

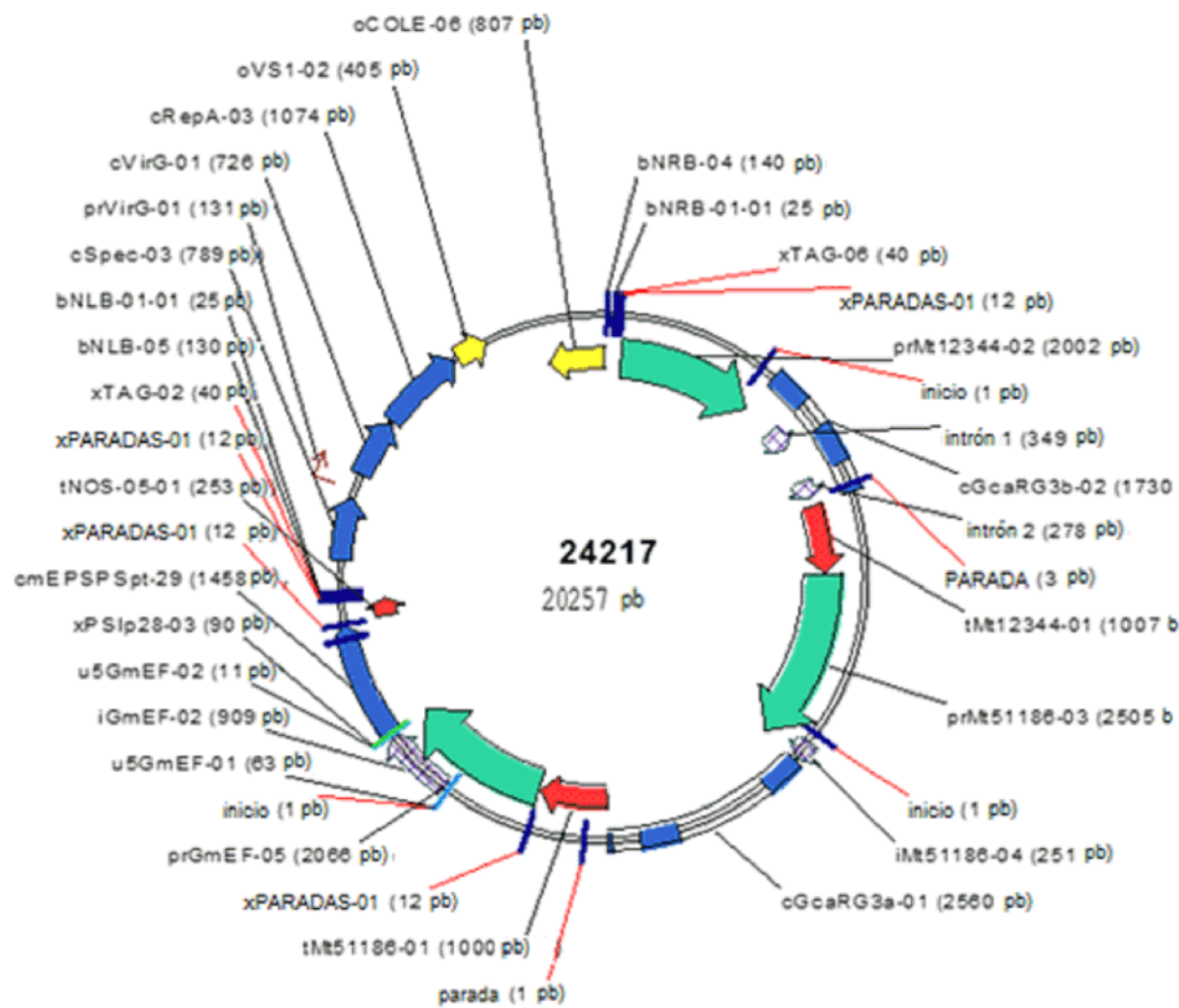


Figura 1: Ilustración del vector binario 24217.



FIGURA 2. Fotografías de experimentos de bioensayos de roya realizados en hojas recogidas de eventos primarios de soja generados a partir del vector binario 24217.

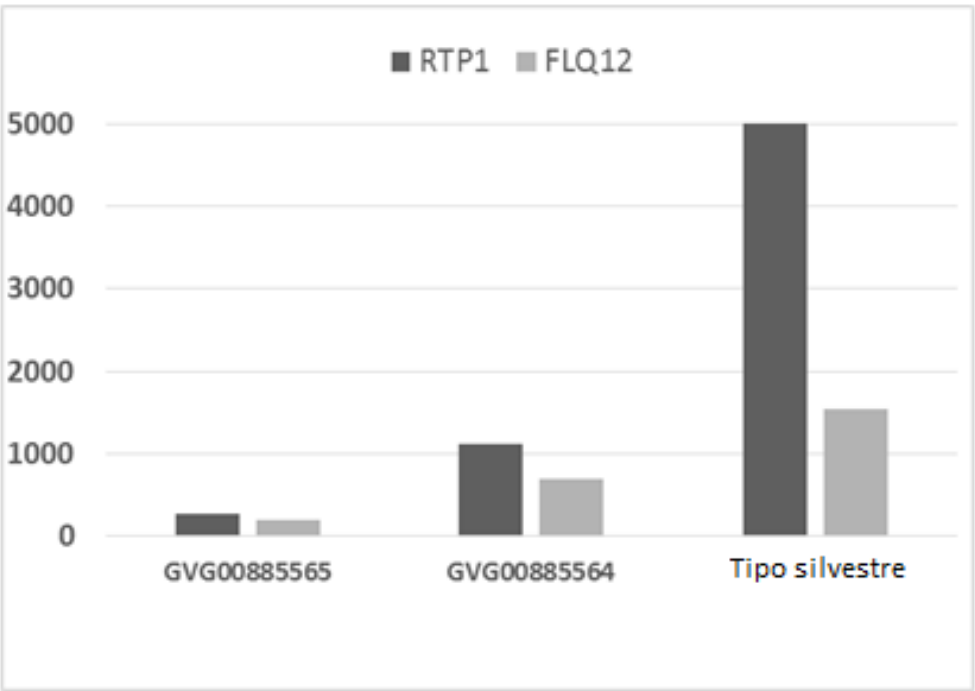


Figura 3. Expresión relativa (eje y) del gen de la β -tubulina de la roya de la soja en eventos primarios de soja de la construcción 24217 14 días después de la inoculación.

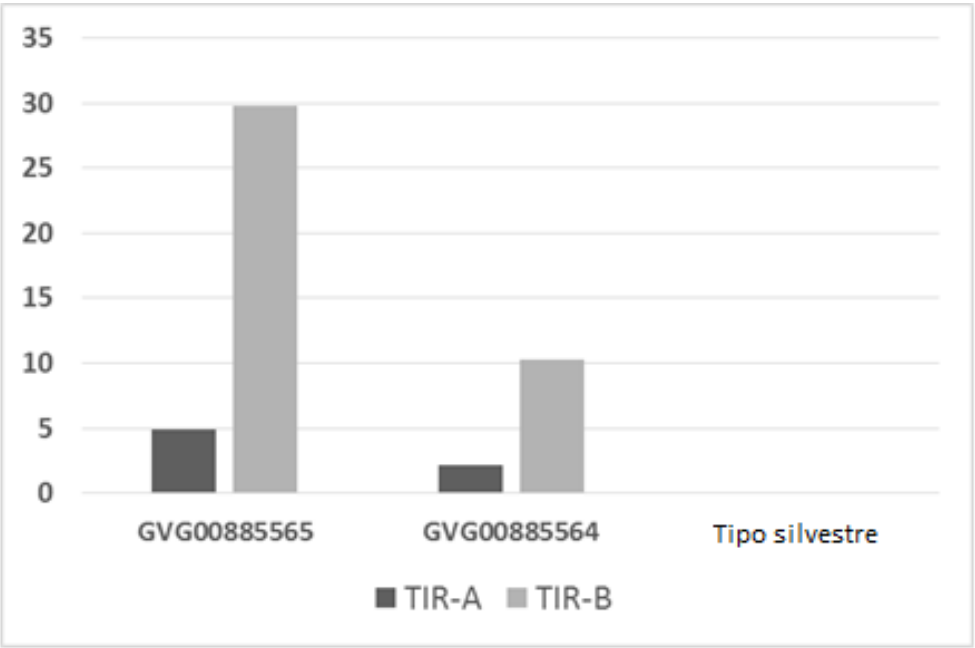


Figura 4. Expresión relativa (eje y) de los genes *TIR-A* y *TIR-B* de *G. canescens* en eventos de soja transgénica que confieren resistencia a la roya de la soja.

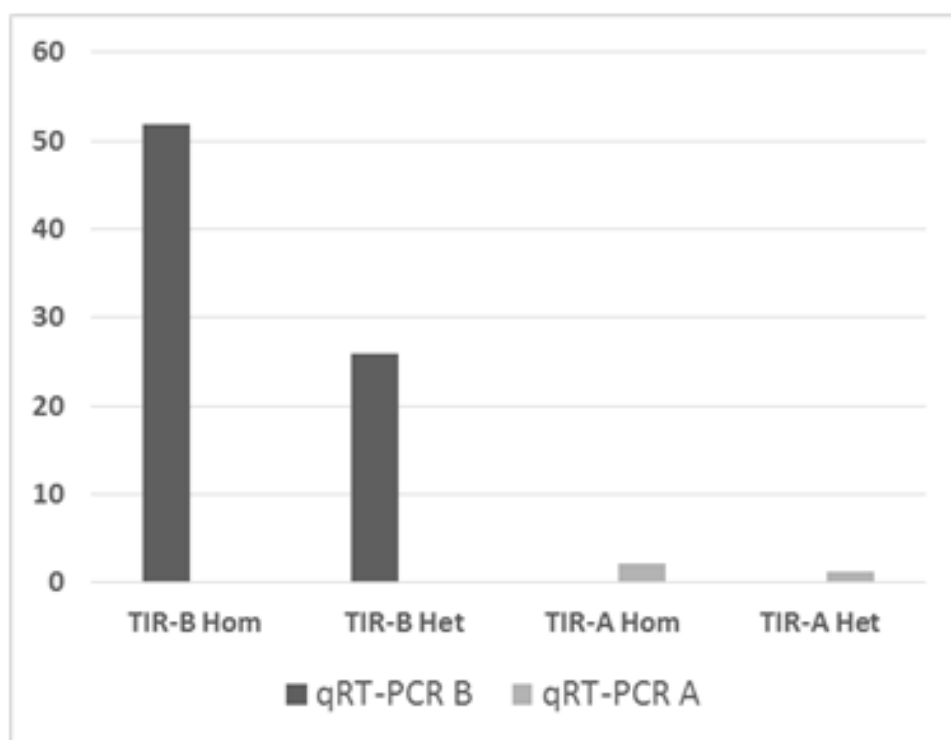


Figura 5. Sumario del análisis por qRT-PCR de GVG00885565 T1, plantas de generación que son homocigotas o heterocigotas para los genes *TIR-A* y *TIR-B*.

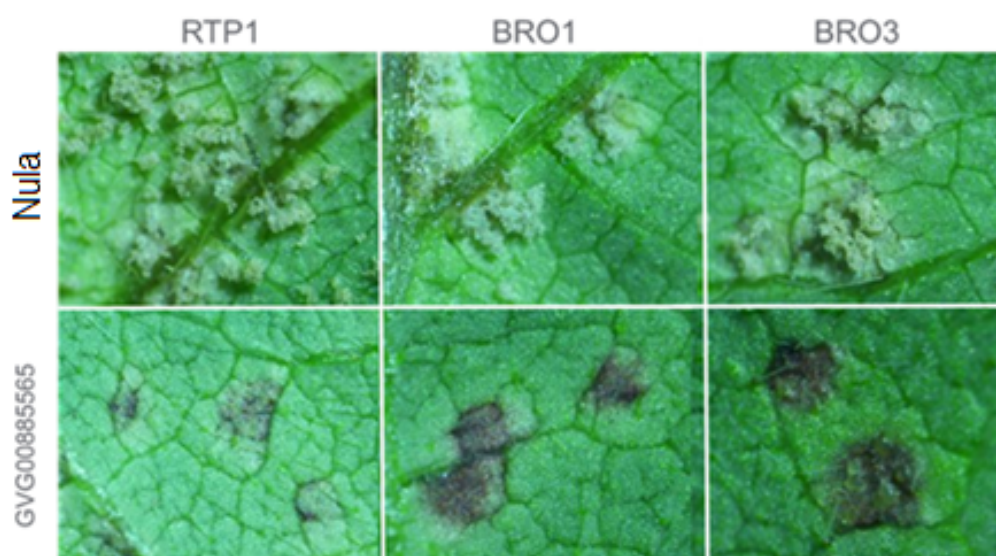


Figura 6. Las plantas GVG00885565 nulas y homocigóticas para la generación de T1 14 días después de la inoculación con tres poblaciones diferentes de roya de la soja. Nótese el alto grado de esporulación de la roya en las hojas de las plantas nulas.

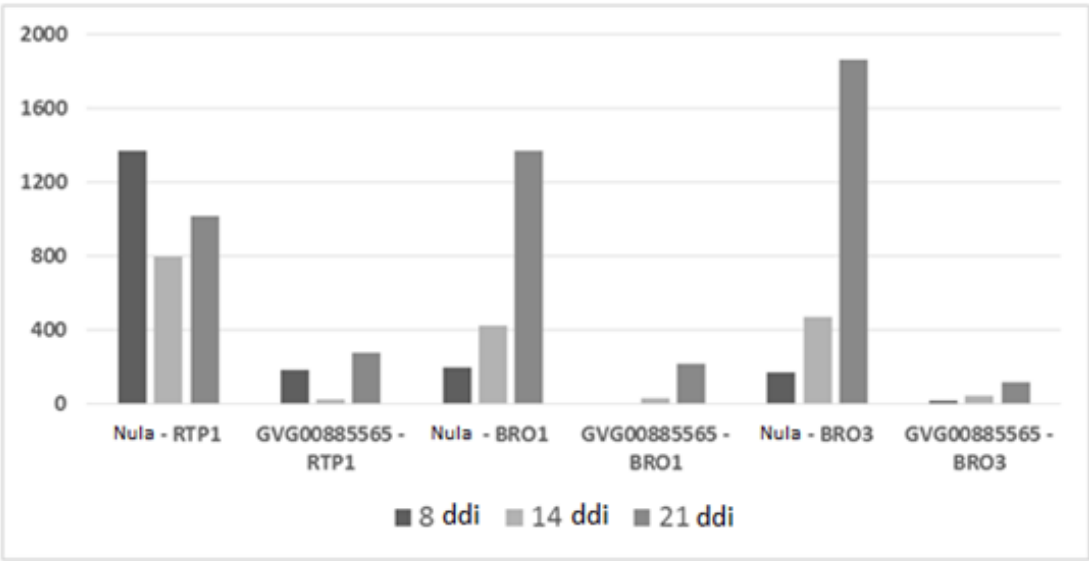


Figura 7. La expresión relativa (eje y) del gen de la β -tubulina de la roya de la soja 8, 14 y 21 días después de inoculación en las plantas nulas y homocigotas para *TIR-A*, *TIR-B*.

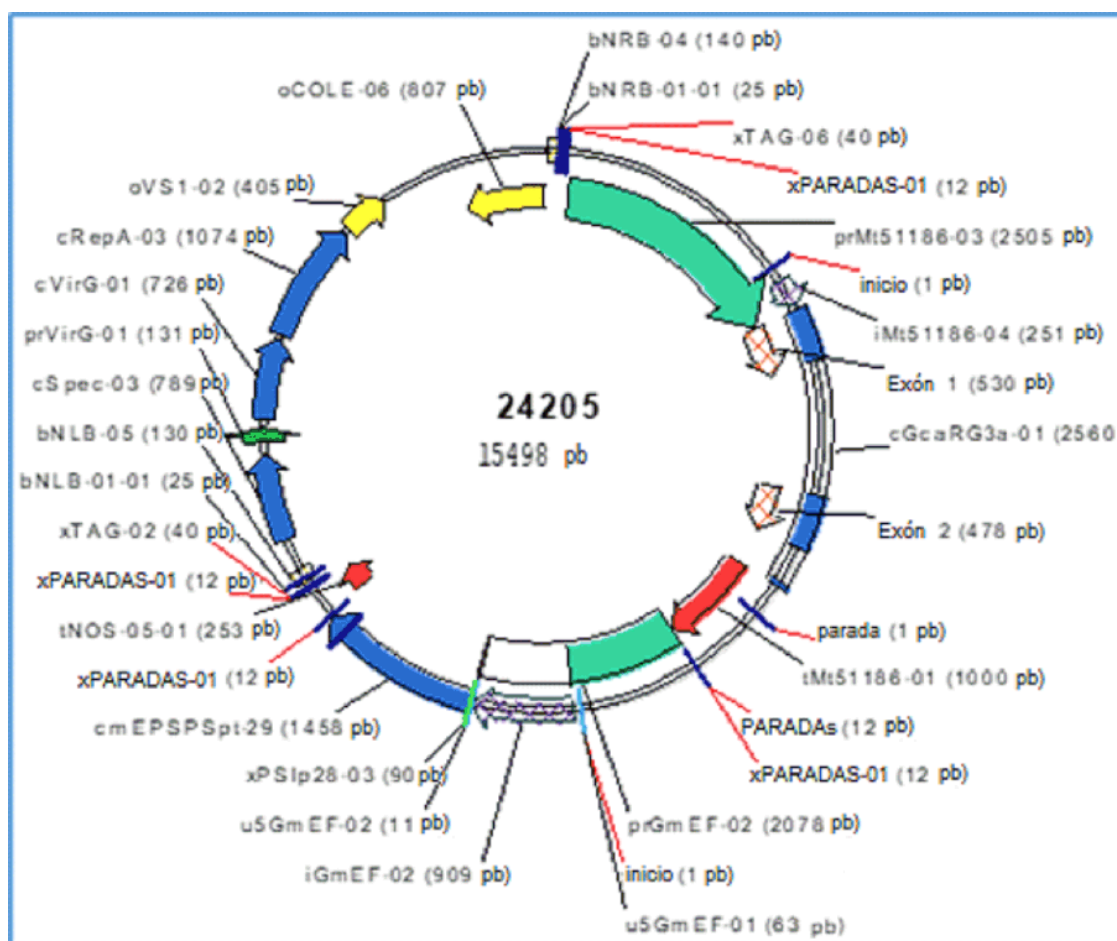


Figura 8A. Mapa del vector binario de *TIR-A* (24205) utilizado en experimentos de cotransformación.

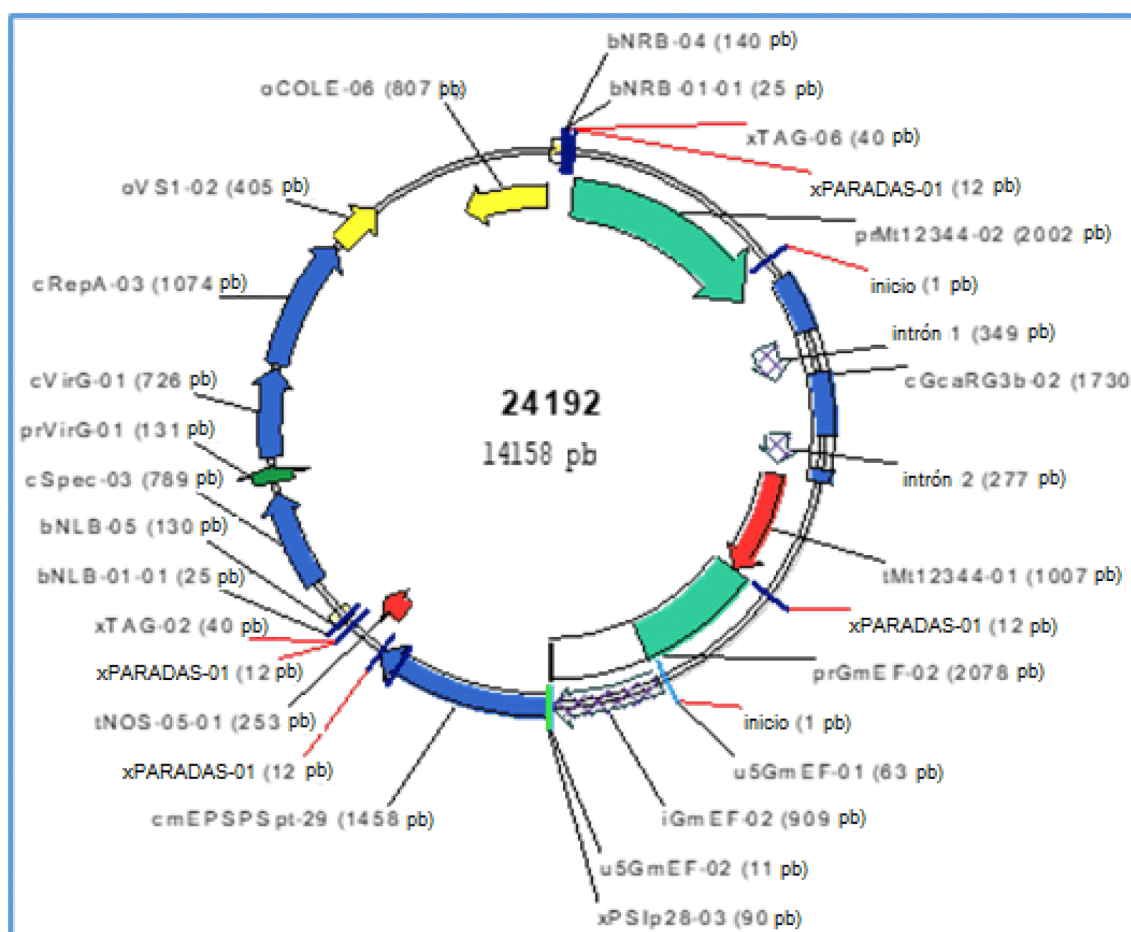


Figura 8B. Mapas de vector binario de *TIR-B* (24192) utilizado en experimentos de cotransformación.

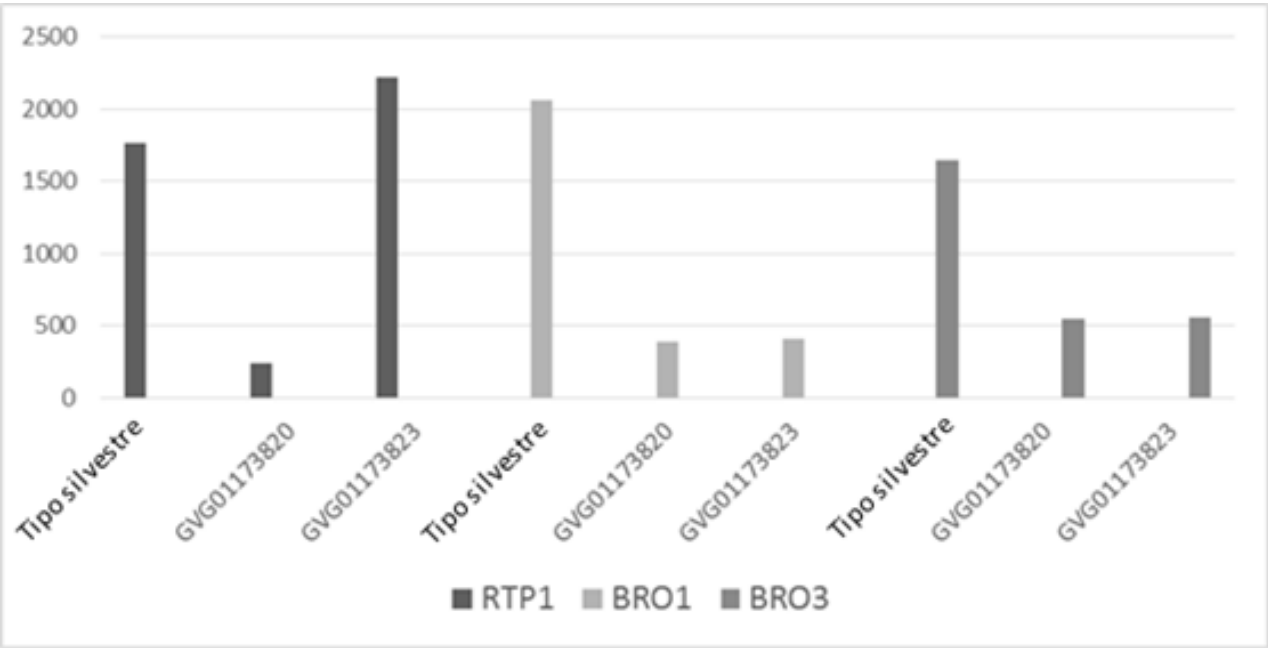


Figura 9: Sumario de la expresión relativa por qRT-PCR de la expresión de la β -tubulina de la roya de la soja (eje y) a partir de eventos primarios de soja 14 días después de la inoculación.

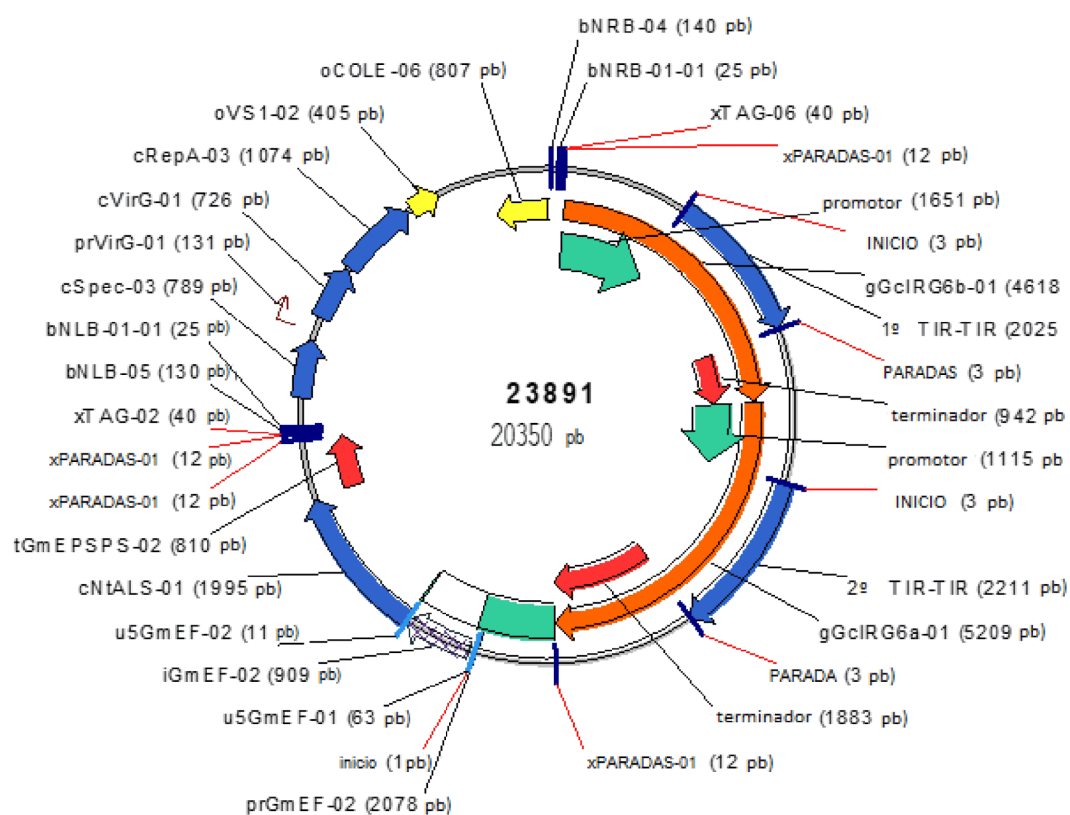


Figura 10. Ilustración del vector binario 23891; PI339656 de *G. clandestina*, TIR-A y TIR-B

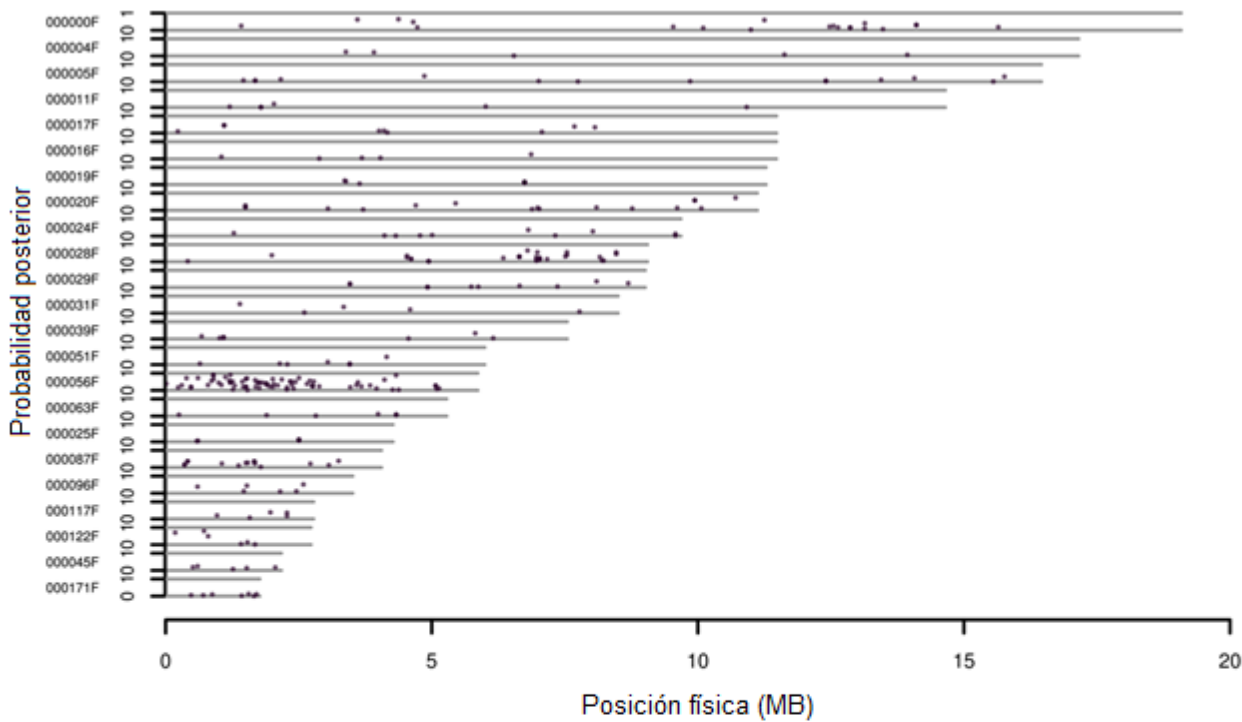


FIG. 11: Representación de SNP de PI440935 de *Glycine canescens* asociados con resistencia a ASR (es decir, cada punto es igual a 1 SNP que se asocia con resistencia a ASR)

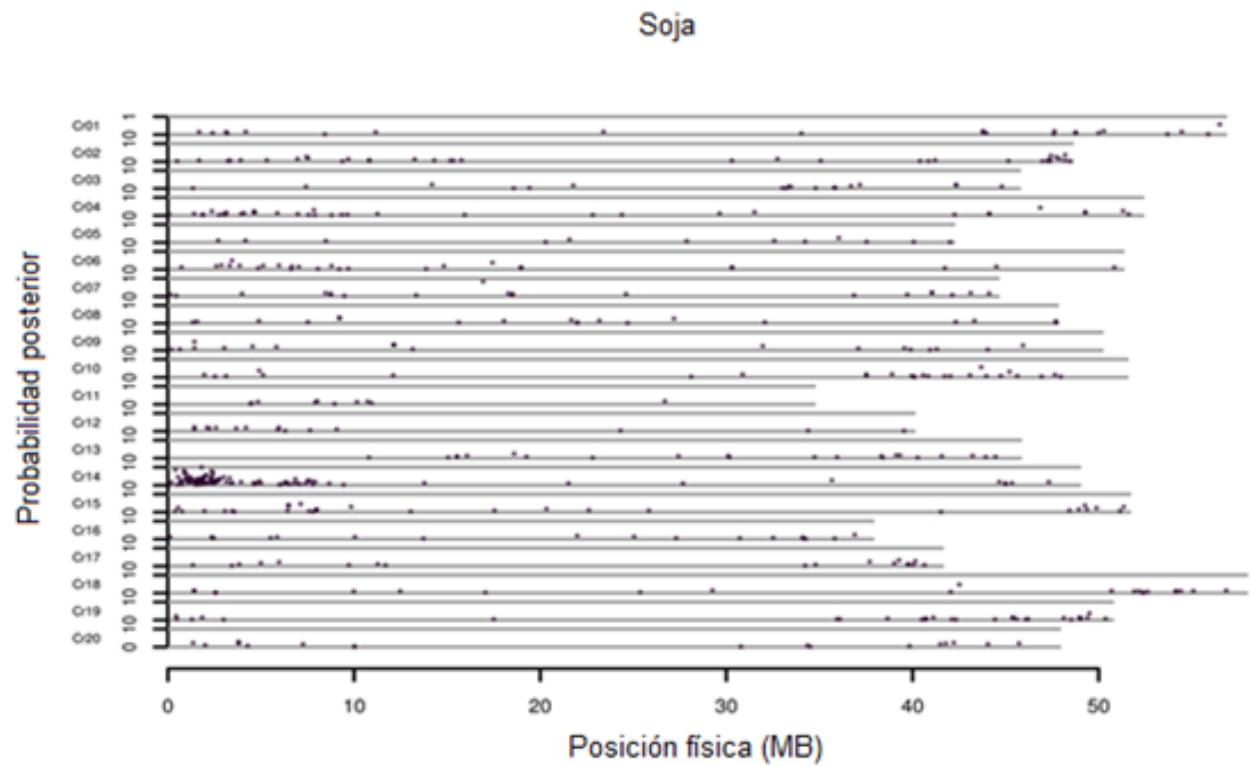


FIG. 12: Representación de SNP de PI440935 de *Glycine canescens* asociados con resistencia a ASR con el número de cromosomas (es decir, cada punto es igual a 1 SNP que se asocia con resistencia a ASR)

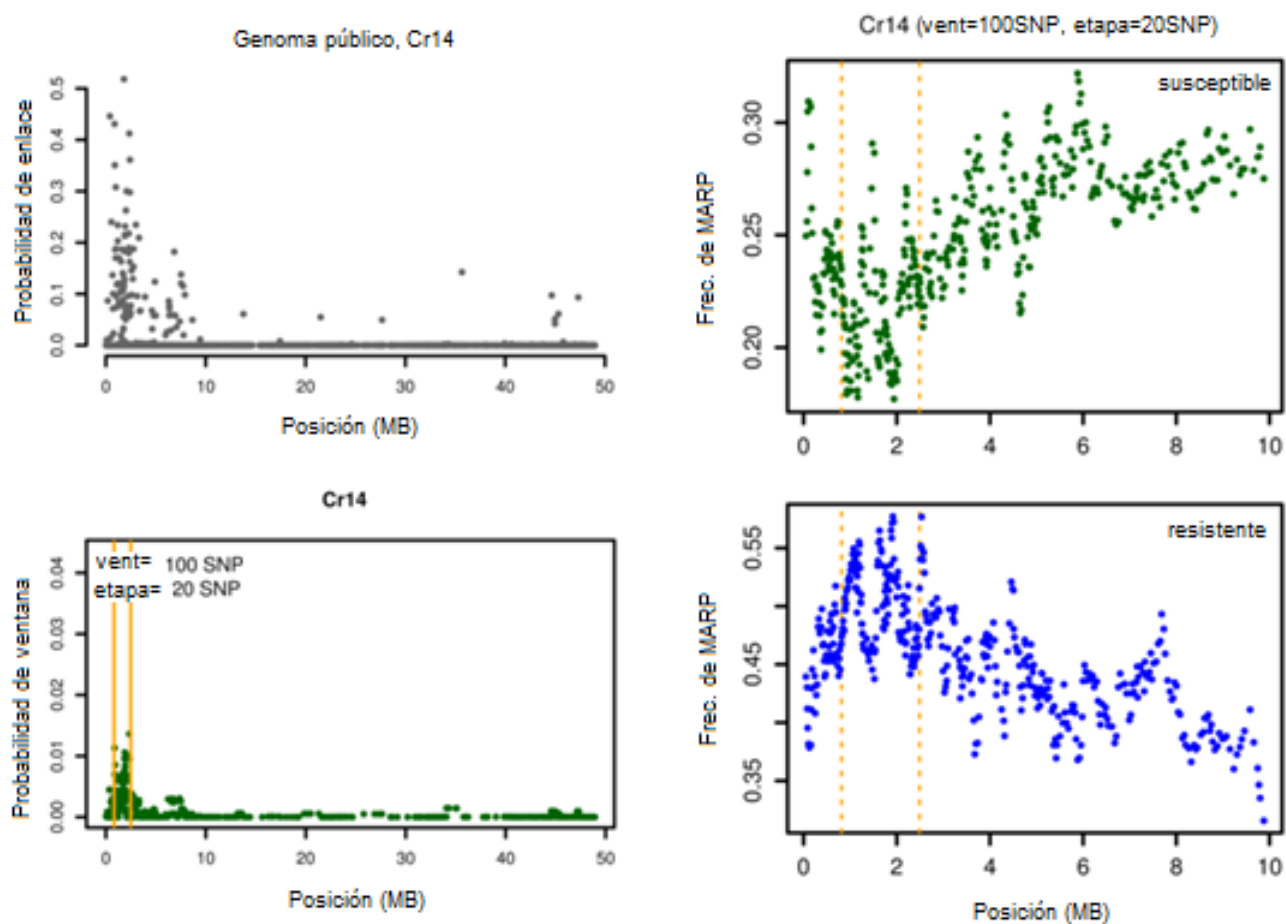


FIG. 13: Descubrimiento del intervalo de cartografiado para el Armazón 000056F (Intervalo sugerido del cromosoma 14 0.85 - 2.5 Mb)

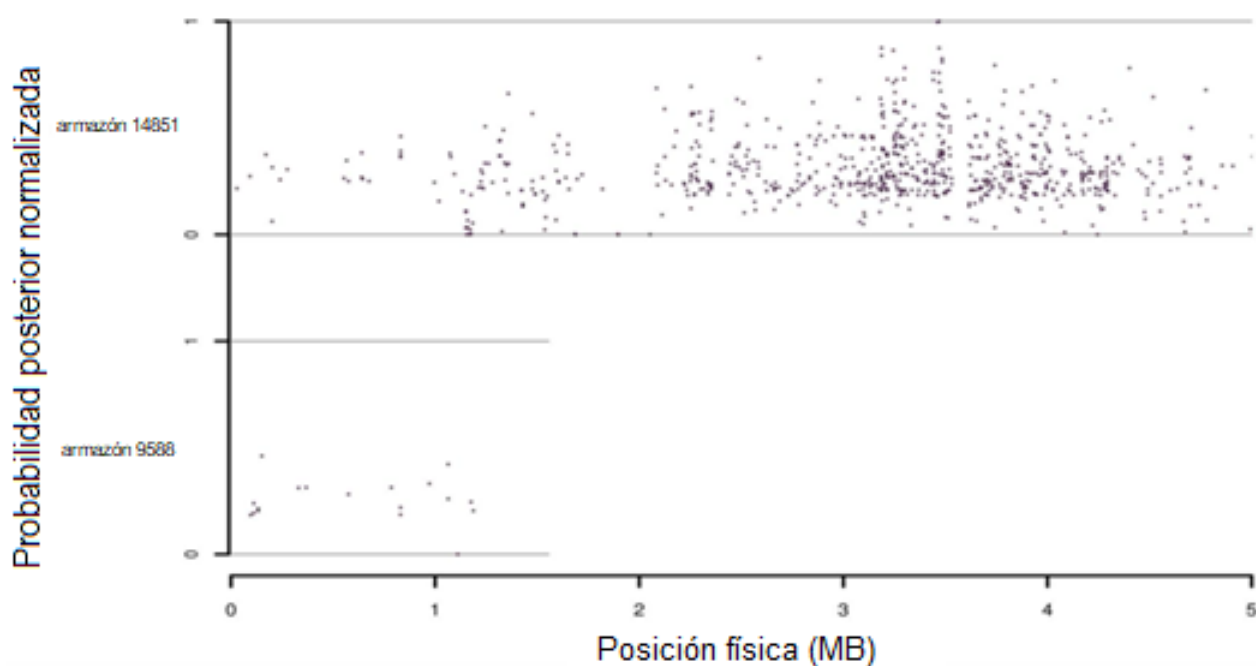


FIG. 14: Representación de SNP de PI339656 de *Glycine clandestina* asociados con resistencia a ASR (es decir, cada punto equivale a 1 SNP que se asocia con resistencia ASR; armazón 14851 (Cr14) y armazón 9588 (CR9))

SNP informativos = 10.915, SNP totales en contiguos superiores = 2.165

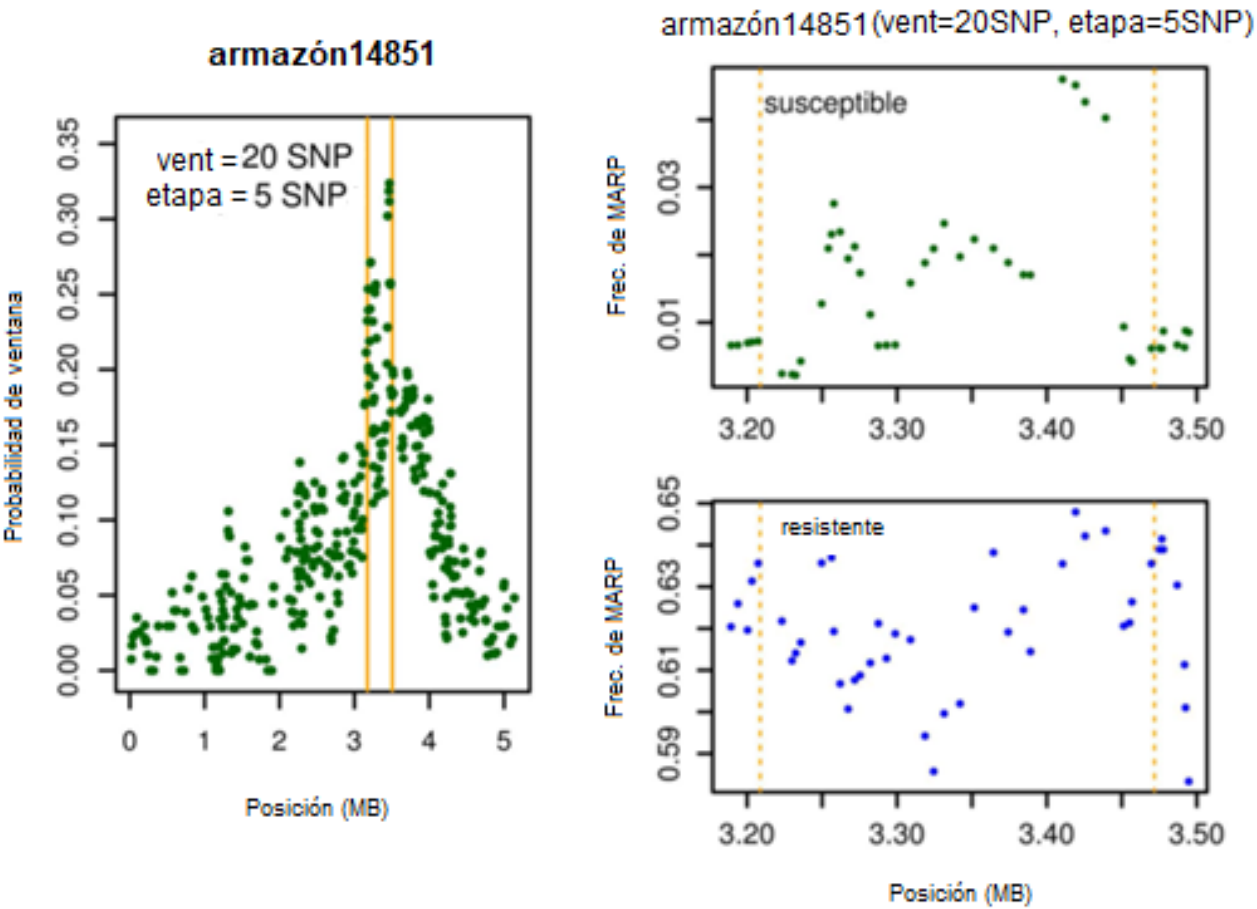


FIG. 15: Descubrimiento del intervalo de cartografiado para el Armazón 14851 (Intervalo sugerido del cromosoma 14: 3.18-3.5Mb)