

REIVINDICACIONES MODIFICADAS PARA EXAMEN DE PATENTABILIDAD

Habiéndose descrito la invención como antecede, se reclama como propiedad lo contenido en las siguientes reivindicaciones:

1. Un polipéptido seleccionado de:

(a) un polipéptido que comprende la secuencia de aminoácidos mostrada en la SEQ ID NO: 5, y que además comprende una secuencia de aminoácidos heteróloga unida al mismo, en donde la expresión del polipéptido o de una porción del mismo confiere una resistencia aumentada a patógenos en una planta;

(b) un polipéptido aislado que tiene al menos 90 % de identidad de secuencia con la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 5, en donde el polipéptido cuando se expresa en una planta confiere una resistencia aumentada a patógenos en la planta; o

(c) un polipéptido de fusión que comprende la secuencia de aminoácidos de la SEQ ID NO: 5, o el polipéptido tal como se define en uno cualquiera de (a) a (b).

2. Una molécula de ácido nucleico que comprende:

(a) una secuencia de nucleótidos que codifica una proteína que comprende al menos 90% de identidad de secuencia con la SEQ ID NO: 5, caracterizada porque dicha secuencia de nucleótidos comprende una secuencia de ácido nucleico heteróloga unida a la misma y la expresión de la molécula de

ácido nucleico en una planta confiere una resistencia aumentada a patógenos en la planta;

b) una secuencia de nucleótidos aislada que codifica un polipéptido que tiene al menos 90% de identidad de secuencia con la SEQ ID NO:5, en donde la expresión del polipéptido en una planta confiere una resistencia aumentada a patógenos en la planta;

(c) la secuencia de nucleótidos de la parte (a) o la parte (b) que comprende una secuencia de una cualquiera de las SEQ ID NO: 2-4 y 11-12; o

(d) la secuencia de nucleótidos de la parte (a) o la parte (b) que tiene al menos 90% de identidad de secuencia con una cualquiera de las SEQ ID NO: 2-4 y 11-12.

3. Un casete de expresión que comprende la molécula de ácido nucleico de conformidad con la reivindicación 2.

4. El casete de expresión de conformidad con la reivindicación 3, en donde la molécula de ácido nucleico está unida operativamente a un promotor capaz de dirigir la expresión en una célula vegetal.

5. El casete de expresión de conformidad con la reivindicación 4, caracterizado porque el promotor es un promotor endógeno.

6. El casete de expresión de conformidad con la

reivindicación 4, caracterizado porque el promotor es un promotor exógeno.

7. El casete de expresión de conformidad con la reivindicación 4, caracterizado porque el promotor comprende una cualquiera de las SEQ ID NO: 13-15.

8. Un vector que comprende la molécula de ácido nucleico de conformidad con la reivindicación 2.

9. Una célula vegetal transgénica que comprende la molécula de ácido nucleico de conformidad con la reivindicación 2.

10. Uso del polipéptido de conformidad con la reivindicación 1 o la molécula de ácido nucleico de conformidad con la reivindicación 2 o el casete de expresión de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 3-7 o el vector de conformidad con la reivindicación 8 o la célula transgénica de conformidad con la reivindicación 9 para conferir una resistencia aumentada a la Roya de la Soja Asiática (ASR).

11. Uso del casete de expresión de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 3-7 en una célula, caracterizado porque aumenta el nivel de expresión y/o la actividad del polipéptido en la célula y se potencia la

resistencia de la célula a la Roya de la Soja Asiática.

12. Un método para mejorar la resistencia de una planta contra la ASR, que comprende aumentar el nivel de expresión y/o la actividad del polipéptido de conformidad con la reivindicación 1 en la planta.

13. El método de conformidad con la reivindicación 12, caracterizado porque el aumento comprende aumentar el nivel de expresión y/o la actividad de la molécula de ácido nucleico de conformidad con la reivindicación 2 en la planta.

14. El método de conformidad con la reivindicación 12 o 13, caracterizado porque el aumento del nivel de expresión y/o de la actividad en la planta se realiza por medios transgénicos o por reproducción.

15. Un método para producir una planta transgénica con resistencia mejorada contra la ASR, que comprende: introducir la molécula de ácido nucleico de conformidad con la reivindicación 1 o el casete de expresión de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 3-7 a una planta receptora para obtener una planta transgénica, caracterizado porque la planta transgénica tiene una resistencia aumentada contra la ASR en comparación con la planta receptora.

16. Un método de producción de una planta de soja que tiene una resistencia aumentada a patógenos, comprendiendo el método las etapas de:

a) proporcionar una planta de soja donante que comprende en su genoma una secuencia de ácido nucleico que codifica al menos un polipéptido que tiene al menos un 90 % de identidad o un 95 % de identidad con la SEQ ID NO: 5, caracterizado porque dicha secuencia de ácido nucleico confiere a dicha planta de soja donante una resistencia aumentada a patógenos en comparación con otra planta de soja donante que no comprende dicha secuencia de ácido nucleico en su genoma;

b) cruzar la planta de soja donante de a) con una planta de soja receptora que no comprende dicha secuencia de ácido nucleico; y

c) seleccionar una planta descendiente del cruce de b) detectando la presencia de la secuencia de ácido nucleico, o la presencia de uno o más marcadores moleculares asociados a la secuencia de ácido nucleico en la planta descendiente, produciendo de este modo una planta de soja que tiene una resistencia aumentada a patógenos.

17. El método de conformidad con la reivindicación 16, caracterizado porque el marcador molecular es un polimorfismo de nucleótido único (SNP), un locus de rasgo cuantitativo (QTL), un polimorfismo en la longitud de los fragmentos amplificados (AFLP), un ADN polimórfico amplificado aleatorio (RAPD), un polimorfismo en la longitud de fragmentos de

restricción (RFLP) o un microsatélite.

18. El método de conformidad con la reivindicación 17, caracterizado porque el marcador molecular es al menos un marcador de SNP favorable seleccionado de la Tabla 1 y/o la Tabla 2, o un marcador molecular ubicado dentro de 20cM, 10cM, 5cM, 1cM o 0.5cM de un marcador de SNP favorable seleccionado de la Tabla 1 y/o la Tabla 2.

19. El método de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 16-18, caracterizado porque una o más de la planta de soja donante y la planta de soja receptora es una planta de élite de *Glycine max*.

20. Un método de producción de una planta de *Glycine max* con resistencia aumentada a la Roya de la Soja Asiática (ASR), comprendiendo el método las etapas de:

a) aislar un ácido nucleico de una planta de *Glycine max*;

b) detectar en el ácido nucleico de a) al menos un marcador molecular asociado a una secuencia de ácido nucleico que comprende una cualquiera de las SEQ ID NO: 2-4, caracterizado porque dicha secuencia de ácido nucleico confiere a la planta de *Glycine max* una resistencia aumentada a la ASR;

c) seleccionar una planta de *Glycine max* basándose en la presencia del marcador molecular detectado en b); y

d) producir una planta descendiente de *Glycine max* a

partir de la planta de c) identificada como que tiene dicho marcador molecular asociado a una resistencia aumentada a la ASR;

en donde el marcador molecular es un marcador de SNP favorable seleccionado de la Tabla 1 o la Tabla 2, o un marcador molecular ubicado dentro de 20cM, 10cM, 5cM, 1cM o 0.5cM de un marcador de SNP favorable seleccionado de la Tabla 1 o la Tabla 2.

21. El método de conformidad con la reivindicación 20, caracterizado porque la detección comprende amplificar un locus marcador molecular o una porción del locus marcador molecular y detectar el amplicón marcador molecular amplificado resultante.

22. El método de conformidad con la reivindicación 21, caracterizado porque la amplificación comprende emplear una reacción en cadena de la polimerasa (PCR) o una reacción en cadena de la ligasa (LCR) utilizando un ácido nucleico aislado de una planta o un germoplasma de soja como molde en la PCR o LCR.

23. El método de conformidad con la reivindicación 21 o 22, caracterizado porque la amplificación comprende además emplear un par de cebadores seleccionados del grupo que comprende: el par de cebadores de las SEQ ID NO: 8-9; y un par de cebadores de los cebadores de la Tabla 6 y

en donde la detección comprende además emplear una sonda de ácido nucleico seleccionada del grupo que comprende: la sonda de la SEQ ID NO: 10 y una sonda de las sondas de la Tabla 6.

24. Un método para conferir una resistencia aumentada a la ASR a una planta, que comprende:

a) introducir en el genoma de la planta una molécula de ácido nucleico unida operativamente a un promotor activo en la planta, caracterizado porque la secuencia de ácido nucleico se incorpora de forma estable en el genoma, caracterizado porque la secuencia de ácido nucleico codifica un polipéptido que tiene

(i) una secuencia de aminoácidos que comprende al menos un 85 %, al menos un 90 % o al menos un 95 % de identidad con la SEQ ID NO: 5, o

(ii) una secuencia de aminoácidos tal como se expone en la SEQ ID NO: 5,

caracterizado porque dicha secuencia de ácido nucleico es heteróloga a la planta y

caracterizado porque la expresión de dicha secuencia de ácido nucleico aumenta la resistencia a la ASR en comparación con una planta de control que no expresa dicha secuencia de ácido nucleico.

25. El método de conformidad con la reivindicación 24, caracterizado porque la secuencia de ácido nucleico se

introduce en el genoma de la planta por transformación.

26. El método de conformidad con la reivindicación 24, caracterizado porque la secuencia de ácido nucleico se introduce en el genoma de la planta cruzando una planta donante que comprende la secuencia de ácido nucleico con la planta para producir una planta descendiente que tiene una resistencia aumentada a la ASR.

27. El método de conformidad con la reivindicación 24, caracterizado porque la secuencia de ácido nucleico se inserta en el cromosoma 3.

28. El método de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 24-27, caracterizado porque el promotor es un promotor exógeno y caracterizado porque opcionalmente el promotor exógeno comprende la SEQ ID NO: 13 o 14.

29. El método de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 24-27, caracterizado porque el promotor es un promotor endógeno y caracterizado porque opcionalmente el promotor endógeno comprende la SEQ ID NO: 15.

30. El método de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 24-29, caracterizado porque el método comprende además cribar la secuencia de ácido nucleico introducida con PCR y/o secuenciación.

31. El método de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 24-30, caracterizado porque la planta es una planta dicotiledónea y caracterizado porque la planta dicotiledónea es una planta de soja.

32. El método de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 24-30, caracterizado porque la planta es una planta monocotiledónea seleccionada del grupo que consiste en arroz, trigo, maíz y caña de azúcar.

33. Una planta producida mediante el método de conformidad con cualquiera de las reivindicaciones 24-32.

34. Un par de cebadores para amplificar la molécula de ácido nucleico de conformidad con la reivindicación 2, en donde el par de cebadores es el par de cebadores de las SEQ ID NO: 8-9 o un par de cebadores seleccionados de los cebadores de la Tabla 6.