

REIVINDICACIONES

1. Un método para editar un sitio específico en el genoma de una célula vegetal, caracterizado porque el método comprende: escindir, de una manera específica de sitio, un sitio objetivo dentro de un gen SEEDSTICK (STK) endógeno que codifica la secuencia de aminoácidos de **SEQ ID NO: 97** utilizando una proteína efectora CRISPR–Cas, donde la proteína efectora CRISPR–Cas escinde el gen STK endógeno, introduce una mutación no natural en el gen STK endógeno, y se une a una región del gen STK, proporcionando así un gen STK mutado,
donde la célula vegetal es una célula vegetal de frambuesa negra, y
donde el gen STK mutado codifica la secuencia de aminoácidos de SEQ ID NO: 206.
2. El método de la reivindicación 1, caracterizado porque el gen STK mutado codifica un alelo dominante–negativo, un alelo semidominante, un alelo de pérdida de función débil o una mutación hipomórfica.
3. Un ácido nucleico guía no natural que se une a un sitio objetivo en un gen SEEDSTICK (STK) que comprende la secuencia de nucleótidos de **SEQ ID NO: 203** o que codifica un polipéptido de **SEQ ID NO: 97**, donde el ácido nucleico guía comprende un espaciador que tiene la secuencia de nucleótidos de cualquiera de **SEQ ID NOs: 175, 176, 184, 184, o 186**, y
donde el ácido nucleico guía comprende una secuencia repetida que está unida al extremo 5' y/o al extremo 3' del espaciador.
4. El ácido nucleico guía de la reivindicación 3, caracterizado porque además comprende un ácido nucleico tracr que se asocia con una proteína efectora CRISPR–Cas.

5. Una composición caracterizada porque comprende el ácido nucleico guía de la reivindicación 3 y una proteína efectora CRISPR–Cas que se asocia con el ácido nucleico guía.
6. La composición de la reivindicación 5, caracterizada porque además comprende un ácido nucleico tracr que se asocia con el ácido nucleico guía y una proteína efectora CRISPR–Cas.
7. Un complejo caracterizado porque comprende un ácido nucleico guía y una proteína efectora CRISPR–Cas que comprende un dominio de escisión, donde el ácido nucleico guía comprende un espaciador que tiene la secuencia de nucleótidos de cualquiera de **SEQ ID NOs: 175, 176, 184, 184, o 186** y una secuencia repetida que está unida al extremo 5' y/o al extremo 3' del espaciador.
8. Un casete de expresión caracterizado porque comprende (a) un polinucleótido que codifica una proteína efectora CRISPR–Cas que comprende un dominio de escisión y (b) un ácido nucleico guía que comprende un espaciador que tiene la secuencia de nucleótidos de cualquiera de **SEQ ID NOs: 175, 176, 184, 184, o 186** y una secuencia repetida que está unida al extremo 5' y/o al extremo 3' del espaciador.
9. El casete de expresión de la reivindicación 8, caracterizado porque el ácido nucleico guía se une a una porción del gen SEEDSTICK endógeno que tiene de 2 a 22 nucleótidos consecutivos de longitud.
10. Un ácido nucleico que codifica un gen SEEDSTICK (STK) mutado que codifica la secuencia de aminoácidos de **SEQ ID NO:206**.
11. Un método para producir una planta o parte de la misma caracterizado porque comprende al menos una célula en la que un SEEDSTICK (STK) endógeno está mutado, el método comprende:

poner en contacto un sitio objetivo en el gen STK endógeno en la planta o parte de la misma con una nucleasa que comprende un dominio de unión de ácido nucleico que se une a un sitio objetivo, donde el gen STK endógeno codifica un factor de transcripción STK que tiene la secuencia de aminoácidos de **SEQ ID NO: 97**,

donde la nucleasa escinde el gen STK endógeno y se introduce una mutación en el gen STK endógeno para proporcionar un gen STK mutado que codifica la secuencia de aminoácidos de **SEQ ID NO: 206**, donde la planta o parte de la misma es una planta de frambuesa negra o una parte de una planta de frambuesa negra.