

REIVINDICACIONES

1. Una molécula de ácido nucleico que comprende una secuencia polinucleotídica de SEC ID NO.: 18, o una secuencia polinucleotídica complementaria a la misma.
2. La molécula de ácido nucleico según la reivindicación 1, en donde la molécula está comprendida en la SEC ID NO.: 13.
3. Una molécula de ácido nucleico que comprende una secuencia polinucleotídica de SEC ID NO.: 19, o una secuencia polinucleotídica complementaria a la misma.
4. La molécula de ácido nucleico según la reivindicación 3, en donde la molécula está comprendida en la SEC ID NO.: 12.
5. La molécula de ácido nucleico según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 4, en donde la molécula está comprendida en la SEC ID NO.: 5.
6. La molécula de ácido nucleico según cualquiera de las reivindicaciones 1 a 5, en donde la molécula está comprendida en la SEC ID NO.: 22.
7. Pares de cebadores que comprenden cebadores directos e inversos, en donde el cebador directo comprende la SEC ID NO.: 6 y el cebador inverso comprende la SEC ID NO.: 7, o el cebador directo comprende la SEC ID NO.: 8 y el cebador inverso comprende la SEC ID NO.: 9.
8. Un método para detectar material vegetal de la caña de azúcar modificada genéticamente del evento CTC91087-6, que comprende las etapas de:
 - a) obtener una muestra de material vegetal para su análisis;
 - b) extraer ADN de la muestra;

c) proporcionar pares de cebadores que comprenden al menos un cebador directo y uno inverso;

d) amplificar una región entre el par de cebadores; y

e) detectar la presencia de un producto a partir de la amplificación;

y,

en donde los pares de cebadores en la etapa c) están diseñados para unirse a una secuencia polinucleotídica seleccionada del grupo que consiste en la SEC ID NO.: 22 y la SEC ID NO.: 29, en donde al menos un par de cebadores comprende nucleótidos contiguos de secuencias seleccionadas del grupo que consiste en la SEC ID NO.: 23, la SEC ID NO.: 24, la SEC ID NO.: 30 y la SEC ID NO.: 31.

9. El método según la reivindicación 8, en donde los pares de cebadores en la etapa c) están diseñados para unirse a una secuencia polinucleotídica seleccionada del grupo que consiste en la SEC ID NO.: 22 y la SEC ID NO.: 29, en donde al menos un par de cebadores consiste en un primer cebador que comprende nucleótidos contiguos de secuencias seleccionadas del grupo que consiste de la SEC ID NO.: 23, la SEC ID NO.: 24, la SEC ID NO.: 30, y la SEC ID NO.: 31 y un segundo cebador que comprende nucleótidos contiguos de secuencias seleccionadas del grupo que consiste de la SEC ID NO.: 2 y la SEC ID NO.: 36.

10. El método según la reivindicación 8, en donde los pares de cebadores en la etapa c) están diseñados para unirse a un polinucleótido que comprende nucleótidos contiguos de secuencias seleccionadas del grupo que consiste de la SEC ID NO.: 5 y la SEC ID NO.: 37, en el que al menos un par de cebadores comprende nucleótidos contiguos de secuencias seleccionadas del grupo que consiste de la SEC ID NO.: 3, la SEC ID NO.: 4, la SEC ID NO.: 38 y la SEC ID NO.: 39.

11. El método según la reivindicación 10, en donde al menos un par de cebadores consiste en un primer cebador que comprende nucleótidos contiguos de secuencias seleccionadas del grupo que consiste de la SEC ID NO.: 3, la SEC ID NO.: 4, la SEC ID NO.:

38, y la SEC ID NO.: 39 y un segundo cebador que comprende nucleótidos contiguos de secuencias seleccionadas del grupo que consiste de la SEC ID NO.: 2 y la SEC ID NO.: 36.

12. El método según cualquiera de las reivindicaciones 8 a 11, en donde el cebador directo comprende la SEC ID NO.: 6 y el cebador inverso comprende la SEC ID NO.: 7, o el cebador directo comprende la SEC ID NO.: 8 y el cebador inverso comprende la SEC ID NO.: 9.

13. El método según la reivindicación 8, en donde el producto a partir de la amplificación comprende la SEC ID NO.: 12 o la SEC ID NO.: 13.

14. El método según la reivindicación 8 o 13, en donde la detección del producto a partir de la amplificación se realiza mediante la hibridación de una sonda que comprende la SEC ID NO.: 10 o la SEC ID NO.: 11.

15. Un método para detectar material a partir de la caña de azúcar modificada genéticamente del evento CTC91087-6, que comprende las etapas de:

- a) obtener una muestra de material vegetal para su análisis;
- b) extraer ADN o RNA de la muestra;
- c) proporcionar una sonda diseñada para unirse a una secuencia polinucleotídica que es seleccionada del grupo que consiste en la SEC ID NO.: 18, SEC ID NO.: 19, SEC ID NO.: 32, y la SEC ID NO.: 33;
- d) hibridación de dicha sonda con la muestra; y
- e) detectar la hibridación real de la sonda.

16. Un kit para detectar la presencia de una secuencia polinucleotídica que comprende la SEC ID NO.: 18, y/o la SEC ID NO.: 19 y/o una proteína cristal pesticida (Cry),
y,

en donde el kit comprende pares de cebadores diseñados para unirse a una secuencia polinucleotídica seleccionada del grupo que consiste de la SEC ID NO.: 22 y la SEC ID NO.: 29, en donde al menos un par de cebadores comprende nucleótidos contiguos de

secuencias seleccionadas del grupo que consiste en la SEC ID NO.: 23, SEC ID NO.: 24, SEC ID NO.: 30 y la SEC ID NO.: 31.

17. Un kit según la reivindicación 16, que comprende adicionalmente una sonda que comprende la SEC ID NO.: 10 o la SEC ID NO.: 11 para detectar el producto de amplificación.

18. Una molécula de ácido nucleico recombinante que comprende una construcción genética que comprende la SEC ID NO.: 1.

19. Una molécula de ácido nucleico recombinante que comprende la construcción genética según la reivindicación 18, que comprende la SEC ID NO.: 14.

NONO

20. Un método para producir una planta de caña de azúcar (*Saccharum spp.*) modificada genéticamente a partir del evento CTC91087-6, que comprende las etapas de:

a) introducir una construcción genética que comprende la SEC ID NO.: 20, y la SEC ID NO.: 21, dentro de una cepa de *Agrobacterium*;

b) obtener callos embriogénicos a partir de rollos de hojas inmaduras o tallos superiores de caña de azúcar (*Saccharum spp.*);

c) co-cultivar los callos embriogénicos con un cultivo de *Agrobacterium*;

d) seleccionar células transformadas que contienen la SEQ ID NO: 20 y la SEQ ID NO: 21 del paso a), a partir de un medio de cultivo que contiene glufosinato de amonio; y

e) regenerar plantas de caña de azúcar transformadas, en donde las plantas de caña de azúcar modificadas genéticamente comprenden la SEC ID NO.: 20, y la SEC ID NO.: 21.

NONO

21. Un método para generar una planta de caña de azúcar (*Saccharum spp.*) modificada genéticamente del evento CTC91087-6, que comprende introducir una modificación genética en una planta de caña de azúcar (*Saccharum spp.*) que comprende la SEC ID NO.: 5 o la SEC ID NO.: 22 para producir una planta de caña de azúcar (*Saccharum spp.*) modificada genéticamente del evento CTC91087-6, en la que la planta

de caña de azúcar (*Saccharum spp.*) modificada genéticamente tiene una resistencia mejorada a los insectos en comparación con una planta de caña de azúcar (*Saccharum spp.*) sin la modificación genética, presentando bajo infestación artificial de insectos una eficacia relativa en el control de la infestación superior al 90%..