



Señora

Sandra Isabel Calderón Rodríguez

Directora de Nuevas Creaciones

Superintendencia de Industria y Comercio

E. S. D.

Referencia: Solicitud de Patente de Invención PCT denominada
“MÉTODO PARA GENERAR UN NUEVO GEN EN UN ORGANISMO Y SU USO”

Asunto: Respuesta al oficio No. 2789 de 25 de febrero de 2025

Expediente No. NC2024/0001171

Juan Carlos Cuesta Quintero, mayor de edad, identificado como aparece al pie de mi firma, obrando en mi calidad de apoderado de **QINGDAO KINGAGROOT CHEMICAL COMPOUND CO., LTD.**, doy respuesta al Oficio No. 2789 de 25 de febrero de 2025, bajo los siguientes términos:

1. MODIFICACIONES

1.1. Reivindicaciones

Las reivindicaciones anteriores 1-26 se sustituirán por las reivindicaciones 1-14 recientemente modificadas, en las que:

- La reivindicación 1 se modifica introduciendo las características técnicas “sin necesidad de proporcionar una plantilla de ADN foráneo”, “la nueva combinación es

Calle 72 No. 10 - 07, Of. 603 • Teléfono: (+601 2113097)

Bogotá, D.C., Colombia

Email: contacto@cuestalawyers.com

www.cuestalawyers.com



una combinación del promotor de uno de los dos genes con diferentes patrones de expresión y la región codificadora del otro gen”, y “donde el método da lugar a eventos de inversión o duplicación por duplicación de los fragmentos entre los blancos del mismo cromosoma, y/o el intercambio de fragmentos cromosómicos entre los blancos en diferentes cromosomas”, y se suprime la expresión “diferentes dominios proteicos” de forma adaptativa.

La reivindicación 1 se modifica además especificando el organismo como “un animal distinto de un ser humano, una planta, una bacteria o un hongo” y añadiendo una frase que aleja a la invención de la excepción a la patentabilidad indicada por el Examinador, dado que contrario a lo indicado por el Examinador la presente invención no va dirigido a un tratamiento quirúrgico ni el tratamiento de una enfermedad, ya que en su divulgación inicial nunca se nombra, por lo tanto, el Solicitante se permite incluir un disclaimer, que indica “donde el método no es un método quirúrgico ni un método para el tratamiento de una enfermedad en un animal o un ser humano”. La reivindicación 15 se modifica de forma similar. El fundamento de las anteriores modificaciones se encuentra en se encuentra en la la memoria descriptiva y las reivindicaciones presentadas el 23 de enero de 2025, así: reivindicación 8 y en la página 11 párrafo 2, página 22 párrafo 4, página 23 párrafo 2.

La reivindicación 8 se modifica limitando aún más la combinación de diferentes elementos genéticos.

- La reivindicación 16 se modifica especificando el organismo como “una planta”.
- La reivindicación 17 se modifica ajustando su redacción.
- Se eliminan las reivindicaciones 7, 11-14 y 20-26.
- Se reenumeran las reivindicaciones.
- En cuanto a la objeción del Examinador al error tipográfico “por que”, se corrige a “porque”.



1.2. Listado de secuencias

Se presenta una versión revisada del Listado de secuencias para reemplazar la versión original, introduciendo la información relacionada con cada secuencia.

Tengan en cuenta que el listado de secuencias presentado en la solicitud europea incluye cuatro secuencias duplicadas. En concreto, la SEQ ID NO. 36 es idéntica a la SEQ ID NO. 50, la SEQ ID NO. 68 es idéntica a la SEQ ID NO. 77, la SEQ ID NO. 72 es idéntica a la SEQ ID NO. 78 y la SEQ ID NO. 70 es idéntica a la SEQ ID NO. 80. Por lo tanto, el listado de secuencias se ha adaptado.

Así, el Solicitante afirma respetuosamente que el capítulo reivindicatorio modificado que se presenta con esta respuesta se encuentra completamente sustentado en la solicitud tal y como se presentó originalmente y, por lo tanto, no se incluye ninguna materia adicionalmente añadida.

2. EXCEPCIÓN DE PATENTABILIDAD

En el numeral 4, el Examinador opina que: (1) las soluciones técnicas de las reivindicaciones 1 a 16 incluyen la modificación genética humana o métodos terapéuticos o quirúrgicos para el tratamiento de seres humanos o animales; (2) el objeto de la reivindicación 23 incluye el genoma completo de la célula vegetal; y (3) el método de la reivindicación 26 pertenece esencialmente a procesos biológicos; por lo tanto, las reivindicaciones 1 a 16, 23 y 26 no son patentables.

Con el único fin de agilizar el trámite de la solicitud se modifican las reivindicaciones 1 y 15 añadiendo una frase que aleja a la invención de la excepción a la patentabilidad indicada por el Examinador, dado que contrario a lo indicado por el Examinador la presente invención no va dirigido a un tratamiento quirúrgico ni el tratamiento de una enfermedad, ya que en



su divulgación inicial nunca se nombra, por lo tanto, el Solicitante se permite incluir un disclaimer, que indica “donde el método no es un método quirúrgico ni un método para el tratamiento de una enfermedad en un animal o un ser humano”, y se eliminan las reivindicaciones 23 y 26. Dadas estas modificaciones, los métodos de las nuevas reivindicaciones 1 a 11 no implican modificación genética humana ni métodos terapéuticos. Los rechazos del Examinador a las reivindicaciones 1 a 16, 23 y 26 quedan sin efecto.

3. REIVINDICACIONES DE USO

En el mencionado oficio, el Examinador opina que las soluciones técnicas de las reivindicaciones 17 a 19 se refieren a un uso en el reambulo y mencionan la expresión «que se utiliza para estimular la expresión de un gen endógeno HPPD, EPSPS o PPO en una planta», por lo que estas reivindicaciones son inaceptables.

Para agilizar la tramitación de esta solicitud, el Solicitante modifica la actual reivindicación 11 eliminando sus características técnicas adicionales y especificando en su lugar el gen endógeno objetivo como un gen endógeno HPPD, EPSPS o PPO en una planta. Por lo tanto, la nueva reivindicación 12 correspondiente no se refiere a un uso. Las denegaciones del Examinador a las reivindicaciones 17 a 19 quedan sin efecto.

4. SOLICITUD DE PATENTE

4.1. Título de la invención

En el punto 6.1, el examinador sugiere modificar el título de la invención como “UN MÉTODO PARA LA EDICIÓN DE UN GEN HPPD PARA AUMENTAR LA RESISTENCIA A HERBICIDAS EN PLANTAS DE ARROZ”. El solicitante discrepa respetuosamente.

El objetivo principal de esta invención es el desarrollo de un nuevo método para la edición de un gen diana endógeno sin necesidad de proporcionar una plantilla de ADN foráneo.



Como se demuestra en los ejemplos prácticos de esta solicitud, este método es ampliamente aplicable, pero no se limita al gen HPPD en una planta. Además, se eliminan las reivindicaciones 20 a 26, y las reivindicaciones 1 a 14 recientemente modificadas se refieren a la edición de un gen en una célula de un organismo. Por lo tanto, el título de la invención “Un método para la edición de un gen en una célula de un organismo” refleja con precisión la invención reivindicada.

4.2. Reivindicaciones-Claridad

El examinador alega que el porcentaje de identidad de secuencia y los lenguajes de hibridación, así como el término "porciones" en las reivindicaciones 20 a 22, hacen que estas reivindicaciones sean poco claras, y que las reivindicaciones 24 a 25 no definen todas las características técnicas estructurales del vector o casete de expresión reivindicado, y tampoco son claras.

Para agilizar la tramitación de esta solicitud, se eliminan las reivindicaciones 20 a 25 sin perjuicio de lo anterior.

El solicitante solicita respetuosamente al examinador que retire estas objeciones.

4.3. Descripción

El Examinador objeta la descripción ya que indica el porcentaje de identidad de secuencia y de hibridación, así como al término “porciones”.

El Examinador también alega que la descripción de esta solicitud no divulga la invención relativa a un gen HPPD, EPSPS o PPO especificado por el porcentaje de identidad de secuencia y los lenguajes de hibridación, así como por el término “porciones”, de forma suficientemente clara y completa, y, por lo tanto, es inaceptable.



Como se mencionó anteriormente para las reivindicaciones 20 a 22 y 24 a 25, estas reivindicaciones se eliminan; por lo tanto, las reivindicaciones 1 a 14 recientemente modificadas no se refieren a un gen HPPD, EPSPS o PPO especificado por el porcentaje de identidad de secuencia y los lenguajes de hibridación, ni al término “porciones”.

El solicitante solicita respetuosamente al examinador que retire estas objeciones.

4.4. Listado de secuencias

Para el listado de secuencias, tenga en cuenta que el listado de secuencias presentado en la solicitud europea incluye cuatro secuencias duplicadas. En concreto, la SEQ ID NO. 36 es idéntica a la SEQ ID NO. 50, la SEQ ID NO. 68 es idéntica a la SEQ ID NO. 77, la SEQ ID NO. 72 es idéntica a la SEQ ID NO. 78 y la SEQ ID NO. 70 es idéntica a la SEQ ID NO. 80. Por lo tanto, el listado de secuencias se adapta.

El solicitante solicita respetuosamente al examinador que retire estas objeciones.

4.5. Unidad de invención

En el numeral 7, el examinador clasifica las reivindicaciones 20 a 25 en tres grupos de invenciones, cada uno relacionado con un gen aislado de HPPD de arroz, un gen de EPSPS y una PPO, respectivamente. El examinador considera que no existe unidad entre estos tres grupos de invenciones.

En el nuevo conjunto de reivindicaciones modificado, se eliminan las reivindicaciones 20 a 25. Las nuevas reivindicaciones 1 a 14 se refieren a la edición de un gen blanco endógeno sin necesidad de proporcionar una plantilla de ADN foráneo. Ninguna de las referencias citadas divulga ni sugiere esta característica, por lo que las nuevas reivindicaciones 1 a 14



comparten esta característica y cumplen el requisito de unidad.

El solicitante alega respetuosamente que las nuevas reivindicaciones 1 a 14 cumplen el requisito de unidad.

4.6. Patentabilidad

En los numerales 8 y 9, el Examinador cita dos documentos (D4 y D1) para afectar la patentabilidad de las reivindicaciones del primer grupo de invención, a saber, las reivindicaciones 20 y 24-25.

En el conjunto de reivindicaciones recientemente modificadas, se eliminan las reivindicaciones 20 a 26. Todas las reivindicaciones 1 a 14 recientemente modificadas se refieren a la edición de un gen blanco endógeno sin necesidad de proporcionar una plantilla de ADN foráneo. Ni D4 ni D1 divulgan ni sugieren esta característica.

Por lo tanto, las nuevas reivindicaciones 1 a 14 son novedosas y tienen mayor capacidad inventiva que D4 y/o D1.

En vista de lo anterior, las objeciones planteadas en el segundo oficio de fondo quedan sin efecto.

5. REIVINDICACIONES ADMITIDAS EN OTRAS JURISDICCIONES

Las solicitudes homólogas ya fueron concedidas en otras jurisdicciones. Las reivindicaciones 1 a 14, recientemente modificadas, son muy similares a las concedidas en la solicitud australiana. Consulte los archivos adjuntos para ver las reivindicaciones australianas admitidas.



CONCLUSIONES

El Solicitante considera subsanadas las objeciones planteadas en el presente requerimiento de fondo en vista de los argumentos y modificaciones discutidas anteriormente, queda evidenciado que la invención cumple con los requisitos de patentabilidad definidos en la Decisión 486 de 2000. En caso de que, a pesar de tales modificaciones y argumentos, la Examinadora considere que todavía quedan objeciones pendientes de resolver, el Solicitante pide respetuosamente que emita un nuevo requerimiento de fondo dándole una nueva oportunidad para solventarlas.

Cordialmente,

Juan Carlos Cuesta Quintero

C.C. 79.339.809 de Bogotá

T.P. 43.273 del C.S. de la J.

Anexos: Comprobante de pago por modificación de la solicitud.
Capítulo reivindicatorio modificado con control de cambios.
Capítulo reivindicatorio modificado en limpio.
Listado de secuencias.
Reivindicaciones concedidas en la patente AU2022323749.

REIVINDICACIONES

1. Un método para crear un nuevo gen en una célula de un organismo sin necesidad de proporcionar una plantilla de ADN foráneo caracterizado por comprender las siguientes etapas:

generar simultáneamente rupturas de ADN en dos o más sitios específicos diferentes en el genoma de la célula, en donde los sitios específicos son sitios genómicos capaces de separar diferentes elementos genéticos o diferentes dominios proteicos, y las rupturas de ADN se ligan entre sí mediante una unión de extremos no homólogos (NHEJ) o reparación homóloga, generando una nueva combinación de los diferentes elementos genéticos o diferentes dominios proteicos diferente de la secuencia genómica original, creando de ese modo el nuevo gen;

donde el organismo es un animal distinto del ser humano, planta, hongo, bacteria o similares;

en donde la nueva combinación es una combinación del promotor de uno de los dos genes con diferentes patrones de expresión y la región codificadora de otro gen;

y en el que el método da lugar a eventos de inversión o duplicación por duplicación de los fragmentos entre los blancos del mismo cromosoma, y/o el intercambio de fragmentos cromosómicos entre los blancos en diferentes cromosomas; y

en el que el método no es un método quirúrgico o no es un método para tratar una enfermedad en un animal o ser humano.

2. El método de acuerdo con la reivindicación 1, caracterizado por que dichos dos o más sitios específicos diferentes están localizados en el mismo cromosoma o en cromosomas diferentes,

pueden ser sitios específicos en al menos dos genes diferentes, o pueden ser al menos dos sitios específicos diferentes en el mismo gen, en donde dichos al menos dos genes diferentes pueden tener direcciones de transcripción iguales o diferentes.

3. El método de acuerdo con la reivindicación 1 o 2, caracterizado por que dichas rupturas de ADN se consiguen administrando una nucleasa con propiedad de direccionamiento a una célula del organismo para contactar con los sitios específicos del ADN genómico.

4. El método de acuerdo con la reivindicación 3, caracterizado por que dicha nucleasa con propiedad de direccionamiento se selecciona entre el grupo que consiste en Meganucleasa,

nucleasa de dedos de cinc, TALEN, y sistema CRISPR/Cas.

5. El método de acuerdo con la reivindicación 3 o 4, caracterizado por que la nucleasa con propiedad de direccionamiento está en forma de ADN, o existe en forma de ARNm o proteína, pero no ADN.
6. El método de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 3-5, caracterizado por que las nucleasas con propiedad de direccionamiento se administran a la célula mediante: 1) un método de transfección celular mediada por PEG; 2) un método de transfección celular mediada por liposomas; 3) un método de transformación por shock eléctrico; 4) una microinyección; 5) un bombardeo con pistola génica; o 6) un método de transformación mediada por *Agrobacterium*.

~~7. El método de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-6, caracterizado por que dichos elementos génicos se seleccionan entre el grupo que consiste en un promotor, una región no traducida 5', una región codificadora o región de ARN no codificadora, una región no traducida 3', un terminador del gen, o cualquier combinación de los mismos.~~

~~8. El método de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-7, caracterizado por que la combinación de diferentes elementos génicos es una combinación del promotor de uno de los dos genes con diferentes patrones de expresión y la región codificadora o la región de ARN no codificadora del otro gen;~~

~~9. una combinación de la región del promotor para 5'UTR de uno de los dos genes con diferentes patrones de expresión y la CDS o región de ARN no codificadora del otro gen, o una combinación de elementos génicos adyacentes del mismo gen.~~

~~10. El método de la reivindicación 9, caracterizado por que, en la combinación de diferentes elementos génicos, un elemento es un promotor endógeno fuerte del organismo, y el otro es la región codificadora del gen de HPPD, EPSPS, PPO o GH1.~~

~~11. El método de acuerdo con la reivindicación 10, caracterizado por que los diferentes patrones de expresión son diferentes niveles de expresión génica, diferentes especificidades tisulares de expresión génica, o diferentes especificidades de etapa de desarrollo de expresión génica.~~

~~12. El método de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-11, caracterizado por que el dominio proteico es un fragmento de ADN que corresponde a un dominio funcional específico de una proteína; que incluye preferentemente, pero que no se limita a, una señal de localización nuclear, un péptido líder de cloroplasto, un péptido líder mitocondrial, un~~

Con formato: Sangría: Primera línea: 2 car.

Con formato: Sangría: Primera línea: 2 car., Numerado + Nivel: 1 + Estilo de numeración: 1, 2, 3, ... + Iniciar en: 1 + Alineación: Izquierda + Alineación: 0,85 cm + Sangría: 1,48 cm

sitio de fosforilación, un sitio de metilación, un dominio transmembrana, un dominio de unión a ADN, un dominio de activación de transcripción, un dominio de activación de receptor, o un centro catalítico enzimático.

12. El método de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-11, caracterizado por que la combinación de diferentes dominios proteicos es una combinación de la región de señal de localización de una de dos proteínas con diferentes localizaciones subcelulares y la región codificadora de proteína madura del otro gen;

una combinación de dos dominios proteicos con diferentes funciones biológicas, o

una combinación de dominios proteicos adyacentes del mismo gen.

13. El método de la reivindicación 12, caracterizado por que las diferentes localizaciones subcelulares se seleccionan entre el grupo que consiste en localización nuclear, localización citoplasmática, localización de membrana celular, localización de cloroplasto, localización mitocondrial, y localización de membrana de retículo endoplasmático, o

las diferentes funciones biológicas se seleccionan entre el grupo que consiste en reconocimiento de secuencia conservada de ADN o ARN específica, activación de expresión génica, unión a un ligando proteico, unión a señal molecular pequeña, unión a un ion, reacción enzimática específica, y cualquier combinación de las mismas.

14. El método de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-7 y 11, caracterizado por que la combinación de elementos génicos y dominios proteicos es una combinación de dominios proteicos y promotores adyacentes, 5'UTR, 3'UTR o terminadores del mismo gen.

15.10. Un método de edición para aumentar el nivel de expresión génica de un gen endógeno blanco en un organismo, que es independiente de un fragmento de donante de ADN exógeno, que comprende las siguientes etapas:

generar simultáneamente rupturas de ADN por separado en sitios seleccionados entre el promotor y la región codificadora de cada uno del gen endógeno blanco y un gen endógeno de alta expresión ~~opcional~~; ligar las rupturas de ADN entre sí por medio de unión de extremos no homólogos (NHEJ) o reparación homóloga, generando de ese modo una fusión *in vivo* de la región codificadora del gen endógeno blanco y el promotor endógeno fuerte ~~opcional del gen de alta expresión~~ para formar un nuevo gen endógeno de alta expresión, en donde el gen endógeno blanco y el gen endógeno de alta expresión ~~opcional~~ están localizados en el mismo cromosoma o diferentes cromosomas.

y en el que el método dé lugar a eventos de inversión o duplicación por duplicación de los fragmentos entre los blancos del mismo cromosoma, y/o el intercambio de fragmentos cromosómicos

entre los blancos en diferentes cromosomas; y

7

donde el organismo es un animal distinto del ser humano, planta, hongo, bacteria o similares; y
donde el método no es un método quirúrgico o no es un método para tratar una enfermedad en
un animal o ser humano.

7

~~16.~~ El método de acuerdo con las reivindicaciones 1 a 150, donde el organismo es ~~un animal,~~
una planta, ~~una bacteria o un hongo.~~

Con formato: Sangría: Primera línea: 2 car., Sin viñetas ni numeración

~~17.11.~~ El método de edición de acuerdo con la reivindicación 151, ~~el cual es usado para~~
~~knocking-up de la expresión de donde el gen endógeno blanco es~~ un gen de HPPD, EPSPS
o PPO endógeno en una planta, ~~que comprende fusionar la región codificadora del gen de~~
~~HPPD, EPSPS o PPO con un promotor endógeno fuerte de una planta in vivo para formar un~~
~~nuevo gen de HPPD, EPSPS o PPO endógeno de planta de alta expresión, respectivamente.~~

~~18.12.~~ El método de edición de acuerdo con la reivindicación 172, caracterizado por que
comprende las siguientes etapas: generar simultáneamente rupturas de ADN
respectivamente en sitios específicos seleccionados entre el promotor y la región
codificadora de cada uno de los genes de HPPD, EPSPS o PPO y ~~el~~ un gen endógeno de alta
expresión ~~opcional~~, ligar las rupturas de ADN entre sí a través de una ruta de reparación
intracelular, generando *in vivo* una fusión de la región codificadora del gen de HPPD, EPSPS
o PPO y el promotor endógeno fuerte ~~opcional~~ para formar un nuevo gen de HPPD, EPSPS
o PPO de alta expresión, respectivamente.

~~19.13.~~ El método de edición de acuerdo con la reivindicación 172 o 183, caracterizado por que
comprende fusionar la región codificadora del gen de HPPD con un promotor endógeno
fuerte de un arroz, en donde el promotor fuerte es un promotor del gen de ubiquitina2, o

comprende fusionar la región codificadora del gen de EPSPS con un promotor endógeno fuerte
de un arroz, en donde el promotor fuerte es un promotor del gen de TKT, o

comprende fusionar la región codificadora del gen de PPO con un promotor endógeno fuerte de
un arroz o *Arabidopsis*, en donde en el arroz, el promotor fuerte es un promotor del gen de CP12, y
en *Arabidopsis*, el promotor fuerte es un promotor del gen de ubiquitina10.

~~20.~~ Un gen de HPPD aislado de arroz, que tiene una secuencia seleccionada entre el grupo que
~~consiste en:~~

(1) la secuencia de ácido nucleico que se muestra en SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 18 o SEQ ID NO: 19 o una parte de la misma o una secuencia complementaria de la misma;

(2) una secuencia que tiene una identidad de al menos un 75 %, al menos un 80 %, al menos un 85 %, al menos un 90 %, al menos un 95 %, al menos un 98 % o al menos un 99 % con una cualquiera de las secuencias que se definen en (1); o

(3) una secuencia de ácido nucleico capaz de hibridarse con la secuencia que se muestra en (1) o (2) en condiciones rigurosas.

21. Un gen de EPSPS aislado de arroz, que tiene una secuencia seleccionada entre el grupo que consiste en:

(1) la secuencia de ácido nucleico que se muestra en SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 13 o SEQ ID NO: 14 o una parte de la misma o una secuencia complementaria de la misma;

(2) una secuencia que tiene una identidad de al menos un 75 %, al menos un 80 %, al menos un 85 %, al menos un 90 %, al menos un 95 %, al menos un 98 % o al menos un 99 % con una cualquiera de las secuencias que se definen en (1); o

(3) una secuencia de ácido nucleico capaz de hibridarse con la secuencia que se muestra en (1) o (2) en condiciones rigurosas.

22. Un gen de PPO aislado de arroz, que tiene una secuencia seleccionada entre las siguientes:

(1) la secuencia de ácido nucleico que se muestra en SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 25, o SEQ ID NO: 26 o una parte de la misma o una secuencia complementaria de la misma;

(2) una secuencia que tiene una identidad de al menos un 75 %, al menos un 80 %, al menos un 85 %, al menos un 90 %, al menos un 95 %, al menos un 98 % o al menos un 99 % con una cualquiera de las secuencias que se definen en (1); o

(3) una secuencia de ácido nucleico capaz de hibridarse con la secuencia que se muestra en (1) o (2) en condiciones rigurosas.

23. Un ADN que comprende el gen de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 20-22.

24. Un vector de expresión recombinante, que comprende el gen de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 20-22, y un promotor unido operativamente a este.

25. Un casete de expresión que comprende el gen de acuerdo con una cualquiera de las

~~reivindicaciones 20-22.~~

~~26. Un método para producir una planta con un aumento de resistencia o tolerancia a un herbicida, que comprende regenerar una célula huésped de planta modificada por el método de acuerdo con cualquiera de las reivindicaciones 17-19 en una planta.~~

REIVINDICACIONES

1. Un método para crear un nuevo gen en una célula de un organismo sin necesidad de proporcionar una plantilla de ADN foráneo caracterizado por comprender las siguientes etapas:

generar simultáneamente rupturas de ADN en dos o más sitios específicos diferentes en el genoma de la célula, en donde los sitios específicos son sitios genómicos capaces de separar diferentes elementos genéticos o diferentes dominios proteicos, y

las rupturas de ADN se ligan entre sí mediante una unión de extremos no homólogos (NHEJ) o reparación homóloga, generando una nueva combinación de los diferentes elementos genéticos o diferentes dominios proteicos diferente de la secuencia genómica original, creando de ese modo el nuevo gen;

donde el organismo es un animal distinto del ser humano, una planta, un hongo, una bacteria o similares;

donde la nueva combinación es una combinación del promotor de uno de los dos genes con diferentes patrones de expresión y la región codificadora de otro gen;

y en el que el método da lugar a eventos de inversión o duplicación por duplicación de los fragmentos entre los blancos del mismo cromosoma, y/o el intercambio de fragmentos cromosómicos entre los blancos en diferentes cromosomas; y

en el que el método no es un método quirúrgico o no es un método para tratar una enfermedad en un animal o ser humano.

2. El método de acuerdo con la reivindicación 1, caracterizado porque dichos dos o más sitios específicos diferentes están localizados en el mismo cromosoma o en cromosomas diferentes, pueden ser sitios específicos en al menos dos genes diferentes, o pueden ser al menos dos sitios específicos diferentes en el mismo gen, en donde dichos al menos dos genes diferentes pueden tener direcciones de transcripción iguales o diferentes.

3. El método de acuerdo con la reivindicación 1 o 2, caracterizado porque dichas rupturas de ADN se consiguen administrando una nucleasa con propiedad de direccionamiento a una célula del organismo para contactar con los sitios específicos del ADN genómico.

4. El método de acuerdo con la reivindicación 3, caracterizado porque dicha nucleasa con propiedad

de direccionamiento se selecciona entre el grupo que consiste en Meganucleasa, nucleasa de dedos de cinc, TALEN, y sistema CRISPR/Cas.

5. El método de acuerdo con la reivindicación 3 o 4, caracterizado porque la nucleasa con propiedad de direccionamiento está en forma de ADN, o existe en forma de ARNm o proteína, pero no ADN.

6. El método de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 3-5, caracterizado porque las nucleasas con propiedad de direccionamiento se administran a la célula mediante: 1) un método de transfección celular mediada por PEG; 2) un método de transfección celular mediada por liposomas; 3) un método de transformación por shock eléctrico; 4) una microinyección; 5) un bombardeo con pistola génica; o 6) un método de transformación mediada por *Agrobacterium*.

7. El método de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-6, caracterizado porque la combinación de diferentes elementos génicos es una combinación de la región del promotor para 5'UTR de uno de los dos genes con diferentes patrones de expresión y la CDS o región de ARN no codificadora del otro gen, o una combinación de elementos génicos adyacentes del mismo gen.

8. El método de la reivindicación 7, caracterizado porque en la combinación de diferentes elementos génicos, un elemento es un promotor endógeno fuerte del organismo, y el otro es la región codificadora del gen de HPPD, EPSPS, PPO o GH1.

9. El método de acuerdo con la reivindicación 7 o 8, caracterizado porque los diferentes patrones de expresión son diferentes niveles de expresión génica, diferentes especificidades tisulares de expresión génica, o diferentes especificidades de etapa de desarrollo de expresión génica.

10. Un método de edición para aumentar el nivel de expresión génica de un gen endógeno blanco en un organismo, que es independiente de un fragmento de donante de ADN exógeno, que comprende las siguientes etapas:

generar simultáneamente rupturas de ADN por separado en sitios seleccionados entre el promotor y la región codificadora de cada uno del gen endógeno blanco y un gen endógeno de alta expresión; ligar las rupturas de ADN entre sí por medio de unión de extremos no homólogos (NHEJ) o reparación homóloga, generando de ese modo una fusión *in vivo* de la región codificadora del gen endógeno blanco y el promotor endógeno fuerte del gen de alta expresión para formar un nuevo gen endógeno

de alta expresión, en donde el gen endógeno blanco y el gen endógeno de alta expresión están localizados en el mismo cromosoma o diferentes cromosomas,

y en el que el método dé lugar a eventos de inversión o duplicación por duplicación de los fragmentos entre los blancos del mismo cromosoma, y/o el intercambio de fragmentos cromosómicos entre los blancos en diferentes cromosomas; y

donde el organismo es un animal distinto del ser humano, una planta, un hongo, una bacteria o similares;y

donde el método no es un método quirúrgico o no es un método para tratar una enfermedad en un animal o ser humano.

11. El método de acuerdo con las reivindicaciones 1 a 10, donde el organismo es una planta.

12. El método de edición de acuerdo con la reivindicación 11, donde el gen endógeno blanco es un gen de HPPD, EPSPS o PPO endógeno en una planta.

13. El método de edición de acuerdo con la reivindicación 12, caracterizado porque comprende las siguientes etapas: generar simultáneamente rupturas de ADN respectivamente en sitios específicos seleccionados entre el promotor y la región codificadora de cada uno de los genes de HPPD, EPSPS o PPO y el gen endógeno de alta expresión, ligar las rupturas de ADN entre sí a través de una ruta de reparación intracelular, generando *in vivo* una fusión de la región codificadora del gen de HPPD, EPSPS o PPO y el promotor endógeno fuerte para formar un nuevo gen de HPPD, EPSPS o PPO de alta expresión, respectivamente.

14. El método de edición de acuerdo con la reivindicación 12 o 13, caracterizado porque comprende fusionar la región codificadora del gen de HPPD con un promotor endógeno fuerte de un arroz, en donde el promotor fuerte es un promotor del gen de ubiquitina2, o comprende fusionar la región codificadora del gen de EPSPS con un promotor endógeno fuerte de un arroz, en donde el promotor fuerte es un promotor del gen de TKT, o

comprende fusionar la región codificadora del gen de PPO con un promotor endógeno fuerte de un arroz o *Arabidopsis*, en donde en el arroz, el promotor fuerte es un promotor del gen de CP12, y en *Arabidopsis*, el promotor fuerte es un promotor del gen de ubiquitina 10.

LISTADO DE SECUENCIAS

<110> QINGDAO KINGAGROOT CHEMICAL COMPOUND CO., LTD.

<120> Método para editar un gen en una célula de un organismo.

<130> 15500.0007-00000

<140> US 17/264,367

<141> 2020-11-05

<150> CN 201911073406.1

<151> 2019-11-06

<150> CN 202011190279.6

<151> 2020-10-30

<160> 98

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 4439

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> gene

<222> (1)..(4439)

<223> Arabidopsis thaliana gen PPO (número Genbank secuencia AT4G01690)

<400> 1

gatatattga tgcgtatgt atatcaatgt tgtagctgt aaactgtcca atgaaaatcc 60

atttaatat tggacaaatt attattaggg aaattaatgt aatgtggagt atttatatg 120

aatgtgtat taatgacgac gacctactt gatcccgga gtgtgtatta attaatcgc 180

gggtcatcgc tgtccacacg gttgggttca tgcgtacgtg gtatttgctg gcaagtggca 240

gtgaagttc ttgttgata ctgtatgtc cattcatgtc ttccctaga tgcattgttc 300

ttctatttt atatattaat attttttgt tttcttatt atgttttct tcccttgtg 360

aggagaataa ttgcgatacg attatttgtt ttaacagaaa aaagtgaagc gaaaaagatg 420

attcgaagtt tgaagtacga taaaatttt tcttttccg gatccgagtt tgatcttct 480

tagaaacaaa aattatattt gtttagaaag tctgtcagtt gggttttggc ccaattgatt 540

tacctggtag tcagaaatgt aagtacctg actaccctg acattagtca gaaaacattc 600

taaactcgag ataaacactg tggtagttct ttagaaagaa gtcgactcta aagtactttg 660

gcgtaaaaca aaaaaatttc ccttgaaatt atactttatt tgttgacat aaatgtttca 720

aatataatct tctttaatc aatgtagtta aattttttg atagaagcac gtcagaattt 780

cacactagta atgtataagt ggtaatcatc attgcctaaa acaatgatta attaaaattt 840

tagaattcgt cgtcgacaaa gaatttttct tatgatgaag gttttgtgca taattatgaa 900

cggatccatt tatttcactc taactaggaa tagatgttg atgggataca agtgaacacg 960

acacaaagta acaaaaattc atttaacgtc acaaattatt ctcaatcgaa ttcgaagta 1020

tcaagaaaaa gggcaattaa aaacgtaatc tcattatgtc ttgaaatct aaattaaaag 1080

ttgagtttat ttaattatt aatttccttt ttgatgatgt aggggatgac aattgacaac 1140

caatttgatt tgaaagatta acataaatca tttgagcat acatatattg cttaaatcac 1200

accgtttat ctctaaaaac ctccataatt tatacagga aaataaatct agttattgat 1260

atcgccatca aatatttttt tcttaaattg ttttttttg ttgttgtga aaatttaatt 1320

agaaagataa gtggacaacg acgcgagaca aagacacaat cttaggggcc ttgagtaaat 1380

tagggacagc ataaacacat gcactagtcc tgtctttatt taattatgtg gtgtttactc 1440

taatgacgtc gctttgatta accaagtggc cataattaat atatcgatcg aattatataa 1500

ttatcataaa ttgaataag catgttcctt ttatttaaag aggtttaata aagtttgga 1560

ataatggact ttgactcaa actcgattct catgtaatta attaatattt acatcaaaaat 1620

ttggtcacta atattaccaa attaataac taaaatgta atcgcaaat aaaacactaa 1680

ttccaaataa agggtcatta tgataaacac gtattgaact tgataaagca aagcaaaaat 1740

aatgggttc aaggtttgg tatatatgac aaaaaaaaaa aaaggtttgg ttatatatct 1800

attgggccta taaccatgtt ataacaaatt tgggcctaac taaaataata aaataaacgt 1860

aatggtcctt ttatatattg ggtcaaacc aactctaac ccaaaccaa gaaaaagtat 1920

acggtacggt acacagactt atggtgtgtg tgattgcagg tgaatattc tcgtcgtctt 1980

ctccttctt ctgaagaaga ttaccaatc tgaaaaaac caagaagctg acaaaattcc 2040

gaattctctg cgatttccat ggagttatct cttctccgtc cgacgactca atcgcttctt 2100

ccgtcgttt cgaagcccaa tctccgatta aatgtttata agcctcttag actccgttgt 2160

tcagtggccg gtggaccaac cgtcggatct tcaaaaatcg aaggcggagg aggcaccacc 2220

atcacgacgg attgtgtgat tgcggcgga ggtattagt gtctttgcat cgctcaggcg 2280

cttgctacta agcatcctga tgctgctccg aatttaattg tgaccgaggc taaggatcgt 2340

gttgaggca acattatcac tcgtgaagag aatggtttc tctgggaaga aggtcccaat 2400

agtttcaac cgtctgatcc tatgctcact atggtggtaa gttctgaaa caatctgatt 2460

cgtaatact gagaacaatg tatttgtaa ttgttgatt tgggattt gccttctctg 2520

tttatggtta gagtaggtag atagtggttt gaaggatgat ttggtgttg gagatcctac 2580

tgcgccaagg ttgtgttgt ggaatgggaa attgaggccg gttccatcga agctaacaga 2640

cttaccgttc ttgatttga tgagtattgg tgggaagatt agagctggtt ttggtgcact 2700

tggcattcga ccgtcacctc cagtgtgtat tottacgacc ttttagatca atatgatttt 2760

tagggcttta tgttggtaga atctgctcat gttcttagag ttggcaaag gtgacagggt 2820

cgtgaagaat ctgtggagga gttgtacgg cgtaacctcg gtgatgaggt tttgagcgc 2880

ctgattgaac cgtttgttc aggtagagtt atagataaaa cttcatgtga accatttatt 2940

catttagatg tcagcgaatc tgattatcta gcagtttca ttttgttct agtgcaccct 3000

taatgcttta gattttatgc ttttaggtgt ttatgctggg gatcctcaa aactgagcat 3060

gaaagcagcg ttgggaagg ttggaaact agagcaaaat ggtggaagca taataggtgg 3120

tacttttaag gcaattcagg agaggaaaaa cgctccaag gcagaacgag acccgtgagt 3180

aacatcaaac tttctgttg ctgggtctt ttgtccctc atatatatat ttgtaaaaca 3240

actcaacctg cttcttcagg cgctgccaa aaccacaggg ccaaacagtt ggttctttca 3300

ggaagggact tcgaatgttg ccagaagcaa tatctgcaag gtatccagta cttgtctctc 3360

tctattgttg gaagggaaaa gggaaaaact ttcaaatgtt ttctgaaatc tttgcactt 3420

tgacagatta ggtagcaaag ttaagttgtc ttggaagctc tcaggatatca ctaagctgga 3480

gagcggagga tacaacttaa catatgagac tccagatggt ttagtttccg tgcagagcaa 3540

aagtgttgta atgacggtgc catctcatgt tgcaagtggc ctcttgccgc ctctttctgt 3600

aagtttctca ttttgcgaa taggaatttg ctcaaaatc atagattcga caaatatggg 3660

ttctaaatc gtgtgctgca actgttatct tctcaggaat ctgctgcaaa tgcactctca 3720

aaactatatt acccaccagt tgcagcagta tctatctcgt acccgaaaga agcaatccga 3780

acagaatgtt ttagatagtg tgaactaaag gggtttgggc aattgcatcc acgcacgcaa 3840

ggagttgaaa cattaggtat atatcttgta gttataatcg tcaattatgt caaaatgttc 3900

atagaatctt catgctgttg ctgctatttc ttcaggaact atctacagct cctcactctt 3960

ttcaaatcgc gcaccgcccga gaagaatttt gctgttgaac tacattggcg ggtctacaaa 4020

caccggaatt ctgtccaagg taaaaaacag caaacacttg taacacatct ttattcaacc 4080

aagtaaacct aagaactgat agttttcttc tctctctctc tttgttttg attccgcagt 4140

ctgaaggatga gtagtgga gacagtgaca gagatttgag gaaaatgcta attaagccta 4200

attcgaccga tccacttaaa ttaggagtta gggtatggcc tcaagccatt cctcagtttc 4260

tagttggtca cttgatatc cttgacacgg ctaaatac tctaacgtct tcgggctacg 4320

aagggctatt ttgggtggc aattacgtcg ctggtgtagc cttaggccgg tgtgtagaag 4380

gcgcatatga aaccgcgatt gaggtcaaca acttcatgtc acggtacgct tacaagtaa 4439

<210> 2

<211> 3452

<212> DNA

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> genómico

<222> (1)..(3452)

<223> Arabidopsis thaliana gen Ubiquitin10 (número Genbank secuencia AT4G05320)

<400> 2

aaacaagact accaatatga tgaactgatg atttttttt tttttttt ggctcaacaa 60

caaactttcc attcaccat ttatggatac acagtctagc tcaacagagc tttaaccca 120

aattggtaca atagaataca actttagatc ataatttca aaagaaagag attccttagc 180

tattctatct gccactccat ttccttctcg gcttgatgc acaagcataa aatcctcaaa 240

cttgctaagt agatacttta tgtcttggat aattggattg agactgaca agcataactt 300

tcatgtaacc aaagacacaa gttgctgaga atccacctca aaaatgatct tcctataatt 360

gaatcgggat aatgacagca cagcccatct aagagcctcc acttctactt ccagcacgct 420

tcctactttt accacagctc ttgcacctaa ccataacacc ttcctgtat gatcgcaag 480

caccaccct aagccacatt ttaatccttc tgttgccat gcccatcaa agttgcactt 540

aaccaagat tgtggtggag ctcccatgt ttctcgtctg tcccgacggt gttgtggtg 600

gtgctttcct tacattctga gcctctttcc tttaatcca ctcatctgca tcttctgtg 660

tcctactaa tacctcattg gttccaaatt cctcccttt aagcaccagc tcgtttctgt 720

tttccacag cctccaagt atccaaggga ctaaagcctc cacattcttc agatcaggat 780

attctgttt aagatgtga actctatgga ggttgtatg aactgatgat ctaggaccgg 840

ataagtccc ttctcatag cgaactatt caaagaatgt ttgtgtatc attctgtta 900

cattgttatt aatgaaaaaa tattattggt cattggactg aacacgagtg ttaaataatg 960

accaggcccc aaataagatc cattgatata tgaattaaat aacaagaata aatcgagtca 1020

ccaaaccact tgcccttttt aacgagactt gttcaccaac ttgatacaaa agtcattatc 1080

ctatgcaaat caataatcat acaaaaatat ccaataacac taaaaaatta aaagaaatgg 1140

ataatttcac aatatgttat acgataaaga agttactttt ccaagaaatt cactgatttt 1200

ataagcccac ttgcattaga taaatggcaa aaaaaaaca aaaggaaaag aaataaagca 1260

cgaagaattc tagaaaatac gaaatacgct tcaatgcagt gggacccacg gttcaattat 1320

tgccaatttt cagctccacc gtatatttaa aaaataaaaac gataatgcta aaaaaatata 1380

aatcgtaacg atcggtaaat ctcaacggct ggatcttatg acgaccgtta gaaattgtgg 1440

ttgtcgacga gtcagtaata aacggcgtca aagtgggtgc agccggcaca cagagtcgt 1500

gtttatcaac tcaaagcaca aatacttttc ctcaacctaa aaataaggca attagccaaa 1560

aaacaacttg cgtgtaaaca acgctcaata cacgtgtcat ttattatta gctattgctt 1620

caccgcctta gctttctcgt gacctagtcg tcctcgtctt ttcttctct tctctataa 1680

aaacaataccc aaagagctct tcttcttcac aattcagatt tcaatttctc aaaatcttaa 1740

aaactttctc tcaattctct ctaccgtgat caaggtaaatt ttctgtgttc cttattctct 1800

caaaatcttc gattttgttt tcgttcgatc ccaatttcgt atatgttctt tggtttagat 1860

tctgttaatc ttagatcgaa gacgattttc tgggtttgat cgtagatat catcttaatt 1920

ctcgattagg gtttcataga tatcatccga ttgttcaaa taatttgagt ttgtcgaat 1980

aattactctt cgatttgta ttctatcta gatctggtgt tagtttctag ttgtgcgat 2040

cgaattgtc gattaatctg agttttctg attaacagat gcagatctt gttaagactc 2100

tcaccggaaa gacaatcacc ctcgagggtg aaagctccga caccatcgac aacgttaagg 2160

ccaagatcca ggataaggag ggcattctc cggatcagca gaggcttatt ttcgccggca 2220

agcagctaga ggatggccgt acgttggtg attacaatat ccagaaggaa tccaccctcc 2280

acttggctct caggctccgt ggtggtatgc agatttctg taaaacccta acgggaaaga 2340

cgattactct tgagggtggag agttctgaca ccatcgacaa cgtcaaggcc aagatccaag 2400

acaaagaggg tattctccg gaccagcaga ggctgatctt cgccggaaag cagttggagg 2460

atggcagaac tcttgctgac tacaatatcc agaaggagtc caccctcat ctgttctca 2520

ggctccgtgg tggatgcag atttctgta agacgttgac tgggaaaact atcacttgg 2580

aggtggagag ttctgacacc attgataacg tgaaagccaa gatccaagac aaagagggta 2640

ttctccgga ccagcagaga ttgatctcg ccggaaaaca actgaagat ggcagaactt 2700

tggccgacta caacattcag aaggagtcca cactccactt ggtcttgcgt ctgcgtggag 2760

gtatgcagat ctctgtaag actctcaccg gaaagacat cactttggag gtggagagtt 2820

ctgacacat tgataacgtg aaagccaaga tccaggacaa agagggtatc ccaccggacc 2880

agcagagatt gatcttcgcc ggaaagcaac ttgaagatgg aagaacttg gctgactaca 2940

acattcagaa ggagtcacaca cttcacttgg tcttgcgtct gcgtggaggt atgcagatct 3000

tcgtgaagac tctcaccgga aagactatca cttggaggt agagagctct gacaccattg 3060

acaacgtgaa ggccaagatc caggataagg aaggaatccc tccggaccag cagaggttga 3120

tctttgccgg aaaacaattg gaggatggtc gtactttggc ggattacaac atccagaagg 3180

agtcgaccct tcacttggtg ttgcgtctgc gtggaggtat gcagatctc gtcaagactt 3240

tgaccggaaa gaccatcacc cttgaagtgg aaagctccga caccattgac aacgtcaagg 3300

ccaagatcca ggacaaggaa ggtattctc cggaccagca gcgtctcatc ttcgctggaa 3360

agcagcttga ggatggacgt acttggccg actacaacat ccagaaggag tctactctc 3420

acttggctct gcgtctcgt ggtggttct aa 3452

<210> 3

<211> 5159

<212> DNA

<213> Oryza sativa

<220>

<221> genómico

<222> (1)..(5159)

<223> Secuencia de arroz transketolase(TKT) gene(número Genbank
LOC4340025)

<400> 3

catgaaccaa agagtcaaat tcaagatggc gtgctgctct tggctctttg aatgtggcag 60

cagccaggat caatgcatcc taatatatct atgttggcct agtgaatgac taattaaaca 120

caattaaccc cagggatggc cacatgacta ctgatctctt caaactgttt taatttccca 180

tgtcagaatc tacatctgta cgtacaattt aagctctcct tttttttt ttaaaaaaaaa 240

aagacgaggt taaactaact aactaagctt gagcatcttc taatgtagta aggtatataa 300

atcagaagca aaaacaacat caaaactgtt acaaaaaaca gcaaaccata taaataagaa 360

tattccacaa aggtagattc ctgctgaata gattctatgc ccatctgggt ctatcttgtt 420

atttattctc gtgtggctcg gtttcatcat ccatctggc gaatcacaga aaagagcggc 480

ttgcaattta tatttgggtg aaaagaatgg caattttaca tgccaggatc atatacctct 540

gcatctaaaa agttgatttt ttgacccca aattttcaac ataaacatca caatcaacca 600

tggaatgacg ccagaaaaca actgtgacgg cgacgacccc aacatacaca aggagccagg 660

acaatcttta cattattttt atctcttaga aaaaaatatg tcccataaca atttttttt 720

caaaaggctc accagaccac taacaaatag gcgaaaatat cttaataat atccaatcgt 780

ttcctaccct ctccaacgg ccaggatcat ctgtttgcc atatcaacgg tcatggctga 840

tatcctcatc caccaacca cctcaccaca cccatcccca cataaacca gtccatacac 900

gcaaacttaa tcaaaaccac atgtatagct gcagaatata tataacaatt ctatcatata 960

tacatactac aaacttgac tttattatc caagaattga taccattcc agcatcttt 1020

ttaaacctaa ctgtagaatt ttgtgaaagc tacaaaatca gtcaggtaa tgtcatgta 1080

aaacgaacta attctcatca gattagtgtg ctataaacat aagcaaaata tataaagaaa 1140

ttagtaagat cactcctcta tgtgaatatt ttcacacctt tgccaaatat gcataaattt 1200

ttatccaag atgttgcata tacttctcc gtttcacaat gtaagtcact ctagcathtt 1260

ccacatttat attgatgta acgaatctag acagtctaga ttctgtctca gttcattaa 1320

catcaatatg aatgtgggaa atgctagaat gacttacatt gtgaaacgga gggagtactt 1380

acctaggta acatttgta agttttttt attgtgtcat atttcatca ttgttgata 1440

atgtatact ttctttcag tatagactat gtaagtaagt agctatagct tctgttaaaa 1500

caaatgtcag gttttatcta ttatctaaaa acatccaagt taccctctct gttcatatt 1560

ataagtcgtt tattttttc ctaatcaaatt attgtaatt tcgacaaaat ttatagaaaa 1620

aattaacaac atctaagata ttaaattagt ttattaaat ctaagttgta tatatttga 1680

taatatgatt gttgtgtga aaataactaat atattttct acatatttag ttaaactaa 1740

aaaaagttg ataaaattt tttaaaggat ttataatata aaaggaggga gtaacattg 1800

ttaactacaa tataaaaact aatttaaaga tcaaataagt acaataacta cttataaag 1860

attataggtt caataattgc ggcgaagaaa gtgctcctaa tctcaccagc catggcggct 1920

taggatgctg gtccatgcac catgtccacg tccacaccat agccccctcc ttttattgg 1980

ctacgagtcc ccccaaacg ccccccaag tctatacata acccatcca tctcccacc 2040

cacaacctg ccatctccg ctcctctgc caccacacca ctcctctgc catggccgcg 2100

cactccgtc cgccgcgca cgccaccatc gccgcgcgcg cgggtgccgc cgcgccagcg 2160

cccgcgccg cgagcgcct cgggttccg ctcagcgcgc tcgccggccg cggcctccg 2220

tccccgtcc cgctcgccg cggcgcgcca tcggcgtccg cgtcgcgccg ccgccacaac 2280

aaccgcgtg gcgcggcggc ggtcgagacg ctcgagggg aggcggcgac gggggcgctg 2340

ctcgagaagt cggtaaacac gatccggttc ctcgccatcg acgccgtcga gaaggccaac 2400

tcggggcacc ccggcctgcc catgggggtg gcgccatgg ggcacatcct ctacgacgag 2460

gtcatgCGGT acaaccccaa gaaccctac tggTcaacc gcgaccgctt catcctctcc 2520

gccggccacg gctgcatgct ccagTaccgc ctgctccacc tcgccggcta cgacgccgtc 2580

ttggaagcg ctcccatat cccttgctc ctgcatctc tcttcgctt ctcgagttgg 2640

ttggttggg gcggataaat cgggagtagg ttcgtcaag ttcggatct tgtaggtga 2700

agcagtggaa agtgtggatc ttgactgcta ttttgtgtg gcggcttcgt ttttccta 2760

gtaaaagtgt gcacctttc cagtcgtcag agatctgtt agtggaattt aatcttatgt 2820

aatacttcct aggaagatta gttggaagat gctattaagt cgagcaattg ttactgtaa 2880

attctggagt gatcggtgaa gtgttaata tgggtgactt cagtttcaac tgattgttc 2940

atcgagcttg ctgtaactat ggccgcatat tgctgcagga ggaggacttg aagcaattca 3000

ggcaatgggg aagcaagact ccaggccatc ccgagaactt cgagacgccc ggagttgaag 3060

ttaccactgg tctgtcatct caactgaagc tcatagcacc ttaagtTtc tatgctgaa 3120

tacatacaga actgaatgtt tcggtttctt gtttggttc gttctgtagg acctcttggT 3180

cagggtattg caaatgcagt tgggctggcc ctgctgaga agcacctggc tgctcgTtc 3240

aacaagcccg acagcgagat tgtgatcac tacacgtaat ttttttta tcatgaatac 3300

cttagtttt cacttagtt atggtggtgc aacctggta acatgattca tggattttgt 3360

gcagctactg tattttggga gatgggtgcc agatggaggg tatctcaat gaagcttgct 3420

cgttggtgg ccattggggg ctgggaagc tgattgcatt ctatgatgac aaccacatt 3480

ccattgacgg agacacagag attgcattca ctgaggatgt gagtgctcg tttgaggctc 3540

ttgggtggca tacaatctgg gttaagaatg gaaacgatgg ctatgatgag attcgtgccg 3600

ccattaagga agcaaaggcg gtaactgaca agccaacact aatcaagggt agattcctgt 3660

acattctgtt atgctgtgtt ttgttataga gcttatcata ttagccaaa atgtactctt 3720

ttaggtgac caccacaatc ggtttggat cacccaacaa ggccaactca tacagcgctc 3780

acggaagtgc ttgggtacc aaagagggtg aagcaaccag agagaacctt ggatggccct 3840

atgagccatt cttgtgcct gaggatgtga agaggttgt ctattgtgt tttggtatc 3900

tgaatgagat gttgaaattt catagcactc acctatggt ttattgcat gggctgttac 3960

agccactgga gccgccatgt gcctcaaggt gctgctttg aggctgactg gaatgctaag 4020

ttcgccgagt atgagaagaa gtaccagaa gatgcagcga cctgaagag cattgtctca 4080

ggggagttgc ctgctggctg ggctgacgct ctctctgtaa gtcttttacc attctactc 4140

ataacatttg agctggtatg tgaatgatga cattctaag gtagattact tgattgtac 4200

agaaatacac tccagagagc cctgcagatg ccaccaggaa tctgtcacag cagtgcctaa 4260

acgcacttgc taaagtgtt cctggcttc ttgaggaag tgctgatctt gcatcctcca 4320

acatgacatt gcttaagatg ttgggtgact tccagaagga tacgcctgag gagcgcaatg 4380

tccgatttgg agtcagggag catggaatgg gcgccatttg caacggcatt gctctgcaca 4440

gccaggact cattccatac tgtgctactt tctttgttt cactgattac atgagagctg 4500

ccatgaggat ctacgccttg tgtgaagccg gagttatcta tgttatgacc catgactcta 4560

ttggtcttgg agaagatggg ccaacccatc agcccattga gcacttgggt agcttccgtg 4620

cgatgcccac cattctgatg ctctgcctg ctgatggtaa cgagactgct ggggcataca 4680

aaatcgcggc cctcaacagg aagaggccat ccgtccttgc tctctccagg caaaagcttg 4740

ctcagctgcc tggtaacctg attgaggggt ttgagaaggg tgggtacatc gtctctgaca 4800

actcaactgg caacaagcct gacttcattg tgatgagcac tggctctgaa ctagagattg 4860

tcgccaaggc tgctgatgag ttgaggaagg aggggaagac tgtccgtgtc gtgtcatttg 4920

tttgctggga gcttttcgat gaacagtcgg ctgagtacaa ggagagtgtt ctccctgagg 4980

ctgttactgc aagagtcagc cttgaagcag ggtctactct tggatggcag aagtacgtcg 5040

gaagcaaagg caaggctatt ggcatcgaca aattcgggtgc aagtgtcctt gctggaaaga 5100

tctaccagga gtatggcatc accgcggaga acgtcatcgc aacagcaaag agcctgtaa 5159

<210> 4

<211> 5164

<212> DNA

<213> Oryza sativa

<220>

<221> genómico

<222> (1)..(5164)

<223> Gen arroz EPSPS (número GenbankLOC4340026)

<400> 4

gctgggtagc cttcaaagc cccaaaagat tgggtcgggt ctctcttcg gctctcgtcg 60

gtggctgctt cccacaaaga ccgccatcag acgtgaatga actgcaagtc tgcaactacg 120

actccagttg ctatcccctt aaattacttt actactacct ttattctaag ggccgggtcg 180

gataattgcc aaaatcaatc gtaccaaatt ttaataatat taggatgaaa taaatatgtt 240

gcgccaaaat ttctactgt tactgaaatt tgtaacaaa ctaaacacaa ccgtatattt 300

atcaatttta ccaaatagtg gtatggttta aaatgacatt aatctaaata ggtcctgaaa 360

tataaaaatg caccaacat caatgcatgc agttacattc caaagtctc ctaggacaca 420

tatgccatat attttcgatg gatagcctta atgtctgact actctcttca tcgcaacaaa 480

tctaataata tacaaatctg aataggagct tatataaata tatagtagta gaatatgtca 540

taatattaca gtggtattcc atattggatt tgttgattat agaacgacga aagtatgcgt 600

taacttaca gggtgtttac attatgacga aatgaagaga aggaacgcac ctactgcgaa 660

gagctcaaca actacttctt ccaaatttcc actcaccaac tgatcaccac caattcactt 720

gtgcagtgcc acctacccaa ttctattcca gtggcgtggt acgtagggtc cgcattgcag 780

tgtgacaatc gtacggactg ccatgtgtat tgtgttcagg taggtgcact ggtcgtggtc 840

tcaccatctc tctccagtc gtacggcgcc acgtaggcag tacacgtaga cggccttctt 900

cctcctccct cgagttgagt tggttggtga gagtgagaca ccgacggaac ggaaggagaa 960

ccacgccgct tggattttt tttttacct ttcaaattt taatttaaaa aataaaacca 1020

ttttaaaaac ttatttcaa atacaaatct tttaaaaaca ctaacacgtg acacacagcg 1080

ggcacgtcac ccaaacgggc gtgacaatat tgttttgcca caccaatcca gctggtgtgg 1140

acaaaatgtt catatattga aaataaaatt taaaacaatt tatattttt atctatatca 1200

ttataaaaat tgaagatgtt ttaccggta tttgttact catttggtca tgagtcggtt 1260

tttaagtttg ttcgcttttg gaaatacata tccgtatttg agtatgttt taagttcggt 1320

cgtttttga aatacaaaaag gaatcgtaaa ataatctat tttaaaaaac tcgcatgcta 1380

acttgagacg atcgaactgc taattgcagc tcataatttt ccaaaaaaaaa atatatccaa 1440

acgagttctt atagtagatt tcaccttaat taaaacatat aaatgttcac ccggtacaac 1500

gcacgagtat ttftataagt aaaattaaaa gtttaaaata aataaaaaatc ccgccaccac 1560

ggcgcgatgg taaaaggggg acgcttctaa acggggccggg cacgggacga tcggccccga 1620

acccggccca tctaaccgt gtagggccac cgcccaccaa tccaactccg tactacgtga 1680

agcgtggat ccgcaaccgg ttaagcagtc cacacgactc gactcgactc gcgcactcgc 1740

cgtagtaggt ggcaaccctt ctctctctc tattcttct tcttctccc ttctccgct 1800

caccacacca accgcaccaa cccaacccc gcgcgcgctc tcccctctcc cctcccacca 1860

acccacccc atctcccgga cctccacgcc gccggcaatg gcggcgacca tggcgtccaa 1920

cgccgaggct gcggcgggcg tgcctctgga ccaggccgtg gcggcgctcg cggcgttctc 1980

gtcgcggaag cagctgcggc tgcccgcgc gccgcgcggg gggatgcggg tgcgggtgcg 2040

ggcgcggggg cggcgggagg cgggtggtgt ggcgctccgc tcgtcgtcgt cgggtggcagc 2100

gccggcggcg aaggcggagg agatcgtgct ccagcccatc aggagatct ccggggcggt 2160

tcagctgcca gggccaagt cgctctcaa caggatcctc ctctctccg ccctctccga 2220

ggtgagacgc ggatcccttc ctctgcgtg aattccattt ctggagatga gatttaggg 2280

ggtttattag gtgaggtggc tgtgttgtg aaatcctagg aattatctct caagtcaatc 2340

taacgatgag atataactga ggttctgggt ttaatcacac actcatataa ccaatttatt 2400

gaaacatttt ggttggcat aagaaactgc ttacgaagggt atgatatcct cctacatgtc 2460

aggctactaa atttcacga cggtatgatc cactcaaac aagtttcta acgagtctgg 2520

tgaggctgt tatgaaattt gtgtaaacta aggcaacttt ggaggtttcg cactgtacca 2580

atgttatgtt tgaacatttt gcaagcagtg cttctccca aaattatgca atttgaggc 2640

tcctctacat cattataatt cccaataca ttgctcttta ttctaatag ctttgatcgc 2700

gaaatttaac attttaattc ttgagctgtt atttgtagc atcagtttat catgagccat 2760

gtttggtact aaatatacaa tccctgggt ttattgttt ccaagcatgt cattaactta 2820

tcctaatgtg gacaagaaac tgatgcctgc ttacattgct attatttcaa gcgggtattg 2880

atccttgac atgtgattga tcatttttt ttctctggtt attagggcac aacagtgggt 2940

gacaactgac tgaacagtga ggatgttcac tacatgcttg aggccctgaa agccctcggg 3000

ctctctgtgg aagcagataa agttgcaaaa agagctgtag tcgttggtg tggtggcaag 3060

tttctgttg agaaggatgc gaaagaggaa gtgcaactct tcttgaggaa cgctggaact 3120

gcaatgcgac cattgacagc agccgtgact gctgctggtg gaaatgcaac gtatgtttt 3180

ttttaatg ttatgaaaa tatgtatgga attcatgggg tatgtttat gaccttttc 3240

ttaccatca gttatgtgct tgatggagt ccacgaatga gggagagacc gattggtgac 3300

ttggtgtcg ggtgaaaca acttggtgcg gatgtcgact gttccttg cactgaatgc 3360

ccacctgtc gtgcaaggg aattggagga ctctctggtg gcaaggtag ttactcctaa 3420

actgcatcct ttgtactct gtatgcacct caattcttg tcaacctct gcattataa 3480

ggaacattct atgatgcaat tcgaccttac actgcacagt aactgaaat gttcatgct 3540

taatcaatat gccatattcc tgccaagctc aagcgagcaa tattgtttg aattggtac 3600

catattttg tatattggg cattccttt tggcttgat gtctcttt gaattagcat 3660

ttaactgaat tacactcaac aggttaagct ctctggtcc atcagcagtc agtactgag 3720

tgcttgctg atggctgctc cttggccct tgggatgtg gagatcgaaa tcattgacaa 3780

actaatctcc attccttac ttgaaatgac attgagattg atggagcgtt ttggtgtgaa 3840

ggcagagcat tctgatagtt gggacagatt ctatattaag ggagggcaga agtacaagta 3900

agcttctacc tgccttactg agctgaatta ttcgggtgtt tatgattaac tccctaaact 3960

aacccttttt ctttctttg gcattgacag atctcctgga aatgcctatg ttgaaggatga 4020

tgctcaagc gcgagctatt tcttggtgg tgctgcaatc actggaggca ctgtgacagt 4080

tcaaggttgt ggtacgacca gttgcaggt ataactgtag tgctgtttt gacattctac 4140

cgtttagtca agtttagtca gtagtcacat attcagaata tagcacaatc tgtattatgc 4200

cactgttaat caaatagct tgacctagag agtgctatat accctagctt aatcttcaaa 4260

ctaaacagtt ctctgtggc ttgtgtgct gttatgttcc ctgacctaca tgtaatat 4320

acagggatgat gtcaaatttg ctgaggtagt tgagatgatg ggagcaaagg ttacatggac 4380

tgacaccagt gtaaccgtaa ctggtccacc acgtgagcct tatgggaaga aacacctgaa 4440

agctgttgat gtcaacatga acaaaatgcc tgatgttgcc atgacccttg ccgtgtgtgc 4500

actcttcgct gatgggtccaa ctgctatcag agatggtaaa cattaaggcc tattatacct 4560

gttctatcat actagcaatt actgcttagc attgtgacaa aacaaataac caaactttct 4620

tcaaaataac ttagaaatat aagaaagggt cgtttgtgt ggtaaacagt actactgtag 4680

tttcagctat gaagtttgct gctggcaatt ttctgaacgg ttccagctaa attgcatgtt 4740

tggtcatcat acttatccat tgtctccac agtggcttcc tggagagtaa aggaaaccga 4800

aaggatgggt gcaattcgga ccgagctaac aaaggtaaatt tcattagggt ccgtgtcctt 4860

tcattctca agtagttgt tcataagttg aattctcctt caatgatgtt taaattcatc 4920

atcttctttt ttggtgtgt gccagctggg agcatcggtt gaagaagggt ctgactactg 4980

catcatcacc ccaccggaga agctgaacat cacggcaatc gacacctacg atgatcacag 5040

gatggccatg gccttctccc tcgtgcctg cgccgacgtg cccgtgacga tcagggaccc 5100

tggttgacc cgcaagacct tcccaacta ctctgacgtt ctaagcatt tcgtcaggaa 5160

ctga 5164

<210> 5

<211> 3481

<212> DNA

<213> Oryza sativa

<220>

<221> genómico

<222> (1)..(3481)

<223> Gen arroz ubiquitin2 (número Genbank LOC4328390)

<400> 5

gaaatcaaaa gggaaatgca ccatcttata tctccagttt atatgaacag attggataag 60

atcataagat caagtgggtt atattatctt gaggaatata acatggattc atcctaata 120

ctcgtctagg cagtatgtgt attcatgatg gatatggtag tatactacgg agtttttct 180

tcacaaaata acctgttatt ttgacctcca accaaacacg aattatacca aaaattgggt 240

tatttcattc atagtacaac tctattataa acatgcagta aattatccta cacatatacc 300

aaaattcaag tgtaataatc ctaatacaca gacttaaaaa acaactatt tcctttttaa 360

gaaaaggaaa accattttt taacggaagg aaaacaaatt cgggtcaagg cggaagccag 420

cgcgccaccc cacgtcagca aatacggagg cgcggggttg acggcgtcac ccggtcctaa 480

cggcgaccaa caaaccagcc agaagaaatt acagtaaaaa aaaagtaaatt tgcacttga 540

tccacctttt attacctaag tctcaatttg gatcacctt aaacctatct ttcaatttg 600

ggccgggttg tggtttgac taccatgaac aactttcgt catgtctaac ttcccttca 660

gcaaacatat gaacctata tagaggagat cggccgtata ctagagctga tgtgtttaag 720

gtcgttgatt gcacgagaaa aaaaaatcca aatcgcaaca atagcaaatt tatctggtc 780

aaagtgaata gatatgttta aaggtagtcc aaagtaaac ttatagataa taaaatgtg 840

tcaaagcgt aattcactca aaaaaaatca acgagacgtg taccaaacgg agacaaacgg 900

catcttctcg aaatttccca accgctcgct cgcccgcctc gtcttcccgg aaaccgcggt 960

ggtttcagcg tggcggattc tccaagcaga cggagacgtc acggcacggg actcctccca 1020

ccaccaacc gccataaata ccagccccct catctcctct cctcgcatca gctccacccc 1080

cgaaaaattt ctccccaatc tcgcgaggct ctgctgctcg aatcgaatcc tctcgcgctc 1140

tcaaggtagc ctgcttctcc tctcctcgct tcgttcgat tcgattcgg acgggtgagg 1200

ttgtttgtt gctagatccg attggtggtt aggggtgtcg atgtgattat cgtgagatgt 1260

ttaggggttg tagatctgat ggttgatgatt tgggcacggt tggttcgata ggtggaatcg 1320

tggttaggtt ttgggattgg atgttggttc tgatgattgg ggggaatttt tacggtaga 1380

tgaattgttg gatgattcga ttggggaaat cgggtgtagat ctgttgggga attgtggaac 1440

tagcatgcc tgagtattg gtgcgatttg tagcgtgttc catctttag gccttggtgc 1500

gagcatgttc agatctactg ttccgctctt gattgagtta ttggtgcat gggttggtgc 1560

aaacacaggc ttaatatgt tatatctgtt ttgtgttga ttagatctg taggtagtt 1620

ctcttagac atggttcaat tatgtagctt gtgcgtttcg atttgatttc atatgttcac 1680

agattagata atgatgaact ctttaatta attgtcaatg gtaaatagga agtcttgcg 1740

ctatatctgt cataatgac tcagtgtact atctgccagt aatttatgct aagaactata 1800

ttagaatatc atgttacaat ctgtagtaat atcatgttac aatctgtagt tcattatat 1860

aatctattgt ggtaattct tttactatc tgtgtgaaga ttattgccac tagttcattc 1920

tacttattc tgaagtcag gatacgtgtg ctgttactac ctatctgaat acatgtgtga 1980

tgtgcctgtt actatctttt tgaatacatg tatgttctgt tggaatatgt ttgctgttg 2040

atccgttgtt gtgtccttaa tctgtgcta gttcttacc tatctgttg gtgattatt 2100

ctgcagatg cagatctttg tgaagacatt gaccggcaag actatcacc tcgaggtgga 2160

gtcctctgac accatcgata atgtcaaggc taagatcaa gataaggagg gcatcccc 2220

ggaccagcag cgtctcatct tcgtggcaa gcagctggag gatggcagga cccttgctga 2280

ctacaacatc cagaaggagt cgaccctca cctgtcctc cgcctccgtg gtggcatgca 2340

gatctttgtc aagactctga ccggcaagac tatcacctt gaggtggagt ctctgacac 2400

catcgacaac gtcaaggcca agatccagga caaagagggc atccccccag accagcagcg 2460

tctcatcttc gccggcaagc agctggagga tggcaggacc ctgctgact acaacatcca 2520

gaaggagtcc accctccacc ttgtcctccg cctccgtggt ggcatgcaga tctttgtcaa 2580

gacactgacc ggcaagacca tcaccctcga ggtggaatct tctgacacca tcgacaacgt 2640

caaggccaag atccaggaca aggagggcat tccccggac cagcagcgtc tcattttgc 2700

cggcaagcag ctgaggacg gcaggaccct tgctgactac aacatccaga aggagtcaac 2760

gcttcacctt gtcctccgtc tcaggggagg catgcaaac ttcgtgaaga ctctgaccgg 2820

caagaccatc accctcgagg tggagtcttc tgataccatc gacaatgtca aggccaagat 2880

ccaggacaag gagggcattc ccccggaaca gcagcgcctc atcttgctg gcaagcagct 2940

ggaggatggc aggacccttg ctgactaaa catccagaag gaggccccc tccacctgt 3000

gctccgcctt cgtggtgga tgcatctt tgtaagacc ctacaggca agaccatcac 3060

cctggagggt gagagctcg acaccatga caacgtcaag gccaagatcc aggacaagga 3120

gggcatcccc ccagaccagc agcgtctcat ctgcgcggc aagcagctcg aggatggccg 3180

cacctcgcc gactacaaca tccagaagga gtctaccctc cacctggtgc ttcgtctccg 3240

tggtggtatg cagatcttcg tgaagacct gactgggaag accatcactt tggagggtga 3300

gagctccgac accattgata atgtgaaggc caagatccag gacaaggagg ggattcccc 3360

agaccagcag cgtctgatct tcgtggcaa gcagctggag gatggacgca cctcgccga 3420

ctacaacatc cagaaggagt ccacctcca cctggtgctc cgctccgtg gtggtcagta 3480

a

3481

<210> 6

<211> 3166

<212> DNA

<213> *Oryza sativa*

<220>

<221> genómico

<222> (1)..(3166)

<223> Gen arroz HPPD (número Genbank LOC4328425)

<400> 6

aaatggtatt gtttagaagt ttagaaaacg ttctgccgga cggaatggtt ccatccctta 60

aaaaaggacg ctgtttcaaa ttcgaaaaaa agaagagcca tcacgataac cagacgggta 120

ctgacgattt tgccgaaggt gattatcgat ggtcagtcac caaagtataa accctgctta 180

gcggtaataa acacttgatg ttttacgtaa aatcttttga aacttagacg gccaacgact 240

atcaaaaatat ttacatcgaa atcatgaaaa aatgttgtgt tcatttgtct ttgcaaataa 300

tttcaaggcc tcataaactt attttaatac aaaataatgg ctaacgtcac actaaatcaa 360

aatccaatat caaatgcttt taaggaagca gtagagatat cttcaattga gattttgact 420

gtttgagaca gctcattcta ccgcttttca tatgtctatc gagaccgagg taatatatgt 480

ggcacaaaac gtttagaga agtgaatga aaaacactac catccatcca ttgcaataa 540

gaaaatcctc cattactact cccccgatt ctaatatagat aacactatca attttaaaa 600

atatatattt atcattcatc taattaagga atataattat cttttattt ttaacttgg 660

tttatcatta aaaacacttt taaatatgac ttatatattc ttatgtttac acatgtttt 720

aaaataaaaac aaatgattga acatataatc acctagtaaa aacaagagct ttactccaag 780

ttaccacaaa attgtttcc ccttcctct aaaaatcaga acagtcacca acttttctca 840

aaaaaaaaa aagtaacaaa ctcatcagct tcacaaattc accagcagcc aaggcaacca 900

gcaccagagg acaaatcccg tccgcaacca ctgacttag cgtccacgtg gcgccatctc 960

ctccctttat ttaaccccc accaccaact cctccccca cgccgccact gtcattccact 1020

ccccacacc ccacgacgcg ccacgccacg ccgcgccgcg ccgcgccatg cctccactc 1080

ccacccccac cgccaccacc ggcgccgtct cggccgctgc ggcggcgggg gagaacgcgg 1140

ggttcgcct cgtcgggcac cgccgctcg tccgcgcaa cccgcggagc gaccggttc 1200

aggcgctgc gttcaccac gtcgagctct ggtgcgccga cgccgcgtcc gccgcgggcc 1260

ggttcgcctt cgccctgggc gcgccgctcg ccgccaggtc cgacctctcc acggggaact 1320

ccgcgcacgc ctccctctc ctccgctccg cctccgtcgc gttcctcttc accgccccct 1380

acggcggcga ccacggcgtc ggcgcggacg cggccaccac cgctccatc ccttccttct 1440

ccccaggcgc cgcgcggagg ttgccgcgg accacggcct cgcggtgcac gccgtggcgc 1500

tgcgcgtcgc cgacgcggcc gacgccttc gcgccagcgt cgcggccggt gcgcgcccgg 1560

cgttcagcc cgccgacctc ggcggtggct tcggcctcgc ggaggtggag ctctacggcg 1620

acgtcgtgct ccgcttcgtc agccaccgg acggcgccga cgcgcccttc ctccggggtt 1680

tcgagggcgt cagcaaccgg ggcgccgtgg actacggcct ccgccggttc gaccacgtcg 1740

tcggcaacgt gccggagctc gctccggtag ccgcgtacat ctccgggttc accgggttcc 1800

acgagttcgc cgagttcacc gccgaggacg tgggcaccgc cgagagcggc ctcaactcgg 1860

tggtgctcgc caacaacgcg gagaccgtgc tgctgccgct caacgagccg gtgcacggca 1920

ccaagcggcg gagccagata cagacgtacc tggaccacca cggcggccccg ggggtgcagc 1980

acatcgcgct ggccagcgac gacgtgctcg ggacgtgag ggagatgcgg gcgcgctccg 2040

ccatgggcgg cttcgagttc ttggcggcgc cgccgcccga ctactacgac ggcgtgcggc 2100

ggcgcgccgg ggacgtgctc tcggaggagc agatcaacga gtgccaggag ctcggggtgc 2160

tcgtggacag ggatgaccag ggggtgttgc tccagatctt caccaagcca gtaggagaca 2220

ggtaaaatcc tcacctctt catgatgaaa atggcttatg aattcagatt tgcagttatt 2280

tgttggcaca tagcatcgat taggcgcaga aagggtgcaa gcattatgaa attaaccag 2340

aatgcttgaa taatacagta taatatatga tagtgagctc tgtgatactc catggatact 2400

ctttatgtgt ctccatgaat ccatgatgcg cttttctgaa gattgtgaca ctagaaaggg 2460

aataaagctg aatgtgcata ggaaaaaaat gaaaagccaa tgtgtgtctg ttatgcctt 2520

cttgcaagca tatcccagtt ctttttgcc ggcatgttgt aatgcagata gccagccaca 2580

tatagctact taattagtga gtactccctc tcacaatgta agtcattcta gtattttcca 2640

cattcatatt gatgctaate tatctagatt cattagcatc aatatgaata tgggaaatac 2700

tagaatgact tacattgtga aacggaggaa gtattactta ctacatctaa ggtccatgga 2760

ttccttttt tacaaaagaa agaaagaatc ttatggcaac tocatcagca taaaccagca 2820

atgtgctgg gaacaactta aacttaggt tcaggagggt gtaattgtct ttaagcttaa 2880

tagtctgatt cagtcagtat tctaatttct gctgcatctt tgctattgtt atttcctctc 2940

tgtgactcca aatctaactg gatcagctat ttcactcagg ccaacctttt tcttgagat 3000

gatacaaagg attgggtgca tggagaagga tgagagtggg caggagtacc agaagggcgg 3060

ctgcggcggg ttgggaagg gcaactctc ggagctgtc aagtcattg aggagtatga 3120

gaaatccctt gaagccaagc aagcccctac agttcaagga tcttag 3166

<210> 7

<211> 4311

<212> DNA

<213> Oryza sativa

<220>

<221> genómico

<222> (1)..(4311)

<223> Gen arroz PPO (número Genbank LOC4327918)

<400> 7

caaaaaaaaaat tattcaaaag gaagcaggca gggcagcaca ttgtgaggga atcaggcggc 60

ggcgcacagt tcttccctt ggcaccctcc ttccctcat atgcaatgga ctcaaagg 120

cggctgcagc gtatgccggt ggattaggtt tcgaggggtg atccagtga agcaaagg 180

gtggggtgac ccaaggacgc tgcttcgctc aagtccacat gtgcttcgcc tcaaggccag 240

gatgccgccc ccctactga gactaggtag ctgactgag actaggccgt tgcgcgcgt 300

cggggccgcc cagccgctgc tccaccttg gtcacgctgt cactctatct caaggctggg 360

ccatcgccac tatgcttgaa gccgcactac cgtcccacct caaggccggc accctgtcac 420

tccacctga ggctacctag acgttathtt gtccgctgc tacgccttag agacacccca 480

ctgccgctct acctgggct atgccgtgc tctttctcca aggcgcgctg ctacaactcc 540

gccctgagtc tccatgtgcc tgtgtggaga aaggagaggg aagaaagaaa gaaaggagaa 600

agaagtggga ggaatcacta acatgtgagc tctgtatatt gatttggta gttggattag 660

gtcaacgagc catccaagag aaaacaaccc taaaatcat tgagaaaatc attttaact 720

gtttaatag ttaagagatg aagatatatt tttttata gaaagagatg aagatatccg 780

atatccaata tgataggaat cagaaaacgt atattttga gggagtcaat gcggacttat 840

tcccaccaga aactgcagca tattggacgc agtggttcct tccgcggtag ctgcgccgcg 900

gccacggga atgcgattcc cagccattc cacccttc ccattccggt gggccattcc 960

gaatccaacc aaccaacaa ccatcgaacc cgcacccgca tcgtatccac tctctccag 1020

tctccccgc gctccgcatc ccgcagccgc tcgtcagcga cggacatggc cgccgccgcg 1080

gcagccatgg ccaccgccac ctccgccacg gcagcgccgc cgctccgcat tcgcgacgcc 1140

gcgaggagga cccgccgacg cggccacgtt cgctgcgccg tcgccagcgg cgcgccgag 1200

gcgcccgcgg cgcccggggc gcgggtgtcg gcggactgcg tcgtggtggg cggcggcatc 1260

agcgggctct gcaccgcgca ggcgctggcc acaaagcacg gcgtcggcga cgtgctcgtc 1320

acggaggccc gcgcccggcc cggcggcaac atcaccaccg ccgagcgcgc cggcgagggc 1380

tacctctggg aggagggggc caacagcttc cagccttccg acccgtcct caccatggcc 1440

gtacgtcttc ttgtcccct tctctctga ttctctcgcg gcggagacga catgaatggg 1500

aatggtggtg catggattgg ggcgcgcagg tggacacgcg gctcaaggac gatctcgtgt 1560

tcggggaccc caacgcgccg cggttcgtgc tgtgggaggg gaagctaagg ccggtgccgt 1620

ccaagcccgg cgacctgccg ttcttcgacc tcatgagcat ccccggaag ctcagggccg 1680

gccttggcgc gctcggcgtt cgagcgccac ctccagttg tgtgctctcc ccgctgtgca 1740

ttcttgattc acttgtgaaa ttcgatttg ctgagcgttt ccggcgaagg tttagggggc 1800

gtgaggagtc ggtggaggac ttctgcggc gcaacctcgg cgcgagggtc tttagcgcc 1860

tcattgagcc ttctgctca ggtgtttatt gtagtgtgca attgctgttt tgttttgat 1920

gattcagata agaatacgtt gatttcggtg cttagggtgt tatgctggtg atcctcaaa 1980

gctcagtatg aaggctgcat ttgggaaggt gtggaggctg gaggatactg gaggtagcat 2040

tattgttga accatcaaaa caatccagga gagggggaaa aaccccaaac cgccgaggga 2100

tccgtgagtg agaaattgcc ttctttgttg gattaattgt ccattgtgtt acactgatat 2160

gccttcacca ttttagccg cctccaacg ccaaaggggc agacagttgc atcttcagg 2220

aagggtctga ctatgctccc ggatgctatt acatctaggt ttgttatcat tgtctttgta 2280

atttacctag ttctcaact atggatatta ggtgctgtag attgttcaga tagatgcaca 2340

ttgtacaaca atctaggtag attgattgct atggcttggt gaattaactg ttcacttgc 2400

atcattgcct cagcacatat gaagcatatg gatagattct tcaatcattt atccctcaat 2460

aacacaattt tgacaccagt gcttctcctt ttttcatcc tgcttcatct ggctatccac 2520

aataataatta agcatacaaa agaggcactc ttgatggac aattcatagt gttgtgggtt 2580

aatattcatt tgcatctttt gagggacaat tcgttacacc ctaacatgaa ctagtaatga 2640

ttggggtgct taaccatttg ttctgcatth cctccatttt cagggtgggt agcaaagtca 2700

aactttcatg gaagttgaca agcattacaa agtcagacaa caaaggatat gcattagtgt 2760

atgaaacacc agaaggggtg gtctcgggtc aagctaaaac tgttgtcatg accatcccat 2820

catatgttgc tagtgataic ttgcggccac ttcagtaag ttatatatat ttaattaact 2880

ttctgttccc aaaatacact gcagcacttc attgcttcct gaggtcctcg attcattttt 2940

cggtagacag gaagtagtat tcattgcac ttttaaggg attaatcaa catatccact 3000

ggaaatatac atatcctaca catcctgtca acatactgc taaacagcat ttgtttgag 3060

ttgactggca tctcagcagc caattactat ctttagggga caagccacat tcttaataaa 3120

tcctgtcgga aatcactttt tgattttat agattagtgt tgtcatagaa ttggcttg 3180

tgatctactt ggtaaggta actgattcac aagtcggaca atttctcac caatctagca 3240

gtatgtttaa gtgtgttggt acttaattct aaatgtcctg cgcatggtaa catatcatat 3300

gcaaaaattc ctacgtaacc gaaatttata ctgtaagttt taactgtctt tacactgtta 3360

attttagaca tacttctcc ttgctgttc attgaactg ttccccctt ccacagagt 3420

atgcagcaga tgctctgtca atattctatt atccaccagt tgctgctgta actgtttcat 3480

atccaaaaga agcaattaga aaagaatgct taattgacgg agagctccag ggttcggcc 3540

agctgcatcc gcgtagtcag ggagttgaga ctttaggtac ttataggaat tcaaccttat 3600

tattcttcta acatataaat gaactaatct ttctgtcta gtttgcattt attgtggatt 3660

aagtttggtt atattgttct tacaagttg tggattatt ttgtatagga acaatatata 3720

gctcatcact cttccaaat cgtgctccag ctggaagggt gttactctg aactacatag 3780

gaggttctac aaatacaggg attgttcca aggtatcgct gtcaagttgt ttatttgcg 3840

actatatgat tacagtatcc tgttttcaa ctccagctgc tgtagactg tcataataaa 3900

tctgtacta catgtttgca cactattga ctgcatttaa aaactcagat agcctatatt 3960

tttagtgcc tgctactggg tgtatttcta atgatcccat catgtttgca gactgaaagt 4020

gagctggtag aagcagttga ccgtgacctc aggaagatgc tgataaatcc taaagcagtg 4080

gaccctttgg tccttggcgt ccgggtatgg ccacaagcca taccacagtt cctcattggc 4140

catcttgatc atcttgaggc tgcaaaatct gccctgggca aaggtgggta tgatggattg 4200

ttctcggag ggaactatgt tgcaggagtt gccctgggcc gatgcgttga aggtgcatat 4260

gagagtgcct cacaaatc tgactacttg accaagtacg cctacaagtg a 4311

<210> 8

<211> 2463

<212> DNA

<213> Oryza sativa

<220>

<221> gene

<222> (1)..(2463)

<223> Gen arroz CP12(número Genbank LOC4325791)

<400> 8

tttaaactgt atttctactt ggactctcct ttcttttct aattttggat ttttttttg 60

aattttgatt aatctcgtat tgggttctta tatggaaaact tctttcaata ttgcttattt 120

tcaattccga atttcagcta tttttaaact gtatttctac ttggactctc cttttctttt 180

tttcttttc ttcgattaat gtgggaattt ctgccccca cagcgaacgt ggtgactatt 240

ttcaaagctg ttttaataat ataatagatt ttattttagg gcctgttcag attgtagcca 300

aaataaacct tatcaaaatt tgacaatacc aaaattttgt caagttgaca atattgccaa 360

aattttggca ggatttctta cgtatttatac aaattttgca acaaactaaa catagatatt 420

ttttggcaa ctttaccaaa aaagttgtat gattgaaaat gacatcaatc tgaacagccc 480

cttagaactt agaactacaa tctgaacagc cccttagaac ttagaactac agtggaatcc 540

atcttggcat atgtacttgg cagggaattt ttttacatt ttattatta aaaaattaca 600

aaatttttt tcgaaaattt acaaactctag acgcctaaca tccttagga gggcgttttt 660

ttaaatcgcc ctctaaagg gcgtaaggg acctaaatgc aaaattttta ttgtattcg 720

aaccctttcc accagtttta attgcttaaa agctaataat gcttatttga cactccaaat 780

aattttaaat gaaaaggtaa taaactacaa agttgtagat ctcacgaga tctatatctt 840

tttataaag ttatctcca tccaatgtcg ttgaaatgt agttctgaga attttttaa 900

ataggttta gatttgtaa cgaatattg gacatctaaa cgatctaaa tgaaagttgt 960

taattacaaa ctgtagatc ttctccagct ctacaattt gatataaact ttaattcat 1020

atggcttat atgatatagt tttaaattgt aaaatcatag aggtagcaag ctatgatga 1080

aaattgtat ttaggtccct aacgccctct ggaaggggta ttgaaaaaa gccctctagg 1140

aggacgtgag gcacgactag atttgtaaatt ttcggaatg aaaaattatt tttaaatt 1200

ttaatcaaaa aatgtaaaaa taaaaaaaaat tctcggcagg gtggcagcat gggcctaagg 1260

cccagtcaac tgtgggccta taagcgacta atccggctgt aactgggcct tgcaagaggc 1320

ttgtctgtt ggtccgaact caggaagtcc aggtgcggg gacaactca aggccatctg 1380

gttccactt ctctaccac ctcaattccg ctctgatcc gagctagctt agtccaatc 1440

taaaaactt acaaagaaag aaccatacgc acctattggg caaatgaaa aataattgc 1500

tactaccaa ataattgag cacctctgca cctgtacact aaataactct gttccacaa 1560

aatagttgag atatctagga cgtttcattt tgtccgttct tcaccaaact ttccatagt 1620

atctcagata tttcgagac cgaaagtgat cttctggcc ttagaccgag ttcactccc 1680

tacaagccat tcttgctgg cacaacacga acctctacat caatttcgta tccaacctga 1740

acttctgcat acatgtacac acccacagtc atctgctcat gttttcacgg tcaaattaa 1800

actgcttctc tcaccttaga ttacccaag ggaaaagaaa aagatctcct ttgccaagtc 1860

cccatttcgc atgaaatata taaaataca gcccacgtgg cacacgacga ttggctgagg 1920

aggcgataag aaacgagtg acgtcgtcga atcctctctc cccttctccc ccaccccacg 1980

gagctatata tatataaacc ccattctctc aatccgtgca acgaacgcct cgtcgcaaca 2040

gtacaaaacg cccacatcac acgcagaaat ccgcatcaac agccagccat ggcgtccacg 2100

ctgaccaacg tcggcctgtc tccccggcg gcggcggtcgt cgtccctcgt taggccggtc 2160

gccggagctg gacgcgtggt gttccccgt gttggccgcg gcgggttcgc ggcggtgagg 2220

gcgagcgggc cggcgacgcc gccggacatc tcggacaaga tgcgggagag catcgacaag 2280

gcgaaggagg cgtgcgcgga ggacacggcg agcggcgagt gcgcggcggc gtgggacgag 2340

gtggaggagc tgagcgcggc ggcgagccac gcgcgcgaca agctcaagga gacctccgac 2400

ccgctcgagg cctactgcaa ggacaacccg gagaccgacg agtgccgcac ctacgacaac 2460

tga 2463

<211> 744

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de duplicación resultante de la transformación del
protoplasto pQY002066

<400> 9

ttcaagtcca taggcgaggc gaccggcccg cggcggacgc ggcgtcggcg caccagagct 60

cgacgtggtg gaacgcgagc gcctggaacc ggtcgctccg cgggttggcg cggacgaagc 120

ggcggtgccc gacgaggcgg aaccccgct tctccccgc cgccgcagcg gccgagacgg 180

cgccggtggt ggcggtgggg gtgggagtgg gaggcattgg gcggcgcggc gcggcgtggc 240

gtggcgctc gtggggtgtg ggggagtgga tgacagtggc ggcgtggggg gaggagtgg 300

tggtgggggg ttaaataaag ggaggagatg gcgccacgtg gacgctaagt ctagtgttg 360

cggacgggat ttgtcctctg gtgctggtg cctggcaga taggtaaga actagcaca 420

gattaaggac acaacaacgg atcaaacagc aaacatatc caacagaaca tacatgtatt 480

caaaaagata gtaacaggca catcacacat gtattcagat aggtagtaac agcacacgta 540

tcctgaactt cataaataag tagaatgaac tagtggaat aactttcac acagaacatc 600

tcccttggtt tcaaatatgt agtaacagca cacgtatcct gtacttcaaa acttagtaga 660

atgaactagt ggcagtaatc ttccacacag aaagaatgaa ctagtggaac taatcttca 720

cacagaatgt tgggtgatgg atag 744

<210> 10

<211> 603

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de duplicación resultante de la transformación del
protoplasto pQY002068

<400> 10

caacgtgcct taggcgaggc gaccggcccg cggcggacgc ggcgtcggcg caccagagct 60

cgacgtggtg gaacgcgagc gcctggaacc ggtcgctccg cgggttggcg cggacgaagc 120

ggcggtgccc gacgaggcgg aaccccgctg tctccccgc gccgcagcg gccgagacgg 180

cgccggtggt ggcggtgggg gtgggagtgg gaggcattgc gcggcgggc gcggcggtgc 240

gtggcgctc gtggggtgtg ggggagtgga tgacagtggc ggcgtggggg gaggagtgg 300

tggtgggggg ttaaataaag ggaggagatg gcgccacgtg gacgctaagt ctagtggttg 360

cggacgggat ttgtcctctg gtgctggttg ccttgagat agggtaagaa ctagcacaag 420

attaaggaca caacaacgga tcaaacagca aacatattcc aacagaacat acatgtattc 480

aaaaagatag taacaggcac atcacacatg tattcagata ggtagtaaca gcacacgtat 540

cctgaacttc agaaataagt agaatgaact agtggcaata acttttcccc ccaaaaacct 600

gtc 603

<210> 11

<211> 477

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de reversión resultante de la transformación del
protoplasto pQY002062

<400> 11

gggcggattt cgacggaggg gcggagagga ggaggatcct gttggagagc gacttgacc 60

ctggcagctg aaccgccccg gagatctccc tgatgggctg gagcacgac tcctccgcct 120

tcgccgccgg cgctgccacc gacgacgacg acgcggacgc caccaccacc gcctcccgcc 180

gccccgcgc ccgcacccgc accgcacatc cccgcgcgc gcggcgggc agccgcagct 240

gcttccgcga cgagaacgcc gccgacgccg ccacggcctg gtccagggac accgccgccg 300

cagccgcggc gttggacgcc atggtcgccg ccattgcggt gtggtggcga ggagaggcgg 360

agatggcgag gttgtggggg gggagatggg atgggttatg tatagactg ggggtgcgtt 420

ttggggggac tcgtagccaa taaaaaggag ggggctatgg tgtggccgtt tggacat 477

<210> 12

<211> 670

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de delección resultante de la transformación del
protoplasto pQY002062

<400> 12

tttctgttg aggggcggag aggaggagga tcctgttga gagcgactg gaccctggca 60

gctgaaccgc cccggagatc tccctgatgg gctggagcac gatctcctcc gccttcgccg 120

ccggcgctgc caccgacgac gacgacgcgg acgccaccac caccgcctcc cgccgcccc 180

gcgcccgcac ccgcacccgc atccccccgc gcgccgcggc gggcagccgc agctgcttcc 240

gcgacgagaa cgccgccgac gccgccacgg cctggtccag ggacaccgcc gccgcagccg 300

cggcgttgga cgccatggtc gccgccattg gacgagtcgg aatcgagac cgataccagg 360

atcttgccat cctatggaac tgccctggtc catggccgcg cactccgtcg ccgccgcgca 420

cgccaccatc gccgcgcgcg cgggtgccgc cgcgccagcg cccgcgccgc cggagcgcct 480

cgggttcgca ctcagcgcgc tcgccggcgc cggcctccgc tcccgcctcc cgcctcgccg 540

cggcgcgcca tcggcgccgc cgtcgcgcgc ccgccacaac aaccgcgtgc gcgcggcggc 600

ggtcgagacg ctcgaggggc aggcggcgac gggggcgctg ctcgagaagt cggaacccc 660

cgaatcaaaa 670

<210> 13

<211> 777

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de reversión resultante de la transformación del
protoplasto pQY002093

<400> 13

gaacgatgca agccccacgc tcgaccgccc ccgcgcgcac gcggttggtg tggcggcggc 60

gcgacgcgga cgccgatggc gcgccgcggc gaggcgggag cggggagcgg aggccgcggc 120

cggcgagcgc gctgagggcg aacccgaggc gctccggcgg cgcgggcgct ggcgcggcgg 180

cacccgcgcg cgcggcgatg gtggcgtgcg cggcggcgac ggagtgcgcg gccatggcga 240

gaggagtgga tggcacctg actaccggtc ccctcaaact ggtttaattt cccctggcaa 300

aatccacctc cggacctaca atttaagctc ccctttttt ttttaaaaaa aaaaaaaaaag 360

agggtaaacc aactaaccta gcttggaact ttttaatgg agtaagggaat ttaaacaaca 420

aacaaaaaaaa aaatccaaac tggtaaaaaa acaaacaaac catttaaata aaaattttcc 480

ccaaagggaa attcctggcg aaaaaaatct atgccctct gggctatct tggatatttt 540

tccccggggc tccgtttcat ccttcatttt ggcgaataca aaaaaaacg tttgaatttt 600

tttggttga aagaatggca atttactggc caggatcatg tactctgcat ctaagaattg 660

atttttgac cccaaatttc aacttagcct ccacgcagc agtgcgcaca cacaggctga 720

aggtgactct tagaccaat gtcactatct cagcaatatg cagagagaat gacccaa 777

<210> 14

<211> 635

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de delección resultante de la transformación del
protoplasto pQY002093

<400> 14

```
agaacgatgc gcagcctcgg cgtctcgacc gccgccgcgc gcacgcggtt gttgtggcgg      60
cggcgcgacg cggacgccga tggcgcgccg cggcgaggcg ggagcgggga gcggaggccg      120
cggccggcga gcgcgtgag gcggaacccg aggcgctccg gcggcgcggg cgctggcgcg      180
gcggcacccg cgcgcgcggc gatggtggcg tgcgcggcgg cgacggagtg cgcggccatg      240
gcgagaggag tgtggtgggt acccttcaa acccccaaaa gagtgggtcg ggtctctctt      300
tcggtctcgc gcgggggctg ctcccacaa agaccgccat cagacgtgag tgaactgcaa      360
gtctgcaact accactccag gtgctctccc cttaaattac ttactacta cctttattct      420
aggggccggt tcagataatt gccaaaatca ctgcaccat ttttaataa tattaggatg      480
aaatatatat gtcgcgcaa attttctac tgttactgaa atttgacac aaactacaca      540
ccaccgtata ttatctttt ttaccaaata ggggtatggt taaaatgac ttaatactaa      600
ataggccctg aaatataaaa gcgccccacc cctca                                635
```

<210> 15

<211> 652

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de reversión resultante de la transformación del protoplasto pQY002095

<400> 15

tttgagtaga ctgccggcg cgctcggcgg tggtagtgt gccgccggg cgggcgcggg 60

cctccgtgac gagcacgtcg ccgacgccgt gctttgtggc cagcgctgc gcggtgcaga 120

gcccgtgat gccgccgcc accacgacgc agtccgccga caccgcgcc ccgggcgccg 180

cgggcgctc ggccgcgcc ctggcgacgg cgacgcaac gtggccgct cggcgggtcc 240

tcctcgggc gtcgcaatg cggagcggcg gcgctgccgt gccggagggt gcggtggcca 300

tggctcggc ggcgcgggc atgtccgtcg ctgacatgcg gatttctgcg tgtgatgtg 360

gcgttttag ctgtgcgac gaggcgttcg ttgcacggat tgaagagatg gggtttatat 420

atatatagct ccgtggggtg ggggagaagg ggagagagga ttcgacgac tgactcgtt 480

tcttatgcc tcctcagcca atcgtcgtgt gccacgtggg ctgtatttg agatattca 540

tgcgaaatgg ggacttgga aaggagatct tttctttc ccttgggtga atctaagggt 600

agagaagcag ttttaattg accgtgaaaa catgagccaa aaggaaaaaa gg 652

<210> 16

<211> 506

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de delección resultante de la transformación del
protoplasto pQY002095

<400> 16

acgcgtgggt ctccggtag ctgcgccgc gccacggga atgcgattcc cagcccattc 60

cacccccttc ccattccggt gggccattcc gaatccaacc aaccaaccaa ccatcgaacc 120

cgcacccgca tcgtatccac tcctctccag tctccccgcc gctccgcac cgcagccgc 180

tcgatgcgga ttctgcgtg tgatgtgggc gttttagct gttgcgacga ggcgttcgtt 240

gcacggattg aagagatggg gtttatatat atatagctcc gtgggggtggg ggagaagggg 300

agagaggatt cgacgacgtg cactcgtttc ttatcgctc ctcagccaat cgtcgtgtgc 360

cacgtgggct gtatttgag atattcatg cgaaatgggg acttggaac ggagatcttt 420

ttctttccc ttgggtgaat ctaaggtgag agaagcagtt ttaattgac cgtgaaaaca 480

tagcccagaa tgacaaaata accttt

506

<210> 17

<211> 614

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de reversión resultante de la transformación del
protoplasto pQY002098

<400> 17

gcatcgccg gccgtcggcg gtggtgatgt tgccgccggg gcgggcgcgg gcctccgtga 60

cgagcacgtc gccgacgccg tgctttgtgg ccagcgcctg cgcggtgcag agcccgtga 120

tgccgccgcc caccacgacg cagtccgccg acaccgcgc cccgggcgcc gcgggcgcct 180

cggccgcgcc gctggcgacg gcgcagcgaa cgtggccgcg tcggcgggtc ctctcgcgg 240

cgtcggaat gcggagcggc ggcgctgccg tggcggaggt ggcggtggcc atggctgcgg 300

cggcggcggc catgttgtgg gcgtttgtag ctgttcgcac gaggcgttcg tgcacggat 360

tgaagagatg gggtttatat atatatagct ccgtgggggtg ggggagaagg ggaaagagga 420

ttcgacgacg tgcactcggt tcttatcgcc tctcagcca atcgtcgtgt gccacgtggg 480

ctgtattttg agatatttca tgcgaaatgg ggacttggca aaggagatct tttcttttc 540

ccttgggtga atctaagggtg agagaagcag tttaatttg accgtgaaaa catgagccca 600

aattgacaaa tccc 614

<210> 18

<211> 574

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de duplicación de HPPD en QY2091-1

<400> 18

ggatacgtgt gctgttacta cctatctgaa tacatgtgtg atgtgcctgt tactatcttt 60

ttgaatacat gtatgttctg ttggaatatg ttgctgttt gatccgttgt tgtgtcctta 120

atcttgtgct agttcttacc ctatctgcca aggcaaccag caccagagga caaatcccgt 180

ccgcaaccac tagacttagc gtccacgtgg cgccatctcc tccctttatt taacccccca 240

ccaccaactc ctccccccac gccgccactg tcatccactc cccacacccc cagcacgcgc 300

cacgccacgc cgcgccgcgc cgcgccatgc ctccactcc caccaccacc gccaccaccg 360

gcgccgtctc ggccgctgcg gcggcggggg agaacgcggg gttccgcctc gtcgggcacc 420

gccgcttctg ccgcgccaac ccgcggagcg accggtcca ggcgctcgcg ttccaccacg 480

tcgagctctg gtgcgccgac gccgcgtccg ccgcgggccc gttcgcttc gccctgggcg 540

cgccgctcgc cgccaggctc gacctctcca cggg 574

<210> 19

<211> 551

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de duplicación de HPPD en QY2091-20

<400> 19

aggatacgtg tgctgttact acctatctga atacatgtgt gatgtgcctg ttactatctt 60

tttgaatata tgtatgtctt gttggaatat gtttgctgtt tgatccgttg ttgtgtcctt 120

aatcttgttc aaggcaacca gcaccagagg acaaatcccg tccgcaacca ctagacttag 180

cgtccacgtg gcgcatctc ctccctttat ttaaccccc accaccaact cctccccca 240

cgccgccact gtcattcact cccccacacc ccacgacgcg ccacgccacg ccgcgccgcg 300

ccgcgccatg cctcccactc ccacccccac cgccaccacc ggcgccgtct cggccgctgc 360

ggcggcgggg gagaacgcgg gggtccgcct cgtcgggcac cgccgctcg tccgcgcaa 420

cccgcggagc gaccgggtcc aggcgctcgc gttccaccac gtcgagctct ggtgcgccga 480

cgccgcgtcc gccgcgggcc gggtcgcctt cgccctgggc gcgccgctcg ccgccaggtc 540

cgacctctcc a 551

<210> 20

<211> 155

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de reversión de PPO1 en QY2234-20

<400> 20

tctctctccc ttctcccca cccacggag ctatatatat ataaaccca tctctcaat 60

ccgtgcaacg aacgcctcgt cgcaacagct acaaacgccc acaagcaacg aaggaaatgg 120

gcggccgccg ccgaaccctg ggccccggcc cctcc 155

<210> 21

<211> 447

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de reversión de PPO1 en QY2234-205

<400> 21

cccttctccc ccaccccacg gagctatata tatataaacc ccatctcttc aatccgtgca 60

acgaacgcct cgtcgcaaca gctacaaacg gacatggccg ccgccgccgc agccatggcc 120

accgccacct ccgccacggc agcgccgccg ctccgcattc gcgacgccgc gaggaggacc 180

cgccgacgcg gccacgttcg ctgcgccgtc gccagcggcg cggccgaggc gcccgcggcg 240

cccgggggcg ggggtgcggc ggactgcgtc gtggtgggcg gcggcatcgg cgggctctgc 300

accgcgcagg cgctggccac aaagcacggc gtcggcgacg tgctcgtcac ggaggcccg 360

ccccgccccg gcggcaacat caccaccgcc gagcgcgccg gcgagggcta cctctgggag 420

gagggggcca acagcttcca gccttcc 447

<210> 22

<211> 463

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de reversión de PPO1 en QY2234-207

<400> 22

cccttctccc ccacccacg gagctatata tatataaacc ccatctcttc aatccgtgca 60

acgaacgcct cgtcgcaaca gctacaaacg cccacagtca gcgacggaca tggccgccgc 120

cgccgcagcc atggccaccg ccacctccgc cacggcagcg ccgccgtcc gcattcgca 180

cgccgcgagg aggacccgcc gacgcggcca cgttcgtgc gccgtcgcca gcggcgcggc 240

cgaggcgccc gcggcgcccg gggcgcggtg gtcggcggac tgcgtcgtgg tgggcggcgg 300

catcagcggg ctctgcaccg cgcaggcgct ggccacaaag cacggcgtcg gcgacgtgct 360

cgtcacggag gcccgcgccc gcccggcgcg caacatcacc accgccgagc gcgccggcga 420

gggctacctc tgggaggagg ggcccaacag ctccagcct tcc 463

<210> 23

<211> 388

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de reversión de PPO1 en QY2234-580

<400> 23

cccttctccc ccacccacg gagctatata tatataaacc ccatctcttc aatccgtgca 60

acgaacgcct cgtcgcaaca ggtacatggc cgccgccgcc gcagccatgg ccaccgccac 120

ctccgccacg gcagcgccgc cgctccgcat tcgcgacgcc gcgaggagga cccgccgacg 180

cgccacgtt cgctgcgccg tcgccagcgg cgcggccgag gcgcccgcgg cgcccggggc 240

gcgggtgtcg gcggactgcg tcgtggtggg cggcggcatc agcgggctct gcaccgcgca 300

ggcgctggcc acaaagcacg gcgtcggcga cgtgctcgtc acggaggccc gcgcccgcc 360

cggcggcaac atcaccaccg ccgagcgc 388

<210> 24

<211> 417

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de reversión de PPO1 en QY2234-H5-159

<400> 24

cccttctccc ccacccacg gagctatata tatataaacc ccatctcttc aatccgtgca 60

acgaacgcct cgtcgcaaca gctacaaacg gacatggccg ccgccgccgc agccatggcc 120

accgccacct ccgccacggc agcgccgccg ctccgcattc gcgacgccgc gaggaggacc 180

cgccgacgcg gccacgttcg ctgcgccgtc gccagcggcg cggccgaggc gccgcggcg 240

cccggggcgc ggggtgcggc ggactgcgtc gtggggcg gcggcatcag cgggctctgc 300

accgcgcagg cgctggccac aaagcacggc gtcggcgacg tgctcgtcac ggaggccgc 360

gccgccccg gcggcaacat caccaccgcc gagcgcgccg gcgagggcta cctctgg 417

<210> 25

<211> 430

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Sequence of PPO1 reversion in QY2234-H5-232

<400> 25

ccttctcccc caccacagg agtatatat atataaaccc catctctca atccgtgcaa 60

cgaacgcctc gtcgcaacag ctacaaacgc ccgtcagcga cggacatggc cgccgccgcc 120

gcagccatgg ccaccgccac ctccgccacg gcagcggcg cgctccgcat tcgcgacgcc 180

gcgaggagga cccgccgacg cggccacgtt cgctgcgccg tcgccagcgg cgcggccgag 240

gcgccgcgg cggcggggc gcgggtgtcg gcggactgcg tcgtggtggg cggcggcac 300

agcgggctct gcaccgcga ggcgtggcc acaaagcac gcgtcggcga cgtgctcgtc 360

acggaggccc gcgcccggcc cggcggcaac atcaccaccg ccgagcgcg cggcgagggc 420

tacctctggg 430

<210> 26

<211> 424

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Sequence of PPO1 reversion in QY2234-H5-263

<400> 26

ataaacccca tctcttcaat ccgtgcaacg aacgcctcgt cgcaacagct acaaacgccc 60

acagtcagcg acggacatgg ccgccgccgc cgcagccatg gccaccgcca cctccgccac 120

ggcagcgccg ccgctccgca ttcgcgacgc cgcgaggagg acccgccgac gcggccacgt 180

tcgtgcgcc gtcgccagcg gcgcggccga ggcgcccgcg gcgcccgggg cgcgggtgtc 240

ggcggactgc gtcgtggtgg gcggcgccat cagcgggctc tgcaccgcg aggcgctggc 300

cacaaagcac ggcgtcggcg acgtgctcgt cacggaggcc cgcgcccgcc ccggcgggcaa 360

catcaccacc gccgagcgcg ccggcgaggg ctacctctgg gaggaggggc ccaacagctt 420

ccag

424

<210> 27

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia del ARN guía 1 de OsHPPD

<400> 27

gtgctggttg cctggctgc

20

<210> 28

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia del ARN guía OsHPPD2

<400> 28

cacaaattca ccagcagcca

20

<210> 29

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia del ARN guía 3 de OsHPPD

<400> 29

taagaactag cacaagatta

20

<210> 30

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de la ARN guía OsHPPD4

<400> 30

gaaataatca ccaaacagat

20

<210> 31

<211> 58

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia del cebador directo OsHPPD-sgRNA1

<400> 31

atatggtctc gggcgggtgct gggtgccttg gctgcgtttt agagctagaa atagcaag 58

<210> 32

<211> 58

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia del cebador directo OsHPPD-sgRNA2

<400> 32

atatggtctc gggcgacaaa attcaccagc agccagtttt agagctagaa atagcaag 58

<210> 33

<211> 52

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia del cebador inverso OsHPPD-sgRNA3

<400> 33

tattggtctc taaactaatc ttgtgctagt tcttagcttc ttggtgccgc gc 52

<210> 34

<211> 52

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia del cebador inverso OsHPPD-sgRNA4

<400> 34

tattggtctc taaacatctg ttggtgatt atttcgcttc ttggtgccgc gc 52

<210> 35

<211> 21

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de OsHPPDduplicated-primer1-F

<400> 35

cactaccatc catccatttg c 21

<210> 36

<211> 19

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de OsHPPDduplicated-primer6-R

<400> 36

gagttcccccg tggagaggt 19

<210> 37

<211> 22

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de OsHPPDduplicated-primer3-F

<400> 37

tccattacta ctctccccga tt 22

<210> 38

<211> 19

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de OsHPPDduplicated-primer7-R

<400> 38

gtgtggggga gtggatgac 19

<210> 39

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de OsHPPDduplicated-primer5-F

<400> 39

tgtagcttgt gcgttcgat 20

<210> 40

<211> 18

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de OsHPPDduplicated-primer2-R

<400> 40

gggatgccct cttgtcc 18

<210> 41

<211> 23

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de OsHPPDduplicated-primer8-F

<400> 41

tctgtgtgaa gattattgcc act 23

<210> 42

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de OsHPPDduplicated-primer4-R

<400> 42

gggatgccct ccttatcttg 20

<210> 43

<211> 21

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia del cebador directo UBQ5 UBQ5-F

<400> 43

accacttcga ccgccactac t

21

<210> 44

<211> 19

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia del cebador inverso UBQ5 UBQ5-R

<400> 44

acgcctaagc ctgctggtt

19

<210> 45

<211> 22

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia del cebador directo RT-OsHPPD RT-OsHPPD-F

<400> 45

cagatcttca ccaagccagt ag

22

<210> 46

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia del cebador inverso RT-OsHPPD RT-OsHPPD-R

<400> 46

gagaagttgc cctcccaaa

20

<210> 47

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia del cebador directo RT-OsUbi2 RT-OsUbi2-F

<400> 47

cctccgtggt ggtagtaat

20

<210> 48

<211> 18

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia del cebador inverso RT-OsUbi2 RT-OsUbi2-R

<400> 48

gaacagaggc tcgggacg

18

<210> 49

<211> 28

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de cebador directo de la generación T1 de una cepa de arroz resistente a herbicidas con expresión de knock-up del gen endógeno HPPD causada por la duplicación de fragmentos cromosómicos. Cebador 8F

<400> 49

tctgtgtgaa gattattgcc actagttc

28

<210> 50

<211> 26

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de cebador directo de la generación T1 de una cepa de arroz resistente a herbicidas con expresión de knock-up del gen endógeno HPPD causada por la duplicación de fragmentos cromosómicos. Prueba 141-F

<400> 50

ccccttcct ctaaaaatca gaacag

26

<210> 51

<211> 24

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de cebador inversa de la generación T1 de una cepa de arroz resistente a herbicidas con expresión de knock-up del gen endógeno HPPD causada por la duplicación de fragmentos cromosómicos. Cebador 4R

<400> 51

gggatgccct ccttatcttg gatc

24

<210> 52

<211> 25

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de cebador directo de la generación T1 de una cepa de arroz resistente a herbicidas con expresión de knock-up del gen endógeno HPPD causada por la duplicación de fragmentos cromosómicos. Cebador 3F

<400> 52

cctccattac tactctcccc gattc

25

<210> 53

<211> 21

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de cebador directo de la generación T1 de una cepa de arroz resistente a herbicidas con expresión de knock-up del gen endógeno HPPD causada por la duplicación de fragmentos cromosómicos. Cebador 7R

<400> 53

gtgtggggga gtggatgaca g

21

<210> 54

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de cebador inversa de la generación T1 de una cepa de arroz resistente a herbicidas con expresión de knock-up del gen endógeno HPPD causada por la duplicación de fragmentos cromosómicos. pg-Hyg-R1

<400> 54

tcgtccatca cagtttgcca

20

<210> 55

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de cebador directo de la generación T1 de una cepa de arroz resistente a herbicidas con expresión de knock-up del gen endógeno HPPD, causada por la duplicación de fragmentos cromosómicos. pg-35S-F

<400> 55

tgacgtaagg gatgacgcac

20

<210> 56

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia del ARN1 guía OsPPO

<400> 56

ccatgtccgt cgctgacgag

20

<210> 57

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia

<220>

<223> Secuencia del ARN2 guía OsPPO

<400> 57

ccgctcgtca gcgacggaca

20

<210> 58

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia del ARN3 guía OsPPO

<400> 58

gccatggctg gctgttgatg

20

<210> 59

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia del ARN4 guía OsPPO

<400> 59

cggatttctg cgtgtgatgt 20

<210> 60

<211> 58

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de OsPPO1-sgRNA1-F

<400> 60

atatggtctc gggcgccatg tccgtcgctg acgaggtttt agagctagaa atagcaag 58

<210> 61

<211> 58

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de OsPPO1-sgRNA2-F

<400> 61

atatggtctc gggcgccgct cgtcagcgac ggacagtttt agagctagaa atagcaag 58

<210> 62

<211> 55

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de OsPPO1-sgRNA3-R

<400> 62

tattggtctc taaacatca acagccagcc atggcgcttc ttggtgccgc gcctc 55

<210> 63

<211> 55

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de OsPPO1-sgRNA4-R

<400> 63

tattggtctc taaacacatc acacgcagaa atccggcttc ttggtgccgc gcctc 55

<210> 64

<211> 21

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de OsPPOinversion-checkF1 PPO-F1

<400> 64

gctatgccgt cgctcttct c 21

<210> 65

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de OsPPOinversion-checkF2 PPO-F2

<400> 65

cggacttatt cccaccagaa 20

<210> 66

<211> 22

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de OsPPOinversion-checkR1 PPO-R1

<400> 66

gagaagggga gcaagaagac gt

22

<210> 67

<211> 19

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de OsPPOinversion-checkR2 PPO-R2

<400> 67

aaggctggaa gctgttggg

19

<210> 68

<211> 22

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de OsCPinversion-checkF1 CP-F1

<400> 68

cattccacca aactcccctc tg

22

<210> 69

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de OsCPinversion-checkF2 CP-F2

<400> 69

aggtctcctt gagcttgctg 20

<210> 70

<211> 25

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de OsCPinversion-checkR1 CP-R1

<400> 70

gtcatctgct catgttttca cggtc 25

<210> 71

<211> 22

<212> DNA

<213> Comprobación de inversión de OsCP R2 CP-R2 Secuenciaartifial

<220>

<223> Sequence of OsCPinversion-checkR2 CP-R2

<400> 71

ctgaggaggc gataagaaac ga

22

<210> 72

<211> 21

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de cebadores de fluorescencia cuantitativa para la inversión
de PPO1 en plántulas (generación T0) RT-OsPPO1-F

<400> 72

gcagcagatg ctctgtcaat a

21

<210> 73

<211> 22

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de cebadores de fluorescencia cuantitativa para la inversión
de PPO1 en plántulas (generación T0) RT-OsPPO1-R

<400> 73

ctggagctct ccgtcaatta ag

22

<210> 74

<211> 17

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de cebadores de fluorescencia cuantitativa para la inversión
de PPO1 en plántulas (generación T0) RT-OsCP12-F1

<400> 74

ccggacatct cggacaa

17

<210> 75

<211> 17

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de cebadores de fluorescencia cuantitativa para la inversión
de PPO1 en plántulas (generación T0) RT-OsCP12-R1

<400> 75

ctcagctcct ccacctc

17

<210> 76

<211> 21

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de cebadores de plantas de la generación T1 de líneas de arroz
resistentes a herbicidas con expresión de knock-up del gen endógeno PPO1
mediante inversión de fragmentos cromosómicos PPO-F2

<400> 76

cggacttatt tcccaccaga a

21

<210> 77

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de la ARN1 guía de OsEPSPS

<400> 77

ccacaccact cctctcgcca

20

<210> 78

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de la ARN2 guía de OsEPSPS

<400> 78

ccatggcgag aggagtgtg

20

<210> 79

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de la ARN3 guía de OsEPSPS

<400> 79

atggtcgccg ccattgccg

20

<210> 80

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de la ARN4 guía de OsEPSPS

<400> 80

gacctccacg ccgccggcaa

20

<210> 81

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> secuencia de la ARN5 guía de OsEPSPS

<400> 81

tagtcatgtg accatccctg

20

<210> 82

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> secuencia de la ARN6 guía de OsEPSPS

<400> 82

ttgactcttt ggttcattgct

20

<210> 83

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de comprobación de inversión EPSPSF1

<400> 83

atccaagtta cccctctgc 20

<210> 84

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de comprobación de inversión EPSPSR1

<400> 84

cacaaacaca gccacctcac 20

<210> 85

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de verificación de inversión EPSPS-nestF2

<400> 85

atgtccacgt ccacaccata 20

<210> 86

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de verificación de inversión EPSPS-nestR2

<400> 86

aatggaattc acgcaagagg 20

<210> 87

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de comprobación de inversión EPSPSF3

<400> 87

gtaggggttc ttggggttgt 20

<210> 88

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de comprobación de inversión EPSPSR3

<400> 88

cgcatgctaa cttgagacga

20

<210> 89

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de verificación de inversión EPSPS-nestF4

<400> 89

ggatcgtgtt caccgacttc

20

<210> 90

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de verificación de inversión EPSPS-nestR4

<400> 90

ccggtacaac gcacgagtat 20

<210> 91

<211> 23

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de comprobación de inversión EPSPSF5

<400> 91

ggcgtcattc catggtgat tgt 23

<210> 92

<211> 25

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de verificación EPSPSinversion checknestF6

<400> 92

gatagaccca gatgggcata gaatc

25

<210> 93

<211> 22

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de comprobación de inversión EPSPSR5

<400> 93

tgcatgcatt gatggttggt gc

22

<210> 94

<211> 25

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia de verificación de inversión EPSPSnestR6

<400> 94

ccggccctta gaataaaggt agtag

25

<210> 95

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia del ARN1 guía AtPPO

<400> 95

caaaccaaag aaaaagtata

20

<210> 96

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia del ARN2 guía AtPPO

<400> 96

ggtaatcttc ttcagaagaa

20

<210> 97

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia del ARN3 guía AtPPO

<400> 97

atcatcttaa ttctcgatta

20

<210> 98

<211> 20

<212> DNA

<213> Secuencia artificial

<220>

<223> Secuencia del ARN4 guía AtPPO

<400> 98

ttgtgatttc tatctagatc

20

PATENTE AU2022323749

REIVINDICACIONES

1. Un método para crear un nuevo gen en una célula de un organismo sin necesidad de proporcionar una plantilla de ADN foráneo que comprende las siguientes etapas:

generar simultáneamente rupturas de ADN en dos o más sitios específicos diferentes en el genoma de un organismo, en donde los sitios específicos son sitios genómicos capaces de separar diferentes elementos genéticos o diferentes dominios proteicos, y

las rupturas de ADN se ligan entre sí mediante una unión de extremos no homólogos (NHEJ) o reparación homóloga, generando una nueva combinación de los diferentes elementos genéticos o diferentes dominios proteicos diferente de la secuencia genómica original, creando de ese modo el nuevo gen;

donde la nueva combinación es una combinación del promotor de uno de los dos genes con diferentes patrones de expresión y la región codificadora de otro gen;

y en el que el método da lugar a eventos de inversión o duplicación por duplicación de los fragmentos entre los blancos del mismo cromosoma, y/o el intercambio de fragmentos cromosómicos entre los blancos en diferentes cromosomas; y

2. El método de acuerdo con la reivindicación 1, donde dichos dos o más sitios específicos diferentes están localizados en el mismo cromosoma o en cromosomas diferentes, pueden ser sitios específicos en al menos dos genes diferentes, o pueden ser al menos dos sitios específicos diferentes en el mismo gen, en donde al menos dos genes diferentes pueden tener direcciones de transcripción iguales o diferentes.

3. El método de acuerdo con la reivindicación 1 o 2, donde dichas rupturas de ADN se consiguen administrando una nucleasa con propiedad de direccionamiento a una célula del organismo para contactar con los sitios específicos del ADN genómico.

4. El método de acuerdo con la reivindicación 3, donde dicha nucleasa con propiedad de direccionamiento se selecciona entre el grupo que consiste en Meganucleasa, nucleasa de dedos de cinc, TALEN, y sistema CRISPR/Cas.

5. El método de acuerdo con la reivindicación 3 o 4, donde la nucleasa con propiedad de direccionamiento está en forma de ADN, o existe en forma de ARNm o proteína, pero no ADN.
6. El método de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 3-5, donde la nucleasa con propiedad de direccionamiento se administran a la célula mediante: 1) un método de transfección celular mediada por PEG; 2) un método de transfección celular mediada por liposomas; 3) un método de transformación por shock eléctrico; 4) una microinyección; 5) un bombardeo con pistola génica; o 6) un método de transformación mediada por *Agrobacterium*.
7. El método de acuerdo con una cualquiera de las reivindicaciones 1-6, donde la combinación de diferentes elementos génicos es una combinación de la región del promotor para 5'UTR de uno de los dos genes con diferentes patrones de expresión y la CDS.
8. El método de la reivindicación 7, donde la combinación de diferentes elementos génicos, un elemento es un promotor endógeno fuerte del organismo, y el otro es la región codificadora del gen de HPPD, EPSPS, PPO o GH1.
9. El método de acuerdo con la reivindicación 7 o 8, donde los diferentes patrones de expresión son diferentes niveles de expresión génica, diferentes especificidades tisulares de expresión génica, o diferentes especificidades de etapa de desarrollo de expresión génica.
10. El método según la reivindicación 1, en el que el organismo es un animal, una planta, una bacteria o un hongo.
11. El método según cualquiera de las reivindicaciones 1-10, en el que el dominio proteico es un fragmento de ADN correspondiente a un dominio funcional específico de una proteína; preferiblemente incluyendo, pero sin limitarse a ello, una señal de localización nuclear, un péptido líder del cloroplasto, un péptido líder mitocondrial, un sitio de fosforilación, un sitio de metilación, un dominio transmembrana, un dominio de unión a ADN, un dominio de activación de la transcripción, un dominio de activación del receptor o un centro catalítico enzimático.
12. El método según cualquiera de las reivindicaciones 1-11, en el que la combinación de diferentes dominios proteicos es una combinación de la región señal de localización de una de las dos proteínas

con diferentes localizaciones subcelulares y la región codificante de proteína madura del otro gen,
una combinación de dos dominios proteicos con funciones biológicas diferentes, o
una combinación de dominios proteicos adyacentes del mismo gen.

13. El método de la reivindicación 12, en el que las diferentes localizaciones subcelulares se seleccionan del grupo que consiste en localización nuclear, localización citoplasmática, localización de la membrana celular, localización del cloroplasto, localización mitocondrial y localización de la membrana del retículo endoplásmico, y/o

las diferentes funciones biológicas se seleccionan del grupo que consiste en el reconocimiento de una secuencia conservada específica de ADN o ARN, la activación de la expresión génica, la unión a un ligando proteico, la unión a una señal molecular pequeña, la unión a un ion, una reacción enzimática específica, y cualquier combinación de las mismas.

14. El método según cualquiera de las reivindicaciones 1-7 y 11, en el que la combinación de elementos génicos y dominios proteicos es una combinación de dominios proteicos y promotores adyacentes, 5'UTR, 3'UTR o terminadores del mismo gen.

15. Un método de edición para aumentar el nivel de expresión génica de un gen endógeno diana en un organismo, que es independiente de un fragmento donante de ADN exógeno, en el que dicho método comprende las siguientes etapas:

generar simultáneamente roturas de ADN por separado en sitios seleccionados entre el promotor y la región codificante de cada uno de los genes endógenos diana y de un gen endógeno opcional altamente expresivo; ligar las roturas de ADN entre sí por medio de la unión de extremos no homólogos (NHEJ) o la reparación homóloga, generando así una fusión in vivo de la región codificante del gen endógeno diana y el promotor endógeno fuerte opcional del gen altamente expresante para formar un nuevo gen endógeno altamente expresante, en el que el gen endógeno diana y el gen endógeno altamente expresante opcional están localizados en el mismo cromosoma o en cromosomas diferentes.

16. El método de edición según la reivindicación 15, que se utiliza para anular la expresión de un gen HPPD, EPSPS o PPO endógeno en una planta, que comprende fusionar la región codificante del gen HPPD, EPSPS o PPO con un promotor endógeno fuerte de una planta in vivo para formar un nuevo gen HPPD, EPSPS o PPO endógeno de planta altamente expresivo, respectivamente.

17. El método de edición según la reivindicación 16, donde el método comprende los siguientes pasos: generar simultáneamente roturas de ADN respectivamente en sitios específicos seleccionados entre el promotor y la región codificante de cada uno de los genes HPPD, EPSPS o PPO y el gen endógeno altamente expresivo opcional, ligar las roturas de ADN entre sí a través de una vía de reparación intracelular, generar in vivo una fusión de la región codificante del gen HPPD, EPSPS o PPO y el promotor endógeno fuerte opcional para formar un nuevo gen HPPD, EPSPS o PPO altamente expresivo, respectivamente.

18. El método de edición según la reivindicación 16 o 17, en el que comprende fusionar la región codificante del gen HPPD con un promotor endógeno fuerte de un arroz, en el que el promotor fuerte es un promotor del gen ubiquitina2, o fusionar la región codificante del gen EPSPS con un promotor endógeno fuerte de un arroz, siendo el promotor fuerte un promotor del gen TKT, o bien comprende fusionar la región codificante del gen PPO con un promotor endógeno fuerte de un arroz o una *Arabidopsis*, en el que en el arroz, el promotor fuerte es un promotor del gen CP12, y en la *Arabidopsis*, el promotor fuerte es un promotor del gen ubiquitin 10.



Superintendencia de
Industria y Comercio

SUPERINTENDENCIA DE INDUSTRIA Y COMERCIO

NIT: 800.176.089-2

COMPROBANTE DE RECAUDO SISTEMA SIPI

Radicado: NC2025/0006763
Recibo: 25-147496
Fecha: 23/05/2025

JUAN CARLOS CUESTA QUINTERO
CC: 79.339.809
Pago PSE No: 1112503
CUS: 1501195911

NC Modificación a las reivindicaciones
Request on Patente PCT NC2022/0007902

Detalle del pago

Id.	Rentístico	Concepto y Servicio	Cant.	Val. Unit.	Subtotal
1	50005-01-03	Modificaciones / Correcciones al registro Patente PCT (DESCUENTO INTERNET)	1	\$ 225,000	\$ 225,000
TOTAL					\$ 225,000