asp
 290 295 300

Lys Arg Leu Leu Leu Gln Ile Phe Ser Glu Thr Leu Met Gly Pro Val
305 310 315 320

Phe Phe Glu Phe Ile Gln Arg Lys Gly Asp Asp Gly Phe Gly Pro Ser
 325 330 335

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

Gly Val Leu Ala Thr Glu
355

<210> 37
<211> 358
<212> PRT
<213> Secuencia artificial

<220>
<223> Secuencia de proteína Axmi309H que contiene mutaciones en la posición 335,
Glu-->Pro, en la posición 336, Gly--> Trp, en la posición 339
Lys-->Ala, y en la posición 340 Ala -->Gln

<220>
<221> CARACTERÍSTICA_MISC
<222> (335)..(335)
<223> mutación Glu -->Pro

<220>
<221> CARACTERÍSTICA_MISC
<222> (336)..(336)
<223> mutación Gly --> Trp

<220>
<221> CARACTERÍSTICA_MISC
<222> (339)..(339)
<223> mutación Lys --> Ala

<220>
<221> CARACTERÍSTICA_MISC
<222> (340)..(340)
<223> mutación Ala --> Gln

<400> 37

Met Ala Asp Leu Tyr Glu Asn Pro Met Gly Leu Met Gly Phe Glu Phe
1 5 10 15

Ile Glu Phe Ala Ser Pro Thr Pro Gly Thr Leu Glu Pro Ile Phe Glu

20 25 30

Ile Met Gly Phe Thr Lys Val Ala Thr His Arg Ser Lys Asn Val His
35 40 45

Leu Tyr Arg Gln Gly Ala Ile Asn Leu Ile Leu Asn Asn Glu Pro His
50 55 60

Ser Val Ala Ser Tyr Phe Ala Ala Glu His Gly Pro Ser Val Cys Gly
65 70 75 80

Met Ala Phe Arg Val Lys Asp Ser Gln Lys Ala Tyr Asn Arg Ala Leu
85 90 95

Glu Leu Gly Ala Gln Pro Ile His Ile Glu Thr Gly Pro Met Glu Leu
100 105 110

Asn Leu Pro Ala Ile Lys Gly Ile Gly Gly Ala Pro Leu Tyr Leu Ile
115 120 125

Asp Arg Phe Gly Glu Gly Ser Ser Ile Tyr Asp Ile Asp Phe Val Phe
130 135 140

Leu Glu Gly Val Asp Arg Asn Pro Val Gly Ala Gly Leu Lys Ile Ile
145 150 155 160

Asp His Leu Thr His Asn Val Tyr Arg Gly Arg Met Ala Tyr Trp Ala
165 170 175

Asn Phe Tyr Glu Lys Leu Phe Asn Phe Arg Glu Ile Arg Tyr Phe Asp
180 185 190

Ile Lys Gly Glu Tyr Thr Gly Leu Thr Ser Lys Ala Met Thr Ala Pro
195 200 205

Asp Gly Met Ile Arg Ile Pro Leu Asn Glu Glu Ser Ser Lys Gly Ala

210	215	220
Gly Gln Ile Glu Glu Phe Leu Met Gln Phe Asn Gly Glu Gly Ile Gln		
225	230	235 240
His Val Ala Phe Leu Thr Asp Asp Leu Val Lys Thr Trp Asp Gln Leu		
245	250	255
Lys Lys Ile Gly Met Arg Phe Met Thr Ala Pro Pro Asp Thr Tyr Tyr		
260	265	270
Glu Met Leu Glu Gly Arg Leu Pro Asn His Gly Glu Pro Val Asp Gln		
275	280	285
Leu Gln Ser Arg Gly Ile Leu Leu Asp Gly Ala Ser Asp Lys Glu Asp		
290	295	300
Lys Arg Leu Leu Leu Gln Ile Phe Ser Glu Thr Leu Met Gly Pro Val		
305	310	315 320
Phe Phe Glu Phe Ile Gln Arg Lys Gly Asp Asp Gly Phe Gly Pro Trp		
325	330	335
Asn Phe Ala Gln Leu Phe Glu Ser Ile Glu Arg Asp Gln Val Arg Arg		
340	345	350
Gly Val Leu Ala Thr Glu		
355		

<210> 38

<211> 1071

<212> ADN

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Ácido nucleico que codifica Axmi305H

<400> 38

atgaacgccg tggccaagat cgaacagcac aatcccatcg gtaccgacgg attcgaattc 60
 gtcgagttca ccgccccga cgccaagggc atcgagcagc tgcgccagct gttcaacatg 120
 atgggcttca ccgaaaccgc caagcatcgt tccaaggaag tcttcctgtt ccagcagaac 180
 gatatcaaca tcgtgctcaa cggcagccca accgggcatg tccatgaatt cgccctcaag 240
 cacggcccga ggcctgcgc catggccttc cgggtgaaga acgcttcca ggccgccgcc 300
 tacgccgaat ccagggcgc caagctggg ggagccacg ccaacttcgg cgagctgaac 360
 atcccttccc tggaaggcat cggcggttcg ctgctgtatc ttgtcgaccg ctacggcgac 420
 cgagcatct atgacgtcga cttcagttc atcgaaggcc gcagcgcaa cgacaactcg 480
 gtcggcctga cctacatcga ccacctcacc cacaacgtca agcgcgcca gatggacgtc 540
 tggtcgggtt tctacgagcg catcgccaac ttccgcgaga ttcgtactt cgacatcga 600
 ggcaagtca ccggcctgtt ctccgcgcc atgaccgcac cttgcgggaa gatccgcatc 660
 ccgatcaacg agtcggccga cgatactcg cagatcgagg aattcatccg cgaataccat 720
 ggcaaggca tccagcacat cgccctgacc accgacgaca tctatgccac cgtgcgcaag 780
 ctgcgcgaca acggcgtgaa gttcatgtcg accccggaca cctactacga gaaggtcgac 840
 acccgctcg ccgggcatgg cgagccgctc gagcaactgc gcgaactgaa cctgctgatc 900
 gacggcgccc cgggcgacga cggcatcctg ctgcagatct tcaccgacac ggtgatcggc 960
 ccgatcttct tcgagatcat ccagcgcaag ggcaaccagg gcttcggcga gggcaatttc 1020
 aaggccctgt tcgagtccat cgaggaagac cagattcgcc gcggcgtgat c 1071

<210> 39

<211> 373

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Proteína codificada por SEQ ID No 38

<400> 39

Met Asn Ala Pro Leu Thr Gln Ser Asn Ala Ser Gln Phe Gln Thr Trp

1 5 10 15

Asp Asn Pro Met Gly Thr Asp Gly Phe Glu Phe Val Glu Tyr Ala Ala
20 25 30

Pro Asp Pro Val Ala Met Gly Gln Leu Phe Glu Arg Met Gly Phe Gln
35 40 45

Ala Ile Ala Lys His Arg Arg Lys Asn Val Thr Leu Tyr Arg Gln Gly
50 55 60

Glu Ile Asn Phe Ile Ile Asn Ala Glu Pro Asp Ser Phe Ala Gln Arg
65 70 75 80

Phe Ala Arg Leu His Gly Pro Ser Val Cys Ala Ile Ala Ile Arg Val
85 90 95

Asn Asp Ala Lys Tyr Ala Tyr Glu Arg Ala Thr Ser Leu Gly Ala Trp
100 105 110

Gly Tyr Ala Gln Gln Ala Ala Pro Gly Glu Leu Ser Ile Pro Ala Ile
115 120 125

Lys Gly Ile Gly Asp Ser Leu Ile Tyr Phe Ile Asp Lys Trp Arg Gly
130 135 140

Lys Asn Gly Ala Lys Asp Gly Asp Leu Gly Asn Ile Ser Phe Phe Asp
145 150 155 160

Val Asp Phe Glu Pro Leu Pro Gly Ala Asp Leu His Pro Glu Gly Leu
165 170 175

Gly Leu Thr Tyr Ile Asp His Leu Thr Asn Asn Val Tyr Arg Gly Arg
180 185 190

Met Ala Glu Leu Ala Glu Phe Tyr Glu Arg Ile Phe Asn Phe Arg Glu

195 200 205

Ile Arg Tyr Phe Asp Ile Glu Gly Gln Ala Thr Gly Val Lys Ser Lys
210 215 220

Ala Met Thr Ser Pro Cys Gly Lys Ile Arg Ile Pro Ile Asn Glu Glu
225 230 235 240

Gly Asn Asp Lys Ala Gly Gln Ile Gln Glu Tyr Leu Asp Met Tyr Arg
245 250 255

Gly Glu Gly Ile Gln His Ile Ala Leu Gly Ser Thr Asn Leu Tyr Asp
260 265 270

Thr Val Asp Gly Leu Gln Met Asn Gly Ile Lys Leu Leu Asn Thr Ser
275 280 285

Glu Thr Tyr Tyr Glu Leu Leu Pro Lys Arg Ile Pro Asp Leu Gln Glu
290 295 300

Pro Ile Pro Glu Leu Leu Ala Arg Asn Ile Leu Val Asp Gly Gln Pro
305 310 315 320

Gly Glu Leu Leu Leu Gln Ile Phe Ser Glu Asn Gln Leu Gly Pro Ile
325 330 335

Phe Phe Glu Phe Ile Gln Arg Lys Gly Asn Ser Gly Phe Gly Glu Gly
340 345 350

Asn Phe Lys Ala Leu Phe Glu Thr Met Glu Leu Asp Gln Met Arg Arg
355 360 365

Gly Val Leu Lys Thr
370

<210> 40

<211> 357

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de proteína Axmi305H que contiene mutaciones en la posición 337,
Glu-->Pro, en la posición 338, Gly--> Ser, en la posición 342 Ala
-->Glu

<220>

<221> CARACTERÍSTICA_MISC

<222> (337)..(337)

<223> mutación Glu --> Pro

<220>

<221> CARACTERÍSTICA_MISC

<222> (338)..(338)

<223> mutación Gly --> Ser

<220>

<221> CARACTERÍSTICA_MISC

<222> (342)..(342)

<223> mutación Ala --> Glu

<400> 40

Met Asn Ala Val Ala Lys Ile Glu Gln His Asn Pro Ile Gly Thr Asp

1 5 10 15

Gly Phe Glu Phe Val Glu Phe Thr Ala Pro Asp Ala Lys Gly Ile Glu

20 25 30

Gln Leu Arg Gln Leu Phe Asn Met Met Gly Phe Thr Glu Thr Ala Lys

35 40 45

His Arg Ser Lys Glu Val Phe Leu Phe Gln Gln Asn Asp Ile Asn Ile

50 55 60

Val Leu Asn Gly Ser Pro Thr Gly His Val His Glu Phe Ala Leu Lys

65 70 75 80

His Gly Pro Ser Ala Cys Ala Met Ala Phe Arg Val Lys Asn Ala Ser

85	90	95
Gln Ala Ala Ala Tyr Ala Glu Ser Gln Gly Ala Lys Leu Val Gly Ser		
100	105	110
His Ala Asn Phe Gly Glu Leu Asn Ile Pro Ser Leu Glu Gly Ile Gly		
115	120	125
Gly Ser Leu Leu Tyr Leu Val Asp Arg Tyr Gly Asp Arg Ser Ile Tyr		
130	135	140
Asp Val Asp Phe Glu Phe Ile Glu Gly Arg Ser Ala Asn Asp Asn Ser		
145	150	155
Val Gly Leu Thr Tyr Ile Asp His Leu Thr His Asn Val Lys Arg Gly		
165	170	175
Gln Met Asp Val Trp Ser Gly Phe Tyr Glu Arg Ile Ala Asn Phe Arg		
180	185	190
Glu Ile Arg Tyr Phe Asp Ile Glu Gly Lys Leu Thr Gly Leu Phe Ser		
195	200	205
Arg Ala Met Thr Ala Pro Cys Gly Lys Ile Arg Ile Pro Ile Asn Glu		
210	215	220
Ser Ala Asp Asp Thr Ser Gln Ile Glu Glu Phe Ile Arg Glu Tyr His		
225	230	235
Gly Glu Gly Ile Gln His Ile Ala Leu Thr Thr Asp Asp Ile Tyr Ala		
245	250	255
Thr Val Arg Lys Leu Arg Asp Asn Gly Val Lys Phe Met Ser Thr Pro		
260	265	270
Asp Thr Tyr Tyr Glu Lys Val Asp Thr Arg Val Ala Gly His Gly Glu		

275 280 285
 Pro Leu Glu Gln Leu Arg Glu Leu Asn Leu Leu Ile Asp Gly Ala Pro
 290 295 300
 Gly Asp Asp Gly Ile Leu Leu Gln Ile Phe Thr Asp Thr Val Ile Gly
 305 310 315 320
 Pro Ile Phe Phe Glu Ile Ile Gln Arg Lys Gly Asn Gln Gly Phe Gly
 325 330 335
 Pro Ser Asn Phe Lys Glu Leu Phe Glu Ser Ile Glu Glu Asp Gln Ile
 340 345 350
 Arg Arg Gly Val Ile
 355

<210> 41
 <211> 357
 <212> PRT
 <213> Secuencia artificial

<220>
 <223> Secuencia de proteína Axmi305H que contiene mutaciones en la posición 337,
 Glu-->Pro, en la posición 338, Gly--> Trp, en la posición 341
 Lys-->Ala, y en la posición 342 Ala -->Gln

<220>
 <221> CARACTERÍSTICA_MISC
 <222> (337)..(337)
 <223> mutación Glu --> Pro

<220>
 <221> CARACTERÍSTICA_MISC
 <222> (338)..(338)
 <223> mutación Gly --> Trp

<220>
 <221> CARACTERÍSTICA_MISC
 <222> (341)..(341)
 <223> mutación Lys --> Ala

<220>

<221> CARACTERÍSTICA_MISC

<222> (342)..(342)

<223> mutación Ala --> Gln

<400> 41

Met Asn Ala Val Ala Lys Ile Glu Gln His Asn Pro Ile Gly Thr Asp
1 5 10 15

Gly Phe Glu Phe Val Glu Phe Thr Ala Pro Asp Ala Lys Gly Ile Glu
 20 25 30

Gln Leu Arg Gln Leu Phe Asn Met Met Gly Phe Thr Glu Thr Ala Lys
 35 40 45

His Arg Ser Lys Glu Val Phe Leu Phe Gln Gln Asn Asp Ile Asn Ile
 50 55 60

Val Leu Asn Gly Ser Pro Thr Gly His Val His Glu Phe Ala Leu Lys
65 70 75 80

His Gly Pro Ser Ala Cys Ala Met Ala Phe Arg Val Lys Asn Ala Ser
 85 90 95

Gln Ala Ala Ala Tyr Ala Glu Ser Gln Gly Ala Lys Leu Val Gly Ser
 100 105 110

His Ala Asn Phe Gly Glu Leu Asn Ile Pro Ser Leu Glu Gly Ile Gly
 115 120 125

Gly Ser Leu Leu Tyr Leu Val Asp Arg Tyr Gly Asp Arg Ser Ile Tyr
 130 135 140

Asp Val Asp Phe Glu Phe Ile Glu Gly Arg Ser Ala Asn Asp Asn Ser
145 150 155 160

Val Gly Leu Thr Tyr Ile Asp His Leu Thr His Asn Val Lys Arg Gly
165 170 175

Gln Met Asp Val Trp Ser Gly Phe Tyr Glu Arg Ile Ala Asn Phe Arg
180 185 190

Glu Ile Arg Tyr Phe Asp Ile Glu Gly Lys Leu Thr Gly Leu Phe Ser
195 200 205

Arg Ala Met Thr Ala Pro Cys Gly Lys Ile Arg Ile Pro Ile Asn Glu
210 215 220

Ser Ala Asp Asp Thr Ser Gln Ile Glu Glu Phe Ile Arg Glu Tyr His
225 230 235 240

Gly Glu Gly Ile Gln His Ile Ala Leu Thr Thr Asp Asp Ile Tyr Ala
245 250 255

Thr Val Arg Lys Leu Arg Asp Asn Gly Val Lys Phe Met Ser Thr Pro
260 265 270

Asp Thr Tyr Tyr Glu Lys Val Asp Thr Arg Val Ala Gly His Gly Glu
275 280 285

Pro Leu Glu Gln Leu Arg Glu Leu Asn Leu Leu Ile Asp Gly Ala Pro
290 295 300

Gly Asp Asp Gly Ile Leu Leu Gln Ile Phe Thr Asp Thr Val Ile Gly
305 310 315 320

Pro Ile Phe Phe Glu Ile Ile Gln Arg Lys Gly Asn Gln Gly Phe Gly
325 330 335

Pro Trp Asn Phe Ala Gln Leu Phe Glu Ser Ile Glu Glu Asp Gln Ile
340 345 350

Arg Arg Gly Val Ile
355

<210> 42
<211> 440
<212> PRT
<213> Avena sativa

<400> 42

Met Pro Pro Thr Pro Ala Thr Ala Thr Gly Ala Ala Ala Ala Val
1 5 10 15

Thr Pro Glu His Ala Ala Arg Ser Phe Pro Arg Val Val Arg Val Asn
20 25 30

Pro Arg Ser Asp Arg Phe Pro Val Leu Ser Phe His His Val Glu Leu
35 40 45

Trp Cys Ala Asp Ala Ala Ser Ala Ala Gly Arg Phe Ser Phe Ala Leu
50 55 60

Gly Ala Pro Leu Ala Ala Arg Ser Asp Leu Ser Thr Gly Asn Ser Ala
65 70 75 80

His Ala Ser Leu Leu Leu Arg Ser Gly Ala Leu Ala Phe Leu Phe Thr
85 90 95

Ala Pro Tyr Ala Pro Pro Pro Gln Glu Ala Ala Thr Ala Ala Thr
100 105 110

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

Ala His Gly Leu Ala Val Arg Ser Val Gly Val Arg Val Ala Asp Ala
130 135 140

Ala Glu Ala Phe Arg Val Ser Val Ala Gly Gly Ala Arg Pro Ala Phe

145 150 155 160

Ala Pro Ala Asp Leu Gly His Gly Phe Gly Leu Ala Glu Val Glu Leu
 165 170 175

Tyr Gly Asp Val Val Leu Arg Phe Val Ser Tyr Pro Asp Glu Thr Asp
 180 185 190

Leu Pro Phe Leu Pro Gly Phe Glu Arg Val Ser Ser Pro Gly Ala Val
 195 200 205

Asp Tyr Gly Leu Thr Arg Phe Asp His Val Val Gly Asn Val Pro Glu
 210 215 220

Met Ala Pro Val Ile Asp Tyr Met Lys Gly Phe Leu Gly Phe His Glu
 225 230 235 240

Phe Ala Glu Phe Thr Ala Glu Asp Val Gly Thr Thr Glu Ser Gly Leu
 245 250 255

Asn Ser Val Val Leu Ala Asn Asn Ser Glu Ala Val Leu Leu Pro Leu
 260 265 270

Asn Glu Pro Val His Gly Thr Lys Arg Arg Ser Gln Ile Gln Thr Tyr
 275 280 285

Leu Glu Tyr His Gly Gly Pro Gly Val Gln His Ile Ala Leu Ala Ser
 290 295 300

Asn Asp Val Leu Arg Thr Leu Arg Glu Met Arg Ala Arg Thr Pro Met
 305 310 315 320

Gly Gly Phe Glu Phe Met Ala Pro Pro Gln Ala Lys Tyr Tyr Glu Gly
 325 330 335

Val Arg Arg Ile Ala Gly Asp Val Leu Ser Glu Glu Gln Ile Lys Glu

340	345	350
Cys Gln Glu Leu Gly Val Leu Val Asp Arg Asp Asp Gln Gly Val Leu		
355	360	365
Leu Gln Ile Phe Thr Lys Pro Val Gly Asp Arg Pro Thr Phe Phe Leu		
370	375	380
Glu Met Ile Gln Arg Ile Gly Cys Met Glu Lys Asp Glu Val Gly Gln		
385	390	395
Glu Tyr Gln Lys Gly Gly Cys Gly Gly Phe Gly Lys Gly Asn Phe Ser		
405	410	415
Glu Leu Phe Lys Ser Ile Glu Asp Tyr Glu Lys Ser Leu Glu Val Lys		
420	425	430
Gln Ser Val Val Ala Gln Lys Ser		
435	440	

<210> 43

<211> 439

<212> PRT

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> misma proteína de HPPD como SEQ ID 42 que contiene una eliminación en la posición 109.

<220>

<221> CARACTERÍSTICA_MISC

<222> (109)..(109)

<223> Eliminación Ala

<400> 43

Met Pro Pro Thr Pro Ala Thr Ala Thr Gly Ala Ala Ala Ala Ala Val
1 5 10 15

Thr Pro Glu His Ala Ala Arg Ser Phe Pro Arg Val Val Arg Val Asn
20 25 30

Pro Arg Ser Asp Arg Phe Pro Val Leu Ser Phe His His Val Glu Leu
35 40 45

Trp Cys Ala Asp Ala Ala Ser Ala Ala Gly Arg Phe Ser Phe Ala Leu
50 55 60

Gly Ala Pro Leu Ala Ala Arg Ser Asp Leu Ser Thr Gly Asn Ser Ala
65 70 75 80

His Ala Ser Leu Leu Leu Arg Ser Gly Ala Leu Ala Phe Leu Phe Thr
85 90 95

Ala Pro Tyr Ala Pro Pro Pro Gln Glu Ala Ala Thr Ala Ala Thr Ala
100 105 110

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

His Gly Leu Ala Val Arg Ser Val Gly Val Arg Val Ala Asp Ala Ala
130 135 140

Glu Ala Phe Arg Val Ser Val Ala Gly Gly Ala Arg Pro Ala Phe Ala
145 150 155 160

Pro Ala Asp Leu Gly His Gly Phe Gly Leu Ala Glu Val Glu Leu Tyr
165 170 175

Gly Asp Val Val Leu Arg Phe Val Ser Tyr Pro Asp Glu Thr Asp Leu
180 185 190

Pro Phe Leu Pro Gly Phe Glu Arg Val Ser Ser Pro Gly Ala Val Asp
195 200 205

Tyr Gly Leu Thr Arg Phe Asp His Val Val Gly Asn Val Pro Glu Met
210 215 220

Ala Pro Val Ile Asp Tyr Met Lys Gly Phe Leu Gly Phe His Glu Phe
225 230 235 240

Ala Glu Phe Thr Ala Glu Asp Val Gly Thr Thr Glu Ser Gly Leu Asn
245 250 255

Ser Val Val Leu Ala Asn Asn Ser Glu Ala Val Leu Leu Pro Leu Asn
260 265 270

Glu Pro Val His Gly Thr Lys Arg Arg Ser Gln Ile Gln Thr Tyr Leu
275 280 285

Glu Tyr His Gly Gly Pro Gly Val Gln His Ile Ala Leu Ala Ser Asn
290 295 300

Asp Val Leu Arg Thr Leu Arg Glu Met Arg Ala Arg Thr Pro Met Gly
305 310 315 320

Gly Phe Glu Phe Met Ala Pro Pro Gln Ala Lys Tyr Tyr Glu Gly Val
325 330 335

Arg Arg Ile Ala Gly Asp Val Leu Ser Glu Glu Gln Ile Lys Glu Cys
340 345 350

Gln Glu Leu Gly Val Leu Val Asp Arg Asp Asp Gln Gly Val Leu Leu
355 360 365

Gln Ile Phe Thr Lys Pro Val Gly Asp Arg Pro Thr Phe Phe Leu Glu
370 375 380

Met Ile Gln Arg Ile Gly Cys Met Glu Lys Asp Glu Val Gly Gln Glu
385 390 395 400

Tyr Gln Lys Gly Gly Cys Gly Gly Phe Gly Lys Gly Asn Phe Ser Glu
405 410 415

Leu Phe Lys Ser Ile Glu Asp Tyr Glu Lys Ser Leu Glu Val Lys Gln
420 425 430

Ser Val Val Ala Gln Lys Ser
435

<210> 44
<211> 444
<212> PRT
<213> Zea mays

<400> 44

Met Gly Pro Thr Pro Thr Ala Ala Ala Ala Gly Ala Ala Val Ala Ala
1 5 10 15

Ala Ser Ala Ala Glu Gln Ala Ala Phe Arg Leu Val Gly His Arg Asn
20 25 30

Phe Val Arg Phe Asn Pro Arg Ser Asp Arg Phe His Thr Leu Ala Phe
35 40 45

His His Val Glu Leu Trp Cys Ala Asp Ala Ala Ser Ala Ala Gly Arg
50 55 60

Phe Ser Phe Gly Leu Gly Ala Pro Leu Ala Ala Arg Ser Asp Leu Ser
65 70 75 80

Thr Gly Asn Ser Ala His Ala Ser Leu Leu Leu Arg Ser Gly Ser Leu
85 90 95

Ser Phe Leu Phe Thr Ala Pro Tyr Ala His Gly Ala Asp Ala Ala Thr
100 105 110

Ala Ala Leu Pro Ser Phe Ser Ala Ala Ala Ala Arg Arg Phe Ala Ala

115	120	125	
Asp His Gly Leu Ala Val Arg Ala Val Ala Leu Arg Val Ala Asp Ala			
130	135	140	
Glu Asp Ala Phe Arg Ala Ser Val Ala Ala Gly Ala Arg Pro Ala Phe			
145	150	155	160
Gly Pro Val Asp Leu Gly Arg Gly Phe Arg Leu Ala Glu Val Glu Leu			
165	170	175	
Tyr Gly Asp Val Val Leu Arg Tyr Val Ser Tyr Pro Asp Gly Ala Ala			
180	185	190	
Gly Glu Pro Phe Leu Pro Gly Phe Glu Gly Val Ala Ser Pro Gly Ala			
195	200	205	
Ala Asp Tyr Gly Leu Ser Arg Phe Asp His Ile Val Gly Asn Val Pro			
210	215	220	
Glu Leu Ala Pro Ala Ala Ala Tyr Phe Ala Gly Phe Thr Gly Phe His			
225	230	235	240
Glu Phe Ala Glu Phe Thr Thr Glu Asp Val Gly Thr Ala Glu Ser Gly			
245	250	255	
Leu Asn Ser Met Val Leu Ala Asn Asn Ser Glu Asn Val Leu Leu Pro			
260	265	270	
Leu Asn Glu Pro Val His Gly Thr Lys Arg Arg Ser Gln Ile Gln Thr			
275	280	285	
Phe Leu Asp His His Gly Gly Pro Gly Val Gln His Met Ala Leu Ala			
290	295	300	
Ser Asp Asp Val Leu Arg Thr Leu Arg Glu Met Gln Ala Arg Ser Ala			

305 310 315 320

 Met Gly Gly Phe Glu Phe Met Ala Pro Pro Thr Ser Asp Tyr Tyr Asp
 325 330 335

 Gly Val Arg Arg Arg Ala Gly Asp Val Leu Thr Glu Ala Gln Ile Lys
 340 345 350

 Glu Cys Gln Glu Leu Gly Val Leu Val Asp Arg Asp Asp Gln Gly Val
 355 360 365

 Leu Leu Gln Ile Phe Thr Lys Pro Val Gly Asp Arg Pro Thr Leu Phe
 370 375 380

 Leu Glu Ile Ile Gln Arg Ile Gly Cys Met Glu Lys Asp Glu Lys Gly
 385 390 395 400

 Gln Glu Tyr Gln Lys Gly Gly Cys Gly Gly Phe Gly Lys Gly Asn Phe
 405 410 415

 Ser Gln Leu Phe Lys Ser Ile Glu Asp Tyr Glu Lys Ser Leu Glu Ala
 420 425 430

 Lys Gln Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Gln Gly Ser
 435 440

<210> 45

<211> 1077

<212> ADN

<213> Pseudomonas fluorescens

<400> 45

atggcagatc tatacgaaaa cccaatgggc ctgatgggct ttgaattcat cgaattcgcg 60

tcgccgacgc cgggtaccct ggagccgac ttcgagatca tgggcttcac caaagtcgcg 120

acccaccgtt ccaagaacgt gcacctgtac cgccagggcg agatcaacct gatcctcaac 180

aacgagccca acagcatcgc ctctacttt gcggccgaac acggcccgtc ggtgtgcggc 240

atggcggtcc gcgtgaagga ctcgcaaaag gcctacaacc gcgccctgga actcggcgcc 300
 cagccgatcc atattgacac cgggccgatg gaattgaacc tgccggcgat caaggcatc 360
 ggccggcgcg cgttgacct gatcgaccgt ttcggcgaag gcagctcgat ctacgacatc 420
 gacttcgtgt acctcgaagg tgtggagcgc aatccggtcg gtgcaggtct caaagtcac 480
 gaccacctga cccacaacgt ctatcgccgc cgcatgttct actgggcaa cttctacgag 540
 aaattgttca acttccgtga agcgcgttac ttcgatatca agggcgagta caccggcctg 600
 acttccaagg ccatgagtgc gccggacggc atgatccgca tcccgctgaa cgaagagtcg 660
 tccaagggcg cggggcagat cgaagagttc ctgatgcagt tcaacggcga aggcattccag 720
 cacgtggcgt tcctcaccga cgacctggc aagacctggg acgcgttgaa gaaaatcggc 780
 atgcgcttca tgaccgcgcc gccagacact tattacgaaa tgctcgaagg ccgcctgcct 840
 gaccacggcg agccggtgga tcaactgcag gcacgcgcta tcctgctgga cggatcttcc 900
 gtggaaggcg acaaacgcct gctgctgcag atcttctcgg aaaccctgat gggcccgggtg 960
 ttcttgaat tcattcagcg caagggcgac gatgggttg gcgagggcaa cttcaaggcg 1020
 ctgttcgagt ccatcgaacg tgaccaggtg cgtcgtggtg tattgaccgc cgattaa 1077

<210> 46

<211> 358

<212> PRT

<213> *Pseudomonas fluorescens*

<400> 46

Met Ala Asp Leu Tyr Glu Asn Pro Met Gly Leu Met Gly Phe Glu Phe

1 5 10 15

Ile Glu Phe Ala Ser Pro Thr Pro Gly Thr Leu Glu Pro Ile Phe Glu

20 25 30

Ile Met Gly Phe Thr Lys Val Ala Thr His Arg Ser Lys Asn Val His

35 40 45

Leu Tyr Arg Gln Gly Glu Ile Asn Leu Ile Leu Asn Asn Glu Pro Asn
50 55 60

Ser Ile Ala Ser Tyr Phe Ala Ala Glu His Gly Pro Ser Val Cys Gly
65 70 75 80

Met Ala Phe Arg Val Lys Asp Ser Gln Lys Ala Tyr Asn Arg Ala Leu
85 90 95

Glu Leu Gly Ala Gln Pro Ile His Ile Asp Thr Gly Pro Met Glu Leu
100 105 110

Asn Leu Pro Ala Ile Lys Gly Ile Gly Gly Ala Pro Leu Tyr Leu Ile
115 120 125

Asp Arg Phe Gly Glu Gly Ser Ser Ile Tyr Asp Ile Asp Phe Val Tyr
130 135 140

Leu Glu Gly Val Glu Arg Asn Pro Val Gly Ala Gly Leu Lys Val Ile
145 150 155 160

Asp His Leu Thr His Asn Val Tyr Arg Gly Arg Met Val Tyr Trp Ala
165 170 175

Asn Phe Tyr Glu Lys Leu Phe Asn Phe Arg Glu Ala Arg Tyr Phe Asp
180 185 190

Ile Lys Gly Glu Tyr Thr Gly Leu Thr Ser Lys Ala Met Ser Ala Pro
195 200 205

Asp Gly Met Ile Arg Ile Pro Leu Asn Glu Glu Ser Ser Lys Gly Ala
210 215 220

Gly Gln Ile Glu Glu Phe Leu Met Gln Phe Asn Gly Glu Gly Ile Gln
225 230 235 240

His Val Ala Phe Leu Thr Asp Asp Leu Val Lys Thr Trp Asp Ala Leu
245 250 255

Lys Lys Ile Gly Met Arg Phe Met Thr Ala Pro Pro Asp Thr Tyr Tyr
260 265 270

Glu Met Leu Glu Gly Arg Leu Pro Asp His Gly Glu Pro Val Asp Gln
275 280 285

Leu Gln Ala Arg Gly Ile Leu Leu Asp Gly Ser Ser Val Glu Gly Asp
290 295 300

Lys Arg Leu Leu Leu Gln Ile Phe Ser Glu Thr Leu Met Gly Pro Val
305 310 315 320

Phe Phe Glu Phe Ile Gln Arg Lys Gly Asp Asp Gly Phe Gly Glu Gly
325 330 335

Asn Phe Lys Ala Leu Phe Glu Ser Ile Glu Arg Asp Gln Val Arg Arg
340 345 350

Gly Val Leu Thr Ala Asp
355

RESUMEN

Uso de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales para controlar plantas no deseadas en áreas de plantas de cultivo transgénico que son tolerantes a herbicidas inhibidores de HPPD.

- 5 El uso de 2-cloro-3-(metilsulfanil)-N-(1-metil-1H-tetrazol-5-il)-4-(trifluorometil)benzamida o sus sales para controlar plantas no deseadas en áreas de plantas de cultivo transgénico que son tolerantes a herbicidas inhibidores de HPPD por contener uno o más genes quiméricos que comprenden (I) una secuencia de ADN que codifica hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) derivada de un miembro de un grupo de organismos que consisten en (a) *Avena*, (b)
- 10 *Pseudomonas*, (c) *Synechococcoideae*, (d) *Blepharismidae*, (e) *Rhodococcus*, (f) *Picrophilaceae*, (g) *Kordia*, o (II) una o más secuencias de ADN mutadas de HPPD que codifican genes de los organismos definidos anteriormente, preferiblemente de *Pseudomonas* o (III) una o más secuencias de ADN que codifican maíz mutado (*Zea mays*) o soja (*Glycine max*) HPPD, cada uno siendo mutado como se describe en el documento WO 2012/021785.

15