

REIVINDICACIONES

Habiendo así especialmente descripto y determinado la naturaleza de la presente invención y la forma en que la misma ha de ser llevada a la práctica, se declara reivindicar como de propiedad y derecho exclusivo:

1. Una planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal modificada, que comprende una modificación que reduce la expresión o la actividad de *TFL1*, o un homólogo de este, en comparación con la expresión o la actividad de *TFL1* o su homólogo en una planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal, por lo demás idéntica, que carece de la modificación.
2. La planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal modificada de la reivindicación 1, donde la modificación está presente en al menos un alelo de un gen *TFL1* endógeno o un homólogo de este.
3. La planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal modificada de la reivindicación 2, donde el gen *TFL1* o su homólogo codifica una proteína que tiene al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98%, al menos 99%, al menos 99,5% o 100% de identidad de secuencia con SEQ ID NO:2.
4. La planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal modificada de la reivindicación 2 o 3, donde la modificación está en una región no codificadora del gen *TFL1* o su homólogo.
5. La planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal modificada de la reivindicación 4, donde la región no codificadora se selecciona del grupo que consiste en un promotor, un intrón, una región 5' no traducida, una región 3' no traducida, y combinaciones de cualquiera de estos.
6. La planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal modificada de la reivindicación 5, donde la modificación está en el promotor del gen *TFL1* o su homólogo.
7. La planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal modificada de cualquiera de las reivindicaciones 1-6, donde la planta es una planta leguminosa, una planta de algodón, o una planta de canola; o donde la semilla de planta, parte de planta o célula vegetal es una semilla de planta, parte de planta o célula vegetal de una planta leguminosa, una planta de algodón, una planta

de canola, una planta de maíz, una planta de sorgo, una planta de arroz, una planta de trigo, una planta de cebada, una planta de tomate o una planta de pimienta.

8. La planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal modificada de la reivindicación 7, donde la planta es una planta leguminosa, o donde la semilla de planta, parte de planta o célula vegetal es una semilla de planta, parte de planta, o célula vegetal de una planta leguminosa.

9. La planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal modificada de la reivindicación 8, donde la planta leguminosa es una planta de soja, una planta de poroto, una planta de arveja, una planta de garbanzo, una planta de alfalfa, una planta de maní, una planta de algarrobo, una planta de lenteja, o una planta de regaliz.

10. La planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal modificada de la reivindicación 9, donde la planta leguminosa es una planta de soja.

11. La planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal modificada de la reivindicación 10, donde el gen *TFL1* es un gen *TFL1b*.

12. La planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal modificada de cualquiera de las reivindicaciones 1-11, donde la planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal es heterocigota para la modificación.

13. La planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal modificada de cualquiera de las reivindicaciones 1-11, donde la planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal es homocigota para la modificación.

14. La planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal modificada de cualquiera de las reivindicaciones 1-11, donde la planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal comprende una primera modificación en un primer alelo del gen *TFL1* y una segunda modificación en un segundo alelo del gen *TFL1*, donde la primera modificación y la segunda modificación son diferentes entre sí.

15. La planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal modificada de cualquiera de las reivindicaciones 1-14, donde la modificación comprende una delección, una inserción, una sustitución, una inversión, o una combinación de cualquiera de estas.

16. La planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal modificada de la reivindicación 15, donde la modificación está localizada a aproximadamente 200 nucleótidos o más del extremo 3' de una secuencia seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO:4, 67-77, 79 y 81.

17. La planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal modificada de la reivindicación 16, donde la modificación comprende una deleción.

18. La planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal modificada de cualquiera de las reivindicaciones 11-16, donde la planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal comprende una modificación en al menos un alelo de un promotor del gen *TFL1b*, donde la modificación se selecciona del grupo que consiste en:

una deleción de 30 pares de bases desde el nucleótido 1539 hasta el nucleótido 1568, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO:4;

una deleción de 388 pares de bases desde el nucleótido 1217 hasta el nucleótido 1604, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO:4;

una deleción de 112 pares de bases desde el nucleótido 1518 hasta el nucleótido 1629, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO:4;

una deleción de 272 pares de bases desde el nucleótido 951 hasta el nucleótido 1222, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO:4;

una deleción de 44 pares de bases desde el nucleótido 1364 hasta el nucleótido 1407, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO:4;

una deleción de 150 pares de bases desde el nucleótido 1367 hasta el nucleótido 1516, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO:4;

una deleción de 1053 pares de bases desde el nucleótido 754 hasta el nucleótido 1806, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO:4;

una deleción de 104 pares de bases desde el nucleótido 1216 hasta el nucleótido 1319, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO:4;

una deleción de 807 pares de bases desde el nucleótido 1159 hasta el nucleótido 1965, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO:4;

una delección de 455 pares de bases desde el nucleótido 760 hasta el nucleótido 1214, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO:4;

una delección de 90 pares de bases desde el nucleótido 939 hasta el nucleótido 1028, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO:4;

una inversión de 37 pares de bases, donde la secuencia desde el nucleótido 1029 hasta el nucleótido 1065 de SEQ ID NO:4 ha sido eliminada, invertida y reinsertada en la misma localización;

una delección de 599 pares de bases desde el nucleótido 1066 hasta el nucleótido 1664, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO:4;

una delección de 601 pares de bases desde el nucleótido 952 hasta el nucleótido 1552, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO:4;

una delección de 132 pares de bases desde el nucleótido 1677 hasta el nucleótido 1808, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO:4;

una delección de 35 pares de bases desde el nucleótido 1524 hasta el nucleótido 1558, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO:4;

una delección de 930 pares de bases desde el nucleótido 476 hasta el nucleótido 1405, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO:4;

una delección de 195 pares de bases desde el nucleótido 1365 hasta el nucleótido 1559, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO:4;

una delección de 633 pares de bases desde el nucleótido 928 hasta el nucleótido 1560, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO:4;

una delección de 1221 pares de bases desde el nucleótido 593 hasta el nucleótido 1813, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO:4;

una delección de 5 pares de bases desde el nucleótido 1552 hasta el nucleótido 1556, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 29 pares de bases desde el nucleótido 1537 hasta el nucleótido 1565, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 38 pares de bases desde el nucleótido 1209 hasta el nucleótido 1246, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 49 pares de bases desde el nucleótido 1552 hasta el nucleótido 1600, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 49 pares de bases desde el nucleótido 1553 hasta el nucleótido 1601, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 11 pares de bases desde el nucleótido 1368 hasta el nucleótido 1378, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 28 pares de bases desde el nucleótido 1368 hasta el nucleótido 1395, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 41 pares de bases desde el nucleótido 1344 hasta el nucleótido 1384, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 235 pares de bases desde el nucleótido 1219 hasta el nucleótido 1453, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 13 pares de bases desde el nucleótido 1215 hasta el nucleótido 1227, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 7 pares de bases desde el nucleótido 1370 hasta el nucleótido 1376, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 337 pares de bases desde el nucleótido 1220 hasta el nucleótido 1556, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 161 pares de bases desde el nucleótido 1216 hasta el nucleótido 1376, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 17 pares de bases desde el nucleótido 1368 hasta el nucleótido 1384, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 283 pares de bases desde el nucleótido 1366 hasta el nucleótido 1648, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 120 pares de bases desde el nucleótido 1370 hasta el nucleótido 1489, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 75 pares de bases desde el nucleótido 1541 hasta el nucleótido 1615, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 9 pares de bases desde el nucleótido 1367 hasta el nucleótido 1375, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 51 pares de bases desde el nucleótido 1551 hasta el nucleótido 1601, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 7 pares de bases desde el nucleótido 1371 hasta el nucleótido 1377, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 186 pares de bases desde el nucleótido 1368 hasta el nucleótido 1553, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 14 pares de bases desde el nucleótido 1365 hasta el nucleótido 1378, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 16 pares de bases desde el nucleótido 1365 hasta el nucleótido 1380, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 43 pares de bases desde el nucleótido 1552 hasta el nucleótido 1594, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 10 pares de bases desde el nucleótido 1367 hasta el nucleótido 1376, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 131 pares de bases desde el nucleótido 1552 hasta el nucleótido 1682, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 438 pares de bases desde el nucleótido 954 hasta el nucleótido 1391, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 26 pares de bases desde el nucleótido 1535 hasta el nucleótido 1560, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 111 pares de bases desde el nucleótido 1534 hasta el nucleótido 1644, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 663 pares de bases desde el nucleótido 937 hasta el nucleótido 1599, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 98 pares de bases desde el nucleótido 1551 hasta el nucleótido 1648, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 34 pares de bases desde el nucleótido 1526 hasta el nucleótido 1559, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 79 pares de bases desde el nucleótido 1528 hasta el nucleótido 1606, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 61 pares de bases desde el nucleótido 1542 hasta el nucleótido 1602, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 381 pares de bases desde el nucleótido 1214 hasta el nucleótido 1594, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 187 pares de bases desde el nucleótido 1368 hasta el nucleótido 1554, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 109 pares de bases desde el nucleótido 1369 hasta el nucleótido 1477, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 5 pares de bases desde el nucleótido 1550 hasta el nucleótido 1554, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 1267 pares de bases desde el nucleótido 734 hasta el nucleótido 2000, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 190 pares de bases desde el nucleótido 1371 hasta el nucleótido 1560, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 36 pares de bases desde el nucleótido 1537 hasta el nucleótido 1572, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 46 pares de bases desde el nucleótido 1541 hasta el nucleótido 1586, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 5 pares de bases desde el nucleótido 1552 hasta el nucleótido 1556, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 955 pares de bases desde el nucleótido 669 hasta el nucleótido 1623, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 38 pares de bases desde el nucleótido 1521 hasta el nucleótido 1558, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 109 pares de bases desde el nucleótido 1369 hasta el nucleótido 1477, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 15 pares de bases desde el nucleótido 1540 hasta el nucleótido 1554, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 458 pares de bases desde el nucleótido 1217 hasta el nucleótido 1674, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 81 pares de bases desde el nucleótido 1546 hasta el nucleótido 1626, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO: 4;

una delección de 89 pares de bases desde el nucleótido 1547 hasta el nucleótido 1635, en comparación con la secuencia de referencia SEQ ID NO:4; y

combinaciones de cualquiera de estas.

19. La planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal modificada de cualquiera de las reivindicaciones 11-16, donde la planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal comprende una modificación en el promotor de al menos un alelo del gen *TFL1b*, donde la modificación está comprendida dentro de una región genómica entre las posiciones nucleotídicas 1237 y 1570 de la secuencia de referencia SEQ ID NO:4.

20. La planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal modificada de la reivindicación 19, donde la modificación comprende una delección de al menos 10, al menos 15, al menos 20, al menos 25, al menos 30, al menos 35, al menos 40, al menos 45, al menos 50, al menos 55, al menos 60, al menos 65, al menos 70, al menos 75, al menos 80, al menos 85, al menos 90, al menos 95, al menos 100, al menos 125, o al menos 150 nucleótidos consecutivos.
21. La planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal modificada de cualquiera de las reivindicaciones 15-20, donde la planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal comprende una secuencia cromosómica en el gen *TFL1b* que tiene al menos 70%, al menos 75%, al menos 80%, al menos 85%, al menos 90%, al menos 95%, al menos 96%, al menos 97%, al menos 98%, al menos 99%, al menos 99,5% o 100% de identidad de secuencia con SEQ ID NO:4 en las regiones fuera de la delección, la inserción, la sustitución o la inversión.
22. La planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal modificada de cualquiera de las reivindicaciones 11-18, donde la planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal comprende una secuencia de polinucleótidos seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO:30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104, 105, 106, 107, 108, 109, 110, 111, 112, 113, 114, 115, 116, 117, 118, 119, 120, 121, 122, 123, 124, 125, 126, 127 y 128.
23. La planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal modificada de cualquiera de las reivindicaciones 1-22, donde la modificación altera el nivel de expresión de la proteína TFL1, en comparación con el nivel de expresión de la proteína TFL1 en una planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal por lo demás idéntica, que carece de la modificación.
24. La planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal modificada de la reivindicación 23, donde la modificación reduce el nivel de expresión de la proteína TFL1, en comparación con el nivel de expresión de la proteína TFL1 en una planta, semilla de planta, parte de planta o célula vegetal por lo demás idéntica, que carece de la modificación.
25. La planta modificada de cualquiera de las reivindicaciones 1-24, donde la modificación altera el fenotipo de determinación de la planta, en comparación con el fenotipo de determinación de una planta por lo demás idéntica que carece de la modificación.

26. La planta modificada de cualquiera de la reivindicación 25, donde la modificación aumenta la determinación de la planta, en comparación con la determinación de una planta por lo demás idéntica que carece de la modificación.
27. La planta modificada de cualquiera de las reivindicaciones 1-26, donde después de plantada, la planta modificada alcanza su fecha de floración terminal más rápido que una planta por lo demás idéntica, que carece de la modificación.
28. La planta modificada de cualquiera de las reivindicaciones 1-27, donde la planta modificada exhibe una tasa de encamado reducida, en comparación con la tasa de encamado de una planta por lo demás idéntica, que carece de la modificación.
29. La planta modificada de cualquiera de las reivindicaciones 1-28, donde la planta modificada exhibe sustancialmente el mismo rendimiento o un rendimiento aumentado, en comparación con el rendimiento de una planta por lo demás idéntica, que carece de la modificación.
30. La planta modificada de cualquiera de las reivindicaciones 1-29, donde la planta modificada exhibe menor susceptibilidad a enfermedades fúngicas, en comparación con la susceptibilidad de una planta por lo demás idéntica, que carece de la modificación.
31. Un polinucleótido que comprende una secuencia seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO:30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 46, 82, 83, 84, 85, 86, 87, 88, 89, 90, 91, 92, 93, 94, 95, 96, 97, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104, 105, 106, 107, 108, 109, 110, 111, 112, 113, 114, 115, 116, 117, 118, 119, 120, 121, 122, 123, 124, 125, 126, 127 y 128.
32. Un ARN guía que comprende una secuencia de polinucleótidos seleccionada del grupo que consiste en SEQ ID NO:13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28 y 29.
33. Un método para producir una planta que comprende un gen *TFL1* modificado, el método comprende:
- a) introducir una modificación en al menos un sitio diana en un gen *TFL1* endógeno o un homólogo de este de una célula vegetal;

- b) identificar y seleccionar una o más células vegetales del paso a) comprendiendo dicha modificación dicho gen *TFL1* o su homólogo; y
- c) regenerar al menos una planta a partir de al menos una o más células seleccionadas en el paso b).
34. El método de la reivindicación 33, donde el sitio diana está localizado en una región no codificadora de un gen *TFL1* endógeno o un homólogo de este.
35. El método de la reivindicación 34, donde la región no codificadora se selecciona del grupo que consiste en un promotor, un intrón, una región 5' no traducida, una región 3' no traducida, y combinaciones de cualquiera de estos.
36. El método de la reivindicación 36, donde la región no codificadora es un promotor.
37. El método de la reivindicación 33, donde la modificación es facilitada por la presencia de al menos una enzima modificadora del genoma específica del sitio en dicha célula vegetal.
38. El método de la reivindicación 37, donde la enzima modificadora del genoma específica del sitio se selecciona del grupo que consiste en: una nucleasa guiada por ARN, una nucleasa con dedos de cinc, una meganucleasa, una nucleasa TALE, una recombinasa, una transposasa, y combinaciones de cualquiera de estas.
39. El método de la reivindicación 38, donde la a enzima modificadora del genoma específica del sitio es una nucleasa guiada por ARN que comprende una nucleasa Cas, una nucleasa Cpf1, o una variante de cualquiera de estas.
40. El método de la reivindicación 37, donde la enzima modificadora del genoma específica del sitio crea la rotura de al menos una hebra en el sitio diana.
41. El método de la reivindicación 33, donde la modificación se selecciona del grupo que consiste en una sustitución, una inserción, una inversión, una delección, una duplicación, y una combinación de estas.
42. El método de la reivindicación 41, donde la modificación es una delección.
43. El método de la reivindicación 42, donde la delección comprende una región de al menos 10, al menos 15, al menos 20, al menos 25, al menos 30, al menos 35, al menos 40, al menos 45,

al menos 50, al menos 55, al menos 60, al menos 65, al menos 70, al menos 75, al menos 80, al menos 85, al menos 90, al menos 95, al menos 100, al menos 125, o al menos 150 nucleótidos consecutivos.

44. Un método para aumentar la determinación de una planta, que comprende modificar al menos un alelo de un promotor endógeno de un gen TFL1, de modo tal que se reduce la producción de proteína TFL1 en comparación con la producción proteína TFL1 en una planta por lo demás idéntica que carece de la modificación.

p.p.: MONSANTO TECHNOLOGY LLC