

REIVINDICACIONES

1. Una planta con doble resistencia a herbicidas CARACTERIZADA PORQUE comprende en su genoma un primer alelo de un gen de la subunidad grande de acetohidroxiácido sintasa (AHASL) y un segundo alelo de un gen de hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD), donde dicho primer alelo codifica para una proteína AHASL que comprende una sustitución de aminoácido A93Y y dicho segundo alelo codifica para una proteína HPPD que comprende una sustitución de aminoácido W445S.
2. La planta de la reivindicación 1, CARACTERIZADA PORQUE dicha planta con doble resistencia a herbicidas es resistente a por lo menos un herbicida inhibidor de AHAS y por lo menos un herbicida inhibidor de HPPD.
3. La planta de la reivindicación 2, CARACTERIZADA PORQUE dicho herbicida inhibidor de AHAS se selecciona del grupo que consiste en: herbicidas de imidazolinona, herbicidas de sulfonilurea, herbicidas de triazolopirimidina, herbicidas de pirimidiniloxibenzoato, herbicidas de sulfonilamino-carboniltriaolinona, y mezclas de los mismos.
4. La planta de la reivindicación 2, CARACTERIZADA PORQUE dicho herbicida inhibidor de HPPD se selecciona del grupo que consiste en herbicidas de benzoilpirazol, herbicidas de benzoilciclohexanodiona, herbicidas de aroilciclohexanodiona, herbicidas de oxazol, herbicidas de ciclopropilisoxazol, pirazolona, compuestos carbobicíclicos, compuestos de cetonas cíclicas, herbicidas de benzoilpirazol, herbicidas de pirazol, herbicidas de tricetona, herbicidas de aroilciclohexanodiona, y mezclas de los mismos.

5. Una semilla de una planta CARACTERIZADA PORQUE es como se reivindica en la reivindicación 1.
6. La planta de la reivindicación 1, CARACTERIZADA PORQUE dicha planta es una planta de sorgo.
7. Un método para producir una planta híbrida, CARACTERIZADO PORQUE dicho método comprende cruzar una primera planta con una segunda planta, donde dicha primera planta comprende en su genoma por lo menos una copia de un primer alelo de un gen de AHASL y dicha segunda planta comprende en su genoma por lo menos una copia de un segundo alelo de un gen de HPPD, y donde dicho primer alelo codifica para una proteína AHASL que comprende una sustitución de aminoácido A93Y y dicho segundo alelo codifica para una proteína HPPD que comprende una sustitución de aminoácido W445S.
8. El método de la reivindicación 7, CARACTERIZADO PORQUE además comprende recolectar una semilla que es el resultado de dicho cruzamiento.
9. El método de la reivindicación 7, CARACTERIZADO PORQUE dicha primera planta es homocigota para dicho primer alelo y dicha segunda planta es homocigota para dicho segundo alelo.
10. El método de la reivindicación 7, CARACTERIZADO PORQUE además comprende seleccionar por lo menos una planta de la progenie de dicho cruzamiento que comprende en su genoma dicho primer alelo y dicho segundo alelo.

11. Un método para controlar las malezas en la vecindad de una planta, CARACTERIZADO PORQUE dicho método comprende aplicar una cantidad eficaz de un herbicida inhibidor de AHAS y un herbicida inhibidor de HPPD a las malezas y a la planta, donde dicha planta comprende en su genoma un primer alelo de un gen de AHASL y un segundo alelo de un gen HPPD, donde dicho primer alelo codifica para una proteína AHASL que comprende una sustitución de aminoácido A93Y y dicho segundo alelo codifica para una proteína HPPD que comprende una sustitución de aminoácido W445S.

12. El método de la reivindicación 11, CARACTERIZADO PORQUE dicho herbicida inhibidor de AHAS se selecciona del grupo que consiste en herbicidas de imidazolinona, herbicidas de sulfonilurea, herbicidas de triazolopirimidina, herbicidas de pirimidiniloxibenzoato, herbicidas de sulfonilamino-carboniltriázolinona, y mezclas de los mismos.

13. El método de la reivindicación 11, CARACTERIZADO PORQUE dicho herbicida inhibidor de HPPD se selecciona del grupo que consiste en herbicidas de benzoilpirazol, herbicidas de benzoilciclohexanodiona, herbicidas de aroilciclohexanodiona, herbicidas de oxazol, herbicidas de ciclopropilisoxazol, pirazolona, compuestos carbocíclicos, compuestos de cetonas cíclicas, herbicidas de benzoilpirazol, herbicidas de pirazol, herbicidas de tricetona, herbicidas de aroilciclohexanodiona, y mezclas de los mismos.

14. El método de la reivindicación 12, CARACTERIZADO PORQUE dicho herbicida de imidazolinona se selecciona del grupo que consiste en imazetapir, imazapir, imazapic, y mezclas de los mismos.

15. El método de la reivindicación 12, CARACTERIZADO PORQUE dicho herbicida de sulfonilurea se selecciona del grupo que consiste en clorosulfurón, metsulfurón metilo, sulfometurón metilo, clorimurón etilo, tiofensulfurón metilo, tribenurón metilo, bensulfurón metilo, nicosulfurón, etametsulfurón metilo, rimsulfurón, triflursulfurón metilo, triasulfurón, primisulfurón metilo, cinosulfurón, amidosulfurón, fluzasulfurón, imazosulfurón, pirazosulfurón etilo, halosulfurón, y mezclas de los mismos.

16. El método de la reivindicación 13, CARACTERIZADO PORQUE dicho herbicida inhibidor de HPPD además comprende tolpirato, fenoxipirato, mesotriona, teflufenazina, isoxaflutol, pirasulfotol, benzobifenox, benfopropato, pirazolinato, pirazoxifeno, biciclopirona, sulcotriona, tembotriona, topramezona o una combinación de los mismos.

17. Una semilla de sorgo CARACTERIZADA PORQUE comprende por lo menos una copia del alelo A93Y de AHASL y por lo menos una copia del alelo W445S de HPPD.

18. La semilla de sorgo de la reivindicación 17, CARACTERIZADA PORQUE una muestra representativa de dicha semilla se ha depositado bajo el número de acceso NCIMB 44143.

19. Un método para identificar una planta con doble resistencia a herbicidas que comprende en su genoma un primer alelo de un gen de la subunidad grande de acetohidroxiácido sintasa (AHASL) y un segundo alelo de un gen de hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD), CARACTERIZADO PORQUE dicho

método comprende los pasos de:

- (a) obtener ADN genómico de una planta;
- (b) usar dicho ADN como molde para una primera reacción de amplificación, donde dicha reacción detecta la secuencia de nucleótidos que se establece en la SEQ ID NO: 1;
- (c) usar dicho ADN como molde para una segunda reacción de amplificación, donde dicha reacción detecta la secuencia de nucleótidos que se establece en la SEQ ID NO: 17; y
- (d) detectar los productos de dicha primera y dicha segunda reacción de amplificación.

20. Un kit para genotipificar una planta de sorgo con doble resistencia a herbicidas que comprende en su genoma un primer alelo de un gen de la subunidad grande de acetohidroxiácido sintasa (AHASL) y un segundo alelo de un gen de hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD) donde dicho primer alelo codifica para una proteína AHASL que comprende una sustitución de aminoácido A93Y y dicho segundo alelo codifica para una proteína HPPD que comprende una sustitución de aminoácido W445S, CARACTERIZADO PORQUE dicho kit comprende

- (a) un primer par de cebadores o sondas para determinar dicho primer alelo donde los cebadores o las sondas se alinean con la secuencia de nucleótidos que comprende la secuencia de nucleótidos que se establece en la SEQ ID NO: 18;
- (b) un segundo par de cebadores o sondas para determinar la presencia o la ausencia del segundo alelo donde los cebadores o las sondas se alinean con la secuencia de nucleótidos que comprende la secuencia de nucleótidos que se establece en la SEQ ID NO: 8.

21. El kit de la reivindicación 20, CARACTERIZADO PORQUE el segundo par de cebadores o las sondas además comprenden la secuencia de nucleótidos que se establece en la SEQ ID NO: 5 o 6 y la SEQ ID NO: 7.

22. Un genoma vegetal modificado CARACTERIZADO PORQUE comprende un primer alelo gen de una subunidad grande de acetohidroxiácido sintasa (AHASL) y un segundo alelo de un gen de hidroxifenilpiruvato dioxigenasa (HPPD), donde dicho primer alelo codifica para una proteína AHASL que comprende una sustitución de aminoácido A93Y y dicho segundo alelo codifica para una proteína HPPD que comprende una sustitución de aminoácido W445S.

23. Un casete de expresión, CARACTERIZADO PORQUE comprende por lo menos un polinucleótido que comprende la mutación que conduce a la tolerancia o la resistencia a herbicidas inhibidores de HPPD y por lo menos un polinucleótido que comprende la mutación que conduce a la tolerancia o la resistencia a los herbicidas inhibidores de AHAS, donde las mutaciones son como se definen en la reivindicación 1.

24. Un vector de transformación, CARACTERIZADO PORQUE comprende por lo menos dos polinucleótidos, donde el primer polinucleótido tiene una de las siguientes secuencias de nucleótidos:

a1) la secuencia de nucleótidos de la SEQ ID NO: 1,

b1) una secuencia que codifica para una secuencia sustancialmente idéntica a la SEQ ID NO: 1 y que tiene un codón que codifica para un residuo de serina en una posición que corresponde a la posición de aminoácido 445 de la SEQ ID NO: 3,

c1) una secuencia de nucleótidos que codifica para el polipéptido que se

establece en la SEQ ID NO: 3,

d1) una secuencia de nucleótidos que codifica para un polipéptido que tiene por lo menos 95% de identidad de secuencia con la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 3, donde el polipéptido presenta resistencia o tolerancia a un herbicida inhibidor de HPPD,

e1) la secuencia de nucleótidos de acuerdo con a) a d) pero que tiene uno de los Codones Alternativos 1 a 5 en el alelo que codifica para el residuo de serina en la posición 445,

f1) una secuencia de nucleótidos que tiene por lo menos 85% de identidad con la secuencia de nucleótidos que se establece en la SEQ ID NO: 1,

g1) una secuencia de nucleótidos completamente complementaria a una de las secuencias de nucleótidos a1) a f1); y donde el segundo polinucleótido tiene una de las siguientes secuencias de nucleótidos:

a2) la secuencia de nucleótidos que se establece en la SEQ ID NO: 17,

b2) una secuencia de nucleótidos que codifica para el polipéptido que se establece en la SEQ ID NO: 18,

c2) una secuencia de nucleótidos que codifica para un polipéptido que tiene por lo menos 95% de identidad de secuencia con la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 18, donde el polipéptido presenta actividad de AHAS resistente a herbicida,

d2) una secuencia de nucleótidos que tiene por lo menos 85% de identidad con la secuencia de nucleótidos que se establece en la SEQ ID NO: 17, donde la secuencia de nucleótidos codifica para un polipéptido que comprende una subunidad grande de AHAS y presenta actividad de AHAS resistente a herbicida,

e2) una secuencia de nucleótidos completamente complementaria a una de las secuencias de nucleótidos a2) a d2),

que además comprende secuencias conectadas en forma operativa que dirigen la

expresión de la secuencia de nucleótidos y de marcadores de selección.