

INSTITUTO POTOSINO DE INVESTIGACIÓN CIENTÍFICA Y TECNOLÓGICA, A.C.

POSGRADO EN CIENCIAS EN BIOLOGIA MOLECULAR

Identificación de proteínas interactoras de una dehidrina ácida SK₃ de *Opuntia streptacantha*

Tesis que presenta
María Beatriz Pérez Morales

Para obtener el grado de
Maestra en Ciencias en Biología Molecular

**Director de la Tesis:
Dr. Juan Francisco Jiménez Bremont**

San Luis Potosí, S.L.P., abril de 2012



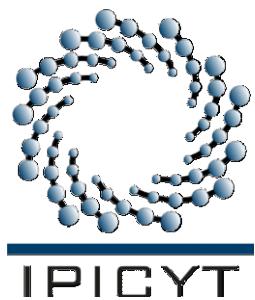
Constancia de aprobación de la tesis

La tesis “Identificación de proteínas interactoras de una dehidrina ácida SK₃ de *Opuntia streptacantha*” presentada para obtener el Grado de Maestra en Ciencias en Biología Molecular fue elaborada por **María Beatriz Pérez Morales** y aprobada el **23 de marzo de 2012** por los suscritos, designados por el Colegio de Profesores dela División de Biología Molecular del Instituto Potosino de Investigación Científica y Tecnológica, A.C.

Dr. Juan Francisco Jiménez Bremont
(Director de la tesis)

Dr. Ángel Gabriel Alpuche Solís
(Miembro del Comité Tutorial)

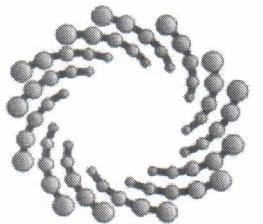
Dr. José Luis Reyes Taboada
(Miembro del Comité Tutorial)



Créditos Institucionales

Esta tesis fue elaborada en el Laboratorio de Biología Molecular de Hongos y Plantas dela División de Biología Molecular del Instituto Potosino de Investigación Científica y Tecnológica, A.C., bajo la dirección del Dr. Juan Francisco Jiménez Bremont.

Durante la realización del trabajo el autor recibió una beca académica del Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (No. de registro 332371) y del Instituto Potosino de Investigación Científica y Tecnológica, A. C.



IPICYT

Instituto Potosino de Investigación Científica y Tecnológica, A.C.

Acta de Examen de Grado

El Secretario Académico del Instituto Potosino de Investigación Científica y Tecnológica, A.C., certifica que en el Acta 092 del Libro Primero de Actas de Exámenes de Grado del Programa de Maestría en Ciencias en Biología Molecular está asentado lo siguiente:

En la ciudad de San Luis Potosí a los 13 días del mes de abril del año 2012, se reunió a las 16:00 horas en las instalaciones del Instituto Potosino de Investigación Científica y Tecnológica, A.C., el Jurado integrado por:

Dr. Ángel Gabriel Alpuche Solís
Dr. Juan Francisco Jiménez Bremont
Dr. José Luis Reyes Taboada

Presidente
Secretario
Sinodal externo

IPICYT
IPICYT
UNAM

a fin de efectuar el examen, que para obtener el Grado de:

MAESTRA EN CIENCIAS EN BIÓLOGÍA MOLECULAR

sustentó la C.

María Beatriz Pérez Morales

sobre la Tesis intitulada:

Identificación de proteínas interactoras de una dehidrina ácida SK3 de Opuntia streptacantha
que se desarrolló bajo la dirección de

Dr. Juan Francisco Jiménez Bremont

El Jurado, después de deliberar, determinó

APROBARLA

Dándose por terminado el acto a las 18:37 horas, procediendo a la firma del Acta los integrantes del Jurado. Dando fe el Secretario Académico del Instituto.

A petición de la interesada y para los fines que a la misma convengan, se extiende el presente documento en la ciudad de San Luis Potosí, S.L.P., México, a los 13 días del mes de abril de 2012.

Marcial Bonilla
Dr. Marcial Bonilla Marín
Secretario Académico

Mtra. Ivonne Lizette Cuevas Vélez
Jefa del Departamento del Posgrado



Agradecimientos

Al Dr. Juan Francisco Jiménez Bremont por todo el apoyo y la asesoría brindada durante mi estancia en el laboratorio para la realización del presente trabajo y por haberme brindado la oportunidad de trabajar en su grupo de investigación.

Al Dr. Ángel Gabriel Alpuche Solís y al Dr. José Luis Reyes Taboada por sus valiosas sugerencias y comentarios durante la revisión de la tesis.

A la M. en C. Alicia Becerra Flora por todo el apoyo técnico brindado a lo largo de mi estancia en el laboratorio para la realización del presente trabajo.

A todos mis compañeros y amigos del laboratorio de Biología Molecular de Hongos y Plantas: Alicia, Aída, Azucena, Alejandro, Erika, Fatima, Jorge, Israel, Luz, Silvia, Pablo y Margarita por todos los momentos compartidos y por el apoyo brindado en el laboratorio.

A la Dra. Ana Erika Ochoa Alfaro por la amistad y el apoyo brindado durante el inicio de este proyecto.

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por la beca otorgada.

Al Instituto Potosino de Investigación Científica y Tecnológica (IPICYT) por el apoyo otorgado para la culminación de la tesis.

Contenido

Constancia de aprobación de la tesis	ii
Créditos institucionales	iii
Acta de examen	iv
Agradecimientos	v
Lista de tablas	vii
Lista de figuras	viii
Resumen	ix
Abstract	x
Introducción	1
Materiales y métodos	7
Construcciones para el sistema split-ubiquitin	7
Transformación de <i>Saccharomyces cerevisiae</i>	8
Ensayo control para verificar la expresión correcta de la proteína OpsDHN1 en levadura	8
Determinación de la concentración del inhibidor 3-aminotriazol (3-AT)	8
Ensayos de goteo	9
Escrutinio del sistema de doble híbrido split-ubiquitin	9
Análisis de la actividad de β-galactosidasa	10
Análisis bioinformático de los posibles interactores	10
Resultados	11
Construcción del vector pDHB1-OpsDHN1 que expresa una dehidrina de nopal para el sistema de dos híbridos split-ubiquitin	11
Verificación de la expresión de la dehidrina de nopal en el vector pDHB1-OpsDHN1	11
Co-transformación en levadura del vector bait pDHB1-OpsDHN1 con una biblioteca de cDNA de plántulas de <i>Arabidopsis</i> construida en el vector prey pDSL-Nx	15
Ensayo de re-transformación de los interactores identificados en 45 mM 3-AT	24
Interacción OpsDHN1-OpsDHN1	25
Discusión	27
Referencias	31
Anexos	37

Lista de tablas

Tabla 1. Interactores de OpsDHN1 identificados en el sistema split-ubiquitin (45 mM 3-AT)	18
Tabla 2. Interactores de OpsDHN1 identificados en el sistema split-ubiquitin (55 mM 3-AT)	20
Tabla 3. Interactores de OpsDHN1 identificados en el sistema split-ubiquitin (60 mM 3-AT)	21
Tabla S1. Oligonucleótidos	37

Lista de figuras

Figura 1. Principio del sistema de dos híbridos DUALhunter	12
Figura 2. Verificación de la expresión correcta de la construcción bait pDHB1/OpsDHN1 mediante el ensayo de crecimiento	14
Figura 3. Análisis de auto-activación de la construcción bait pDHB1-OpsDHN1	16
Figura 4. Diagrama de Venn que muestra todos los posibles interactores identificados bajo las tres distintas condiciones de selección	23
Figura 5. Análisis y confirmación de los interactores de OpsDHN1 identificados en el sistema de dos híbridos split-ubiquitin	24
Figura 6. Interacción OpsDHN1-OpsDHN1	26

Resumen

Identificación de proteínas interactoras de una dehidrina ácida SK₃ de *Opuntia streptacantha*

Las dehidrinas (DHNs) o el grupo 2 de las proteínas LEA (Late Embryogenesis Abundant), son proteínas intrínsecamente desordenadas y altamente hidrofílicas, que típicamente se acumulan durante los estadios tardíos del desarrollo de la semilla o se inducen en tejidos vegetativos durante condiciones de déficit hídrico. Se ha reportado que las DHNs se distribuyen en diversos compartimentos celulares como: el citosol, núcleo, cloroplastos, mitocondria, retículo endoplásmico y membrana plasmática. Diversos estudios apuntan a que sus funciones comunes son: la unión a fosfolípidos ácidos, iones, crioprotección y la estabilización de membranas o proteínas durante condiciones de estrés abiótico. Sin embargo, su mecanismo de acción aún no está completamente entendido. Recientemente, nuestro grupo reportó que plantas transgénicas de *Arabidopsis* que sobre-expresan una dehidrina de *Opuntia streptacantha* (OpsDHN1) muestran un incremento en la tolerancia a estrés por congelamiento. Para identificar las proteínas que interactúan con OpsDHN1 a través de las cuales ejerce dicho efecto, llevamos a cabo un ensayo de doble híbrido basado en la técnica split-ubiquitin, a través del cual identificamos posibles proteínas interactoras de la dehidrina de nopal (OpsDHN1). Dentro de estos interactores encontramos proteínas de membrana como: RPT2B, PIP2;2 y ARA-5 y proteínas de cloroplasto como: NPQ4. Además, identificamos mayoritariamente una proteína de función desconocida (At1g44920) que se localiza en el cloroplasto. Por otro lado, demostramos que la OpsDHN1 puede interactuar consigo misma, lo que sugiere la formación de dímeros de ésta. La identificación de estos posibles interactores, incluyendo a la propia OpsDHN1, nos proporciona una valiosa información respecto a la identidad de las proteínas con las cuales puede participar esta dehidrina; lo que nos podría llevar a entender mejor los mecanismos moleculares mediante los cuales llevan a cabo su función las dehidrinas.

Palabras clave: split-ubiquitin, sistema de dos híbridos, dehidrina, LEA, OpsDHN1

Abstract

Identification of interacting proteins of an acidic dehydrin SK₃ from *Opuntia streptacantha*

Dehydrins (DHNs) or group 2 LEA (Late Embryogenesis Abundant) proteins are intrinsically unstructured and highly hydrophilic proteins, they typically accumulate during the last stages of seed development or are induced in vegetative tissues under water stress conditions. It has been reported that DHNs are distributed in diverse cell compartments such as cytosol, nucleus, chloroplasts, mitochondria, endoplasmic reticulum and plasma membrane. Based on diverse genetic and transgenic studies it has been suggested that the common roles for dehydrins are binding to acidic phospholipids, to ions, cryoprotection and to stabilize membrane structures or proteins during abiotic stress conditions. Previously, our research group reported that transgenic Arabidopsis plants overexpressing a dehydrin from *Opuntia streptacantha* (OpsDHN1) show enhanced tolerance to freezing stress. In order to identify the OpsDHN1 interacting proteins through which it exerts this effect, we performed a yeast two-hybrid assay based on the split-ubiquitin technique, by which we identified potential interacting proteins of the dehydrin from cactus (OpsDHN1). Within these interactors are membrane proteins such as: RPT2B, PIP2;2 and ARA-5, and the chloroplast protein NPQ4. In addition, we identified an abundantly protein of unknown function (At1g44920) located in the chloroplast. Furthermore, we demonstrated that OpsDHN1 can interact with itself, suggesting the formation of homo-dimers. The identification of these potential interactors, including OpsDHN1 provides us with valuable information regarding the identity of the proteins with which dehydrin can participate and this could lead us to a better understanding of the molecular mechanisms by which dehydrins could perform their function.

Keywords: split-ubiquitin, yeast two-hybrid, dehydrin, LEA, OpsDHN1

Introducción

El déficit hídrico, el cual puede estar provocado por estreses tales como la sequía, salinidad y bajas temperaturas (frío y congelamiento), es considerado uno de los principales factores ambientales que limitan la productividad de los cultivos a nivel mundial, provocando pérdidas de más del 50% de la cosecha (Bray 1993, 1997; Bray et al. 2000). Además, se ha predicho que para el año 2025 aproximadamente una tercera parte de la población mundial vivirá en regiones con escasez de agua (Khurana et al. 2008).

Debido a su naturaleza sésil, las plantas a diferencia de los animales no pueden moverse para escapar de los cambios continuos del medio ambiente; es por eso que a lo largo de su evolución, han tenido que desarrollar una serie de mecanismos tanto bioquímicos como fisiológicos y moleculares, los cuales les han permitido adaptarse y sobrevivir a las condiciones adversas de su entorno (Bray 1993, 1997; Shao et al. 2007).

Uno de los primeros mecanismos de respuesta al déficit hídrico es la percepción y transducción de la señal de estrés que desencadena una serie de actividades metabólicas a través de la inducción de genes específicos de respuesta a estrés (Bray 1997; Bray 2004). Dentro de los genes de respuesta a estrés, se encuentran los que codifican proteínas abundantes en la embriogénesis tardía (LEA). Las proteínas LEA fueron identificadas hace más de 25 años en semillas de algodón (*Gossypium hirsutum*), en donde se encontró que se acumulaban abundantemente durante las etapas tardías del desarrollo de la semilla, de ahí su nombre (Hundertmark and Hincha 2008; Dure et al. 1981; Galau et al. 1986; Galau and Dure 1981) Las proteínas LEA están involucradas en proteger a las plantas del daño provocado por el estrés ambiental debido al déficit hídrico, principalmente se han descrito por sequía (Hong-Bo et al. 2005). Sin embargo, se ha visto que las proteínas LEA también se acumulan en tejidos vegetativos bajo condiciones de estrés osmótico, frío, salinidad, por la aplicación exógena de ácido abscísico (ABA) o bien se expresan de manera constitutiva y comprenden más del 4% de las proteínas celulares que se acumulan durante el desarrollo de la semilla (Goyal et al. 2005). Hasta la fecha se han identificado más

de 700 proteínas LEA que se encuentran ampliamente distribuidas en el reino vegetal, así como en otros organismos como algas, levaduras, cianobacterias y animales (Hunault and Jaspard 2010; Hand et al. 2011).

Generalmente las proteínas LEA se clasifican en seis grupos o familias, de acuerdo a su secuencia de aminoácidos, aunque cabe señalar que la nomenclatura de los grupos no es consistente en la literatura (Dure et al. 1989; Battaglia et al. 2008; Hundertmark and Hincha 2008; Hunault and Jaspard 2010; Bies-Etheve et al. 2008; Tunnacliffe and Wise 2007). Las principales características que definen a las proteínas LEA son que presentan un alto índice de hidrofilicidad y un alto contenido de glicinas. Además al no poseer una estructura tridimensional se les ha considerado como proteínas intrínsecamente no estructuradas (Dure et al. 1989). El mecanismo molecular preciso a través del cual llevan acabo su función aun no se conoce, sin embargo estudios bioquímicos y genéticos sugieren que de manera general pueden actuar como: chaperonas, estabilizadoras de la membrana celular y de otras proteínas, protectoras de la actividad enzimática, además de que pueden secuestrar iones, unirse a vesículas lipídicas o vacuolas y prevenir la agregación de proteínas (Bies-Etheve et al. 2008).

Las dehidrinas (DHNs) constituyen el grupo 2 de las proteínas LEA, también conocido como el grupo D11 (Close 1996; Dure et al. 1989; Bray 1993). Dichas proteínas han sido clasificadas como hidrofilinas y proteínas intrínsecamente no estructuradas, debido a que presentan un contenido relativamente alto de glicinas (mayor al 6%) y un índice de hidrofilicidad mayor a 1 (Bae et al. 2009; Brini et al. 2007; Hu et al. 2010; Popova et al. 2008; Rorat 2006; Battaglia et al. 2008). Las DHNs se encuentran ampliamente distribuidas en el reino vegetal y probablemente en otros organismos fotosintéticos como algas y cianobacterias (Close and Lammers 1993; Li et al. 1998; Hanin et al. 2011).

Una característica que define a este grupo de proteínas es la presencia de por lo menos una copia de un motivo conservado rico en lisina denominado segmento K. El segmento K (EKKGIMDKIKEKLPG) es una secuencia de 15 aminoácidos rica en lisinas. Se ha identificado que el segmento K puede estar

presente en 1 a 11 copias, y se encuentra cerca del extremo C-terminal; además se ha propuesto que puede formar α hélices anfipáticas (que combinan características tanto hidrofílicas como hidrofóbicas), las cuales se cree que están relacionadas con la unión a macromoléculas (Close 1996, 1997; Hanin et al. 2011; Hara 2010). Además del segmento K, las dehidrinas pueden o no presentar otros motivos conservados como: el segmento S rico en serinas (4-10 residuos de serina), el cual forma parte de una secuencia conservada LHRSGS₄₋₁₀(E/D)₃. Se ha reportado que la fosforilación de este segmento por la caseína cinasa II, es importante para la unión de iones de Ca⁺ (Alsheikh et al. 2003; Kosová et al. 2011; Svensson et al. 2002). Hacia el extremo N-terminal de muchas dehidrinas se encuentra el segmento Y, mismo que es rico en tirosinas y cuya secuencia consenso es ((V/T)D(E/Q)YGNP). Ésta secuencia comparte una alta similitud con el sitio de unión a nucleótidos de chaperonas de plantas y bacterias; sin embargo, hasta la fecha no hay ningún reporte que demuestre la unión del segmento Y a ácidos nucleicos (Close 1996; Allagulova et al. 2003; Campbell and Close 1997; Brini et al. 2011; Hara 2010). Adicionalmente, aunque es menos frecuente, se encuentra el segmento ϕ , una región menos conservada que usualmente es rica en glicina y aminoácidos no polares, la cual se encuentra hacia el extremo N-terminal entre los segmentos K (Brini et al. 2011; Campbell and Close 1997; Allagulova et al. 2003; Close 1996, 1997). De acuerdo al orden y presencia de dichos segmentos, las dehidrinas se dividen en cinco subgrupos o clases: Y_nSK_n, SK_n, K_n, Y_nK_n y K_nS (Campbell and Close 1997; Close 1996, 1997). Debido a que muchas DHNs son proteínas altamente cargadas, otra manera de clasificarlas es por su carga neta; por lo que las dehidrinas con un punto isoeléctrico (pI) bajo son llamadas dehidrinas acídicas o ácidas (K_nS, SK_n y Y_nK_n) y se expresan preferentemente en respuesta a bajas temperaturas, el resto estarían agrupadas como dehidrinas básicas/neutras (Allagulova et al. 2003; Eriksson and Harryson 2011).

Las dehidrinas se han encontrado en diversos compartimentos celulares como: citoplasma, núcleo, membrana plasmática, mitocondria, retículo endoplásmico, plástidos y tonoplastos (Hara 2010). También han sido localizadas

en varias estructuras membranosas como la cisterna del retículo endoplásmico rugoso, membranas de vesículas que contienen fosfolípidos ácidos, membranas de cuerpos proteícos y lipídicos o en el plasmodesmo de las células del cambium vascular (Kosová et al. 2011). Lo anterior sugiere entonces que las dehidrinas se pueden unir a membranas.

Se ha demostrado que la expresión de genes de dehidrinas se incrementa durante condiciones de déficit hídrico (bajas temperaturas, deshidratación y estrés osmótico); asimismo la acumulación de estas proteínas confiere tolerancia a estrés abiótico; sin embargo, y a pesar de ser el grupo de proteínas LEA más estudiado, el mecanismo molecular mediante el cual actúan aún se desconoce, esto debido principalmente a que carecen de una estructura tridimensional, lo cual hace imposible la obtención de su estructura cristalográfica (Hara 2010; Campbell and Close 1997; Kosová et al. 2011; Rorat 2006; Allagulova et al. 2003). A pesar de lo anterior, actualmente y con base en datos experimentales se sabe que la disminución en el estado de hidratación o la adición de cantidades elevadas de solutos compatibles, detergentes o sales a una dehidrina en solución acuosa resultan en cambios conformacionales que pueden ser monitoreados mediante la técnica de dicroísmo circular (Hanin et al. 2011). Los cambios conformacionales en la proteína por consiguiente repercuten también en cambios en la función, este fenómeno es bastante común para proteínas intrínsecamente desordenadas o no estructuradas, conocido como “moonlighting” (Tompa 2002; Tompa et al. 2005). Bajo condiciones de deshidratación el segmento K adopta la conformación de α -hélice anfipática. Las α -hélices anfipáticas pueden interactuar con las superficies parcialmente deshidratadas de otras proteínas y/o de membranas, como se ha reportado para el caso de una dehidrina de maíz (DHN1), por lo que se ha sugerido que las α -hélices representan la base de la función protectora de las dehidrinas (Koag et al. 2003; Hanin et al. 2011).

Hasta la fecha diversos experimentos *in vitro* han demostrado que las dehidrinas podrían tener diversas características y funciones como: el secuestro de iones (Alsheikh et al. 2003; Alsheikh et al. 2005; Heyen et al. 2002; Roberts et al. 1993), la retención de agua (Tompa et al. 2006), en la unión a vesículas

lipídicas (Kovacs et al. 2008; Koag et al. 2003; Eriksson et al. 2011) o a metales (Hara et al. 2005; Heyen et al. 2002; Alsheikh et al. 2003; Zhang et al. 2006; Mu et al. 2011; Rahman et al. 2011; Xu et al. 2008; Krüger et al. 2002; Hara et al. 2009) y crioprotección (Hara et al. 2001; Kazuoka and Oeda 1994; Tantos et al. 2009; Houde et al. 1995; Wisniewski et al. 1999; Reyes et al. 2008; Kovacs et al. 2008; Hughes and Graether 2011; Brini et al. 2010).

Previamente en nuestro grupo de investigación y a partir de una biblioteca de cDNA de *Opuntia streptacantha* se aisló y caracterizó un gen que codifica una dehidrina acídica del tipo SK₃ (*OpsDHN1*). En este estudio, mostraron que la sobreexpresión del gen *OpsDHN1* en plantas de *Arabidopsis thaliana* confiere tolerancia a estrés por congelamiento (Ochoa-Alfaro et al. 2012). Esto sugiere la participación de la dehidrina *OpsDHN1* en la respuesta y tolerancia a estrés por bajas temperaturas, probablemente a través de la interacción con diversas proteínas que juegan un papel en la resistencia al estrés; ejerciendo así un efecto protector que permita mantener la integridad celular. Debido a que el sistema de dos híbridos ha sido ampliamente usado para identificar exitosa y rápidamente nuevas interacciones proteína-proteína, en el presente estudio nos hemos planteado la identificación de posibles proteínas blanco o interactoras de la dehidrina *OpsDHN1* mediante el empleo del sistema de dos híbridos conocido como “split-ubiquitin”. A diferencia del sistema convencional de dos híbridos en el cual no se pueden analizar cierto tipo de proteínas como: factores de transcripción, proteínas ácidas y proteínas asociadas a membranas, ya que cuando son fusionadas al dominio de unión a DNA, dichas proteínas activan de forma autónoma la transcripción de los genes reporteros dando lugar a falsos positivos o bien, en el caso de las proteínas asociadas a membrana no logran atravesar el poro nuclear; en cambio, el sistema split-ubiquitin permite detectar interacciones empleando por ejemplo factores de transcripción y prácticamente cualquier proteína citoplasmática y/o de naturaleza ácida (Möckli et al. 2008; Möckli et al. 2007). Tal es el caso de la dehidrina de nopal *OpsDHN1* que presenta un punto isoeléctrico con valor de 5.43.

La identificación de diversas proteínas interactoras de la dehidrina OpsDHN1 permitirá elucidar el mecanismo molecular mediante el cual actúan este tipo de proteínas. Empleando el sistema de dos híbridos split-ubiquitin, se logró la identificación de proteínas de *Arabidopsis* que posiblemente interactúan con la dehidrina de nopal OpsDHN1, así como también se pudo demostrar que la dehidrina OpsDHN1 puede interactuar consigo misma dando lugar a la formación de complejos homo-oligoméricos.

Materiales y Métodos

Construcciones para el sistema split-ubiquitin

Para construir el plásmido bait pDHB1/OpsDHN1, el marco abierto de lectura (ORF) del gen *OpsDHN1* fue amplificado mediante PCR. Los oligonucléótidos utilizados fueron: OpsDhn1-F (5' ATTAACAAGGCCATTACGGCCATGGCGGAAGAACACCAAAA 3') y OpsDhn1-R (5' AACTGATTGGCCGAGGCAGGCCTTAAGTTGATGAAGGGGGTTGAT 3'). En el caso de la construcción prey pPR3-N/OpsDHN1, el ORF del gen *OpsDHN1* fue amplificado empleando los oligonucleótidos OpsDhn1-F y pPR3-N/OpsDhn1 (5' AACTGATTGGCCGAGGCAGGCCTTAAGTTGATGAAGGGGGTTGAT3'). Los fragmentos amplificados fueron purificados utilizando el kit Wizard SV Gel and PCR Clean-Up System (Promega, Madison, WI, USA) siguiendo las instrucciones del proveedor; y posteriormente digeridos con la enzima *SfiI* (New EnglandBiolabs, Beverly, MA, USA) y clonados en los vectores pDHB1 y pPR3-N (DualsystemsBiotech, San Francisco, CA, USA) respectivamente.

En ambos casos, la inserción correcta del fragmento de DNA en los plásmidos fue verificada mediante secuenciación. La expresión correcta del vector bait se realizó mediante el ensayo de control funcional empleando los vectores prey pAI-Alg5 (NubI), y pDL2-Alg5 (NubG) [DualsystemsBiotech]. NubI corresponde a la porción silvestre N-terminal de la ubiquitina, mientras que NubG corresponde a la porción mutada.

Si el bait está insertado correctamente en la membrana, entonces la co-expresión con Alg5-NubI resultará en la activación de los genes reporteros (medida como el crecimiento en medio selectivo y el desarrollo de color azul en el ensayo de β -galactosidasa), ya que NubI tiene una fuerte afinidad por Cub que se encuentra fusionado a la proteína de interés. Por otro lado, la co-expresión con pDL2-Alg5 no debería activar los genes reporteros, ya que NubG mutado no tiene afinidad por Cub y Alg5 por si solo no interactúa con el bait.

Transformación de *Saccharomyces cerevisiae*

La cepa reportera de *S. cerevisiae* NMY51 [*MATa his3 trp1 leu2 ade2 LYS2::HIS3 ura3::lacZ ade2::ADE2 GAL4*] (DualsystemsBiotech) fue co-transformada con los vectores bait y prey empleando el método de acetato de litio. Las colonias transformantes fueron seleccionadas empleando la auxotrofía correspondiente para cada uno de los vectores; por lo que se crecieron en placas con medio mínimo SD-leu-trp durante 3 días a 28°C.

Ensayo control para verificar la expresión correcta de la proteína OpsDHN1 en levadura

Varias colonias de levadura de la cepa NMY51, fueron crecidas en medio líquido YPAD toda la noche a 28°C y con agitación constante hasta que alcanzaron una OD₆₀₀ de 0.6-0.8. Posteriormente 2 µg de cada uno de los plásmidos pDHB1-OpsDHN1 (bait), pAI-Alg5 y pDL2-Alg5 (prey) se co-transformaron en las levaduras siguiendo las instrucciones del proveedor (DUALhunter kit, DualsystemsBiotech). Simultáneamente también se co-transformaron los plásmidos control pDHB1-largeT (bait), pAI-Alg5 y pDL2-Alg5 (prey) en las células de levadura. Una parte de las levaduras transformadas se sembró en placas que contenían medio SD-Leu-Trp (selección doble), mientras que la otra parte se sembró en placas que contenían medio SD-Leu-Trp-His-Ade (selección cuádruple). Las placas se incubaron a 28°C durante 3 días y se evaluó su crecimiento.

Determinación de la concentración del inhibidor 3-aminotriazol (3-AT)

Células de levadura de la cepa NM51 que expresaban la construcción pDHB1-OpsDHN1 fueron co-transformadas con 2 µg del vector pPR3-N (vector sin inserto de la biblioteca que expresa NubG). Las células transformadas fueron crecidas en placas que contenían diferentes concentraciones del inhibidor 3-AT.

Las placas se incubaron durante 4 días a 28°C, al término de los cuales se evaluó el crecimiento de las levaduras.

Ensayos de goteo

Se picaron varias colonias y se pusieron a crecer en medio líquido SD-Leu-Trp a 28°C durante toda la noche. Las concentraciones de los cultivos fueron ajustadas a una OD₆₀₀= 1 y se hicieron diluciones 1:10, 1:100 y 1:1000 veces. Cinco microlitros de cada muestra (no diluida, 1:10, 1:100 y 1:1000) fueron sembrados en placas con medio SD-Leu-Trp y SD-Leu-Trp-His-Ade con o sin 45 mM del inhibidor 3-aminotriazol (3-AT) e incubadas a 28°C durante 2-3 días.

Escrutinio del sistema de doble híbrido split-ubiquitin

La cepa NMY51 que llevaba la construcción bait pDHB1-OpsDHN1 fue transformada con 28 µg de una biblioteca comercial de cDNA de *Arabidopsis thaliana* (DualsystemsBiotech) utilizando el protocolo de transformación a gran escala basado en el método de acetato de litio. Las células transformadas se sembraron en placas Petri de 150 mm que contenían medio mínimo SD-leu-trp-his-ade suplementado con 45 mM de 3-AT y se incubaron a 28°C durante 4 días. Las colonias transformantes obtenidas se re-estriaron en placas que contenían el mismo medio selectivo. Posteriormente se seleccionaron las colonias positivas *HIS3*⁺/*LacZ*⁺ a las cuales se les extrajo el DNA plasmídico mediante el protocolo "smash and grab" (Hoffman 2001; Hoffman and Winston 1987). Se emplearon 5 µl del DNA plasmídico obtenido, para transformar células DH5α de *Escherichia coli* mediante electroporación. Posteriormente las células transformadas se sembraron en placas que contenían medio sólido LB suplementado con ampicilina 100 mg/ml. De las colonias transformantes obtenidas se aisló el DNA plasmídico de dos colonias independientes mediante el protocolo de lisis alcalina (Engebrecht et al. 2001). Los plásmidos obtenidos fueron seleccionados para secuenciación. Posteriormente, los plásmidos en sentido aislados de la biblioteca fueron re-

transformados en la cepa NMY51 que expresaba la construcción bait y con las colonias transformantes obtenidas se llevó a cabo nuevamente el ensayo de actividad de β -galactosidasa, para verificar que fuesen interactores verdaderos.

Análisis de la actividad de β -galactosidasa

La actividad de la enzima β -galactosidasa fue analizada cualitativamente mediante el ensayo de pastilla X-gal (Mockli and Auerbach 2004). Varias colonias de cada uno de los posibles interactores fueron seleccionadas e inoculadas en 5ml de medio SD-Leu-Trp. Los cultivos se dejaron crecer durante toda la noche hasta que alcanzaron una OD₆₀₀ de 1.0. Posteriormente se centrifugó a 3000 rpm durante 5 minutos una unidad de densidad óptica de cada uno de los cultivos. El sobrenadante se decantó y se llevó a cabo la lisis celular mediante dos ciclos de congelamiento-descongelamiento (3 min en nitrógeno líquido y después 3 min a 37°C en un baño de agua). Por último, las pastillas fueron resuspendidas en 20 μ l de agua destilada estéril, transferidos a una placa de 96 pozos y mezclados con 100 μ l de buffer PBS pH7.4 que contenía 500 μ g/ml de X-gal, 0.5% (w/v) de agarosa y 0.05% (v/v) de β -mercaptoetanol. Las muestras se incubaron a temperatura ambiente y la actividad de la enzima fue monitoreada visualizando el desarrollo de coloración azul y tomando fotografías a distintos tiempos.

Análisis bioinformático de los posibles interactores

Para determinar la identidad de las secuencias de nucleótidos obtenidas de los posibles interactores fueron analizadas mediante una búsqueda en la base de datos del programa BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) disponible en el servidor del NCBI (www.ncbi.nlm.nih.gov). La búsqueda se llevó a cabo mediante el algoritmo blastn (Zhang et al. 2000).

Resultados

Construcción del vector pDHB1-OpsDHN1 que expresa una dehidrina de nopal para el sistema de dos híbridos split-ubiquitin

Con el fin de identificar posibles proteínas que interactúan con la dehidrina de nopal OpsDHN1 (Ochoa-Alfaro et al. 2012), se utilizó el sistema de dos híbridos en levadura DUALhunter (DualsystemsBiotech), el cual está basado en el ensayo de complementación split-ubiquitin (Möckli et al. 2008; Johnsson and Varshavsky 1994). Para ello, se generó la construcción pDHB1-OpsDHN1en donde el gen de interés *OpsDHN1* (bait) fue clonado en el extremo N terminal de la proteína de membrana Ost4 (la cual ancla el “bait” a la membrana) y en su extremo C terminal al módulo reportero que comprende la mitad C-terminal de la ubiquitina (Cub) seguida del factor de transcripción artificial LexA-VP16 (Fig. 1), mediante los sitios de restricción *Sfi*I. El vector pDHB1 tiene resistencia a kanamicina en bacteria (Fig. 1b), por lo que la construcción pDHB1-OpsDHN1 fue transformada en células de *E.coli* DH5α y mediante PCR se identificaron las clonas positivas. La secuencia y su orientación se verificaron mediante secuenciación. Posteriormente, se transformaron levaduras de la cepa NMY51 con el plásmido pDHB1-OpsDHN1. El vector bait contiene el gen *LEU2* como marcador de selección auxotrófica, por lo que las clonas transformantes fueron crecidas en placas que contenían medio SD-Leu.

Verificación de la expresión de la dehidrina de nopal en el vector pDHB1-OpsDHN1

Para verificar la correcta expresión de la dehidrina de nopal en el vector bait (pDHB1-OpsDHN1), se co-transformó dicho plásmido con los plásmidos prey pAI-Alg5 (NubI) y pDL2-Alg5 (NubG).Las dos construcciones “prey” expresan una fusión de la proteína endógena de retículo endoplásmico Alg5 a la porción silvestre NubI de la ubiquitina (pAI-Alg5) o a la porción mutada NubG (pDL2-Alg5).

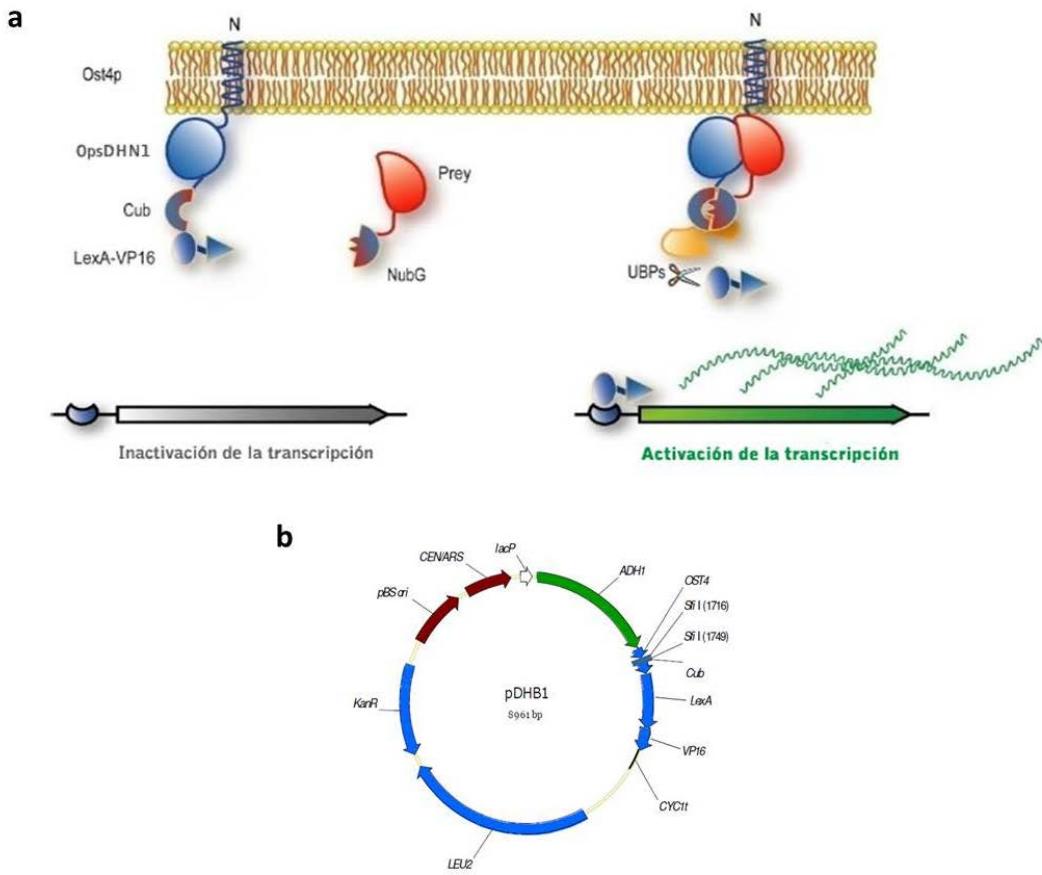


Fig. 1 Principio del sistema de dos híbridos DUALhunter. **a** La proteína de interés (bait) está insertada entre la proteína de membrana Ost4 (la cual ancla a la proteína en la membrana del retículo endoplásmico) y la mitad C-terminal de la ubiquitina (Cub), que es seguida por el factor de transcripción artificial LexA-VP16. Mientras que la proteína prey se encuentra fusionada a la mitad N-terminal mutada de la ubiquitina (NubG). Debido a que NubG no tiene afinidad por Cub y las dos mitades no interactúan cuando se co-expresan dentro de la célula, el factor de transcripción no puede activar a los genes reporteros. Sin embargo, si la proteína de interés y la proteína prey interactúan, Cub y NubG se complementan para formar lo que se conoce como split-ubiquitin y es entonces que las proteasas de la ubiquitina (UBPs) lo reconocen y hacen un corte que libera a LexA-VP16. Esto resulta en la translocación de LexA-VP16 al núcleo y por consiguiente, la activación transcripcional de los genes reporteros endógenos. **b** Vector bait (pDHB1) utilizado en el sistema DUALhunter. Este vector tiene el gen *LEU2* como marcador auxotrófico y es de bajo número de copia (*CEN/ARS*) y tiene un promotor débil *CYC11*. La secuencia del gen que codifica la proteína de interés se inserta mediante los sitios de restricción *SfiI*.

Sin que sea necesaria una interacción entre Alg5 y OpsDHN1, la unión de Cub que se encuentra en el vector bait-dehidrina y NubI del vector pAI-Alg5 ocurre debido a que existe una fuerte afinidad entre las dos partes cuando son co-expresadas en la misma célula, por lo que Cub y NubI se ensamblan dando lugar al llamado split-ubiquitin, entonces la ubiquitina se pliega en su forma nativa y de inmediato es reconocida por las proteasas de la ubiquitina (UBPs) que liberan al factor de transcripción LexA-VP16 y entonces se activa la transcripción de los genes reporteros. Lo anterior permite entonces que las levaduras que tienen las dos construcciones puedan crecer en medio selectivo cuádruple (SD-Leu-Trp-His-Ade) y desarrollar color azul lo cual indica que hay inducción de la enzima β -galactosidasa (Fig. 2). Como control negativo se co-transformó el plásmido pDSL-Alg5 (NubG-Alg5) con el plásmido bait-dehidrina y como era de esperarse el crecimiento de las levaduras en medio selectivo cuádruple (SD-Leu-Trp-His-Ade) es casi nulo, así como el desarrollo de color azul en el ensayo de actividad de β -galactosidasa (Fig. 2).

Debido a que la interacción entre el antígeno T grande de SV40 con la proteína supresora de tumores p53 ha sido descrita utilizando distintos métodos experimentales, se ha utilizado como un control positivo bien establecido en la mayoría de los sistemas de doble híbrido. Por lo anterior, el control positivo pDHB1-largeT (bait) también fue co-transformado en las células de levadura NMY51 con los plásmidos pAI-Alg5 y pDL2-Alg5, así como con el control positivo prepDSL- Δ p53. Por lo tanto, la co-expresión de los plásmidos pDHB1-largeT y pDSL- Δ p53 da como resultado el crecimiento robusto de las colonias de levadura crecidas en medio SD-Leu-Trp-His-Ade y una fuerte coloración en el ensayo de β -galactosidasa; este mismo resultado se observa al co-transformar los plásmidos pAI-Alg5 (NubI) y pDHB1-large T (Fig. 2). Por el contrario, como el antígeno grande T no interactúa con NubG-Alg5 no se observó un crecimiento robusto de las colonias de levadura crecidas en medio selectivo SD-Leu-Trp-His-Ade y no hay coloración en el ensayo de β -galactosidasa como se observa en la figura 2.

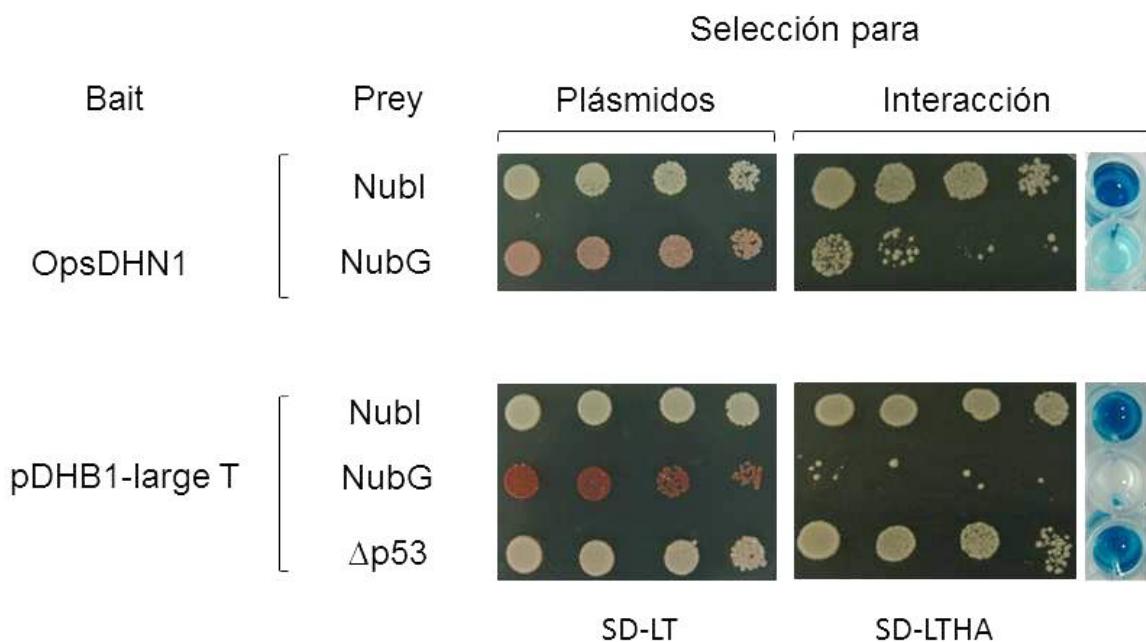


Fig. 2 Verificación de la expresión correcta de la construcción bait pDHB1/OpsDHN1 mediante el ensayo de crecimiento. Las colonias de levadura que expresaban la construcción bait pDHB1-OpsDHN1 y la construcción bait control pDHB1-largeT, fueron co-transformadas con las construcciones prey control Alg5-NubI o Δp53 (controles positivos) y con Alg5-NubG (control negativo). El crecimiento de las levaduras fue determinado empleando medio mínimo SD sin Trp y Leu (SD-TL) para ejercer presión de selección sobre las clonas que estuvieran expresando los dos plásmidos. El medio SD sin Trp, Leu, His y Ade (SD-TLHA) se empleó tanto para seleccionar las clonas que expresaran ambos plásmidos como para la interacción de las proteínas expresadas por los mismos. La disminución en el crecimiento y el débil desarrollo de color azul en el ensayo de actividad de β -galactosidasa, en presencia de la construcción Alg5-NubG confirma que la construcción bait pDHB1-OpsDHN1 no interactúa con Alg5 y por lo tanto no hay activación de los genes reporteros. Por otro lado, el crecimiento de las levaduras en presencia de la construcción Alg5-NubI, indica que la construcción bait se está expresando correctamente y que las proteínas se encuentran insertadas en la membrana.

Los datos obtenidos demuestran que la construcción bait-dehidrina se está expresando e insertando de manera correcta en la membrana de la levadura y con la orientación correcta, es decir, que la fusión Cub-LexA-VP16 está orientada hacia el citoplasma. Lo cual hace que la construcción pDHB1-OpsDHN1 sea funcional en el sistema (Fig. 2).

Co-transformación en levadura del vector bait pDHB1-OpsDHN1 con una biblioteca de cDNA de plántulas de *Arabidopsis* construida en el vector prey pDSL-Nx

Antes de llevar a cabo el escrutinio con la biblioteca de cDNA de *Arabidopsis*, se realizó una pequeña optimización del sistema. El sistema de dos híbridos emplea como marcador de selección auxotrófico el gen *HIS3*. Debido a que este marcador es sensible, pero tiene un ligero escape, lo que significa que un bait con un bajo nivel de auto-activación puede ser apropiado para el análisis pero podría originar un alto número de clonas interactoras, muchas de las cuales podrían ser falsos positivos. Por lo que el crecimiento de fondo debido al pequeño escape en la expresión del gen *HIS3* fue suprimida añadiendo al medio de selección 3-aminotriazol (3-AT), un inhibidor competitivo del producto del gen *HIS3*. El plásmido bait-dehidrina fue co-transformado con el vector vacío de la biblioteca (pPR3-N) en la cepa de levadura NMY51. El análisis del crecimiento de las levaduras fue hecho utilizando medio selectivo SD-Leu-Trp-His-Ade y suplementado con distintas concentraciones de 3-AT (35, 45 y 55 mM). Se determinó que la concentración requerida para inhibir la autoactivación del bait-dehidrina fue a partir de 45 mM de 3-AT como se puede observar en la figura 3 (Möckli et al. 2008; Möckli et al. 2007).

La identificación de las proteínas que interactúan con la dehidrina OpsDHN1 permitirá entender mejor la función y el mecanismo mediante el cual actúan las dehidrinas. Por lo que, en el presente trabajo se transformó la cepa de *S. cerevisiae* NMY51 que expresaba la construcción bait pDHB1-OpsDHN1 con 28 µg de la biblioteca de cDNA de *Arabidopsis* (DualsystemsBiotech).

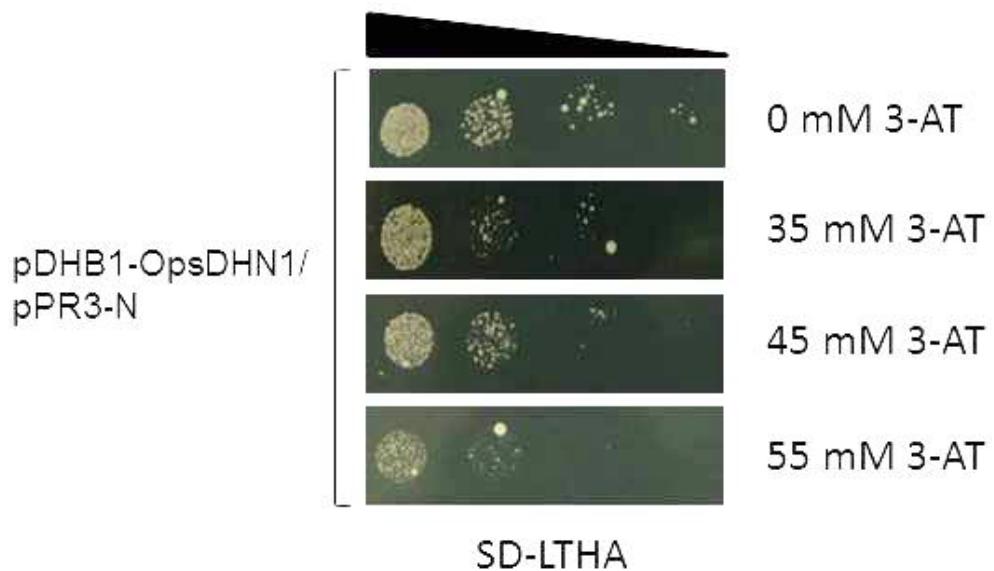


Fig. 3 Análisis de auto-activación de la construcción bait pDHB1-OpsDHN1. Para determinar el nivel de auto-activación del bait, levaduras de la cepa NMY51 fueron co-transformadas con los plásmidos pDHB1-OpsDHN1 y pPR3-N vacío. Las levaduras transformantes fueron crecidas en medio selectivo SD-Leu-Trp-His-Ade suplementado con distintas concentraciones de 3-AT para eliminar el crecimiento de fondo. Cinco microlitros de cultivos en líquido de colonias transformantes fueron sembrados a una $OD_{600}= 1$ y de varias diluciones (1:10, 1:100 y 1:1000).

Los interactores fueron seleccionados en placas que contenían medio selectivo cuádruple SD-Leu-His-Ade suplementado con 45, 55 y 60 mM de 3-AT, a partir de los cuales se aislaron 63, 51 y 57 clonas positivas respectivamente.

Posteriormente las 171 clonas obtenidas de las tres concentraciones de 3-AT fueron crecidas en placas con medio de selección SD-Leu-Trp-His-Ade suplementadas con sus correspondientes concentraciones de 3-AT; se observó crecimiento de todas las clonas (datos no mostrados). A continuación se realizó el ensayo de actividad de β -galactosidasa para las 171 clonas, en donde se observó que todas fueron LacZ positivas (datos no mostrados).

Nuestro siguiente paso fue aislar los plásmidos prey, los cuales contienen a los posibles interactores de la DHN de nopal; para ello las clonas obtenidas fueron crecidas en medio líquido SD-Leu-Trp y se les extrajo el plásmido (ver Materiales y Métodos). Posteriormente estos plásmidos fueron transformados en células de *E. coli* (DH5 α). Los plásmidos aislados de las levaduras eran una mezcla entre el plásmido bait y el plásmido prey que contenía el inserto de cDNA de *Arabidopsis*. Debido a que el plásmido prey tiene resistencia a ampicilina pero no el plásmido bait, las bacterias transformantes que contenían el vector con el inserto de cDNA fueron seleccionadas en cajas que contenían medio LB con ampicilina. Los plásmidos fueron aislados de las bacterias y se enviaron a secuenciar para su análisis.

De las 63 clonas seleccionadas de la interacción en 45 mM de 3-AT únicamente se lograron obtener las secuencias de un total de 40 clonas. Posteriormente se llevó a cabo un análisis más detallado de las secuencias obtenidas y se agruparon las clonas que codificaban la misma proteína y se identificaron 15 posibles interactores de OpsDHN1 (Tabla 1).

Interesantemente, dentro de este grupo de posibles interactores se identificaron principalmente proteínas que se localizan en la membrana como: una acuaporina (PIP2B), At2g24360 que codifica una proteína con actividad de serina/treonina/tirosina/cinasa, At4g35080 que codifica una proteína que puede unirse a iones metálicos, ATRER1C una proteína de función desconocida y RPT2B que es uno de los dos parálogos de la subunidad RPT2 del proteosoma

Tabla 1. Interactores de OpsDHN1 identificados en el sistema split-ubiquitin (45 mM 3-AT)

Nombre	No. de clonas	Función molecular	Localización subcelular
Metabolismo			
RPT2B	2	ATPasa, hidrolasa Proteína	Citosol, membrana plasmática
At2g24360			
	1	serina/treonina/tirosina cinasa	Membrana plasmática
At4g36530	1	Actividad catalítica/hidrolasa	Cloroplasto
At2g25610	1	ATPasa	Vacuola
LIL3:1	1	Factor de transcripción	Cloroplasto
GAUT1	1	Galacturonosiltransferasa	Aparato de Golgi
IAR3	1	Hidrolasa conjugada IAA-Ala	Retículo endoplásmico, membrana plasmática
Respuesta a estrés			
NPQ4	3	Unión a clorofila/xantofila	Cloroplasto, membrana
APX1	1	L-ascorbatoperoxidasa	Citoplasma
Transporte			
PIP2B	3	Canal de agua (acuaporina)	Membrana plasmática
ARA-5	1	Unión a GTP	Aparato de Golgi, membrana
At4g35080	1	Unión a iones metálicos	Cloroplasto, membrana
ATRER1C1	1	Desconocida	Membrana
Transducción de señales			
ABI1	1	Unión a proteínas	Núcleo
Desconocido			
At1g44920	19	Desconocida	Cloroplasto
APE1	2	Desconocida	Cloroplasto

26S; también se identificaron proteínas que se localizan en el cloroplasto como: NPQ4 una proteína que se une a pigmentos y está asociada al fotosistema II, LIL3:1 que pertenece a la familia de proteínas LHC que constituyen el sistema antena del aparato fotosintético, At4g36530 que codifica una proteína de la familia de las alfa/beta-hidrolasas, At4g35080 que codifica una proteína que forma parte de la familia de transportadores de níquel de alta afinidad (Tabla 1). Además se identificó una proteína de función desconocida (At1g44920) cuya secuencia se encontró repetida en 19 clones, lo que representa aproximadamente el 46% del total de secuencias obtenidas y analizadas correspondientes a este grupo de posibles intercambios (45 mM 3-AT).

En las tablas 2 y 3 se presentan los posibles intercambios identificados en medio selectivo SD-Leu-Trp-His-Ade suplementado con 55 y 60 mM del inhibidor 3-AT, respectivamente. En el caso de la condición 55 mM de 3-AT, se lograron obtener secuencias de 32 clones de 51, a partir de las cuales se identificaron 12 posibles intercambios de OpsDHN1 (Tabla 2). Dentro de este grupo de proteínas se encuentran las que se localizan en la membrana como por ejemplo: CPK29 una proteína cinasa dependiente de calcio, una acuaporina (PIP2B); proteínas que se localizan en el cloroplasto por ejemplo: CHLM una magnesio-protoporfirina IX metiltransferasa, At2g42220 que codifica una proteína de función desconocida (Tabla 2).

De las 57 clones aislados en la interacción con 60 mM de 3-AT, se lograron obtener secuencias de 37 clones, dentro de las cuales la mayoría codifica proteínas localizadas en el cloroplasto como: At3g63490 que codifica una proteína que se une a RNA, TIP2;2 y TIP2 que son proteínas intrínsecas del tonoplasto, LHCA2 una proteína que se une a la clorofila; así como proteínas localizadas en la membrana plasmática como por ejemplo: ATHOL1 una proteína con actividad de metiltransferasa, At2g24360 que codifica una proteína serin/treonin/tirosin cinasa (Tabla 3).

Sin embargo, cabe resaltar que el cDNA que codifica a una proteína de función desconocida At1g44920 se encontró nuevamente en la mayoría de las

Tabla 2. Interactores de OpsDHN1 identificados en el sistema split-ubiquitin (55 mM 3-AT)

Nombre	No. de clonas	Función molecular	Localización subcelular
Metabolismo			
CHLM	2	Actividad de magnesio protoporfirinametiltransferasa IX	Cloroplasto
CPK29	1	Proteína cinasa dependiente de calcio	Citoplasma, membrana plasmática
MERI5B	1	Xiloglucano:xiloglucosiltransferasa	Pared celular, citoplasma
LPAT2	1	Actividad de lisofosfatidilaciltransferasa	Retículo endoplásmico
Respuesta a estrés			
NPQ4	3	Unión a clorofila/xantofila	Cloroplasto, membrana
APX1	1	L-ascorbatoperoxidasa	Citoplasma
Transporte			
ATRABA2C	3	Unión a GTP	Citosol, membrana plasmática
PIP2B	2	Canal de agua (acuaporina)	Membrana plasmática
ARA-5	2	Unión a GTP	Aparato de Golgi, membrana
Desconocido			
At1g44920	13	Desconocida	Cloroplasto
At5g67370	2	Desconocida	-----
At2g42220	1	Desconocida	Cloroplasto

Tabla 3. Interactores de OpsDHN1 identificados en el sistema split-ubiquitin (60 mM 3-AT)

Nombre	No. de clonas	Función molecular	Localización subcelular
Metabolismo			
ATHOL1	1	Metiltransferasa	Membrana plasmática
At2g24360	1	Proteína serina/treonina/tirosina cinasa	Membrana plasmática
At3g63490	1	Unión a RNA	Cloroplasto, ribosoma
LHCA2	1	Unión a clorofila	Cloroplasto
At3g48420	1	Actividad hidrolasa	Cloroplasto
GAUT1	1	Poligalacturonato 4- α -galacturonosiltransferasa	Aparato de Golgi
XTR7	1	Xiloglucano:xiloglucosiltransferasa	Apoplasto, pared celular
Respuesta a estrés			
NPQ4	2	Unión a clorofila/xantofila	Cloroplasto, membrana
DRT100	1	Unión a nucleótidos	Cloroplasto
Transporte			
PIP2B	2	Acuaporina	Membrana plasmática
ARA-5	1	Unión a GTP	Aparato de Golgi, membrana
CAO	1	Unión a proteínas	Cloroplasto
TIP2;2	1	Canal de agua	Cloroplasto, vacuola
TIP2	1	Canal de agua	Cloroplasto, retículo endoplásmico, vacuola
Transducción de señales			
ARA-3	1	Unión a GTP	Membrana plasmática
Desconocido			
At2g42220	1	Desconocida	Cloroplasto
At4g30260	1	Desconocida	Citosol, membrana
At1g44920	18	Desconocida	Cloroplasto

clonas seleccionadas de 55 y 60 mM 3-AT, mismas que representan aproximadamente un 40 y 48% de las secuencias analizadas respectivamente (Tablas 2 y 3), lo que sugiere una fuerte interacción con la proteína OpsDHN1.

En total se identificaron 34 posibles interactores bajo la selección de las tres concentraciones de 3-AT (45, 55 y 60 mM). En la figura 4 se presenta un diagrama de Venn en el cual se muestran los posibles interactores de la proteína OpsDHN1 de las tres concentraciones. Además se puede observar que cuatro de estos interactores (At1g44920, NPQ4, PIP2B y ARA-5) se aislaron en las tres condiciones de selección, lo que sugiere que se trata de una interacción fuerte entre estas proteínas y la OpsDHN1.

Por otro lado, es importante resaltar que se obtuvieron 19 clonas independientes que representan aproximadamente el 46% del total de secuencias analizadas (Tabla 1), que contenían una secuencia de cDNA que codifica una proteína de función desconocida (At1g44920) localizada en el cloroplasto, lo que sugiere que existe una alta afinidad en la interacción con la dehidrina OpsDHN1.

Ensayo de re-transformación de los interactores identificados en 45 mM 3-AT

Como en cualquier otro método de selección genética, el sistema de dos híbridos split-ubiquitin puede originar algunas interacciones no específicas que presentan el fenotipo *His*⁺ y *LacZ*⁺ sin que exista interacción con la proteína de interés, a este tipo de interacciones se les conoce como “falsos positivos”. Por lo que para demostrar que el sistema es específico e identificar algún falso positivo, los plásmidos prey que se muestran en la Tabla 1 fueron re-transformados en la cepa NMY51 de *S. cerevisiae* con el plásmido bait pDHB1-OpsDHN1 o con el plásmido control pDHB1-largeT. Las clonas que nuevamente presentaron el fenotipo *His*⁺ y *LacZ*⁺ cuando se co-expresaron con el bait pDHB1-OpsDHN1 (Fig. 5), y no con el bait control pDHB1-largeT (datos no mostrados), las consideramos como interactores verdaderos.

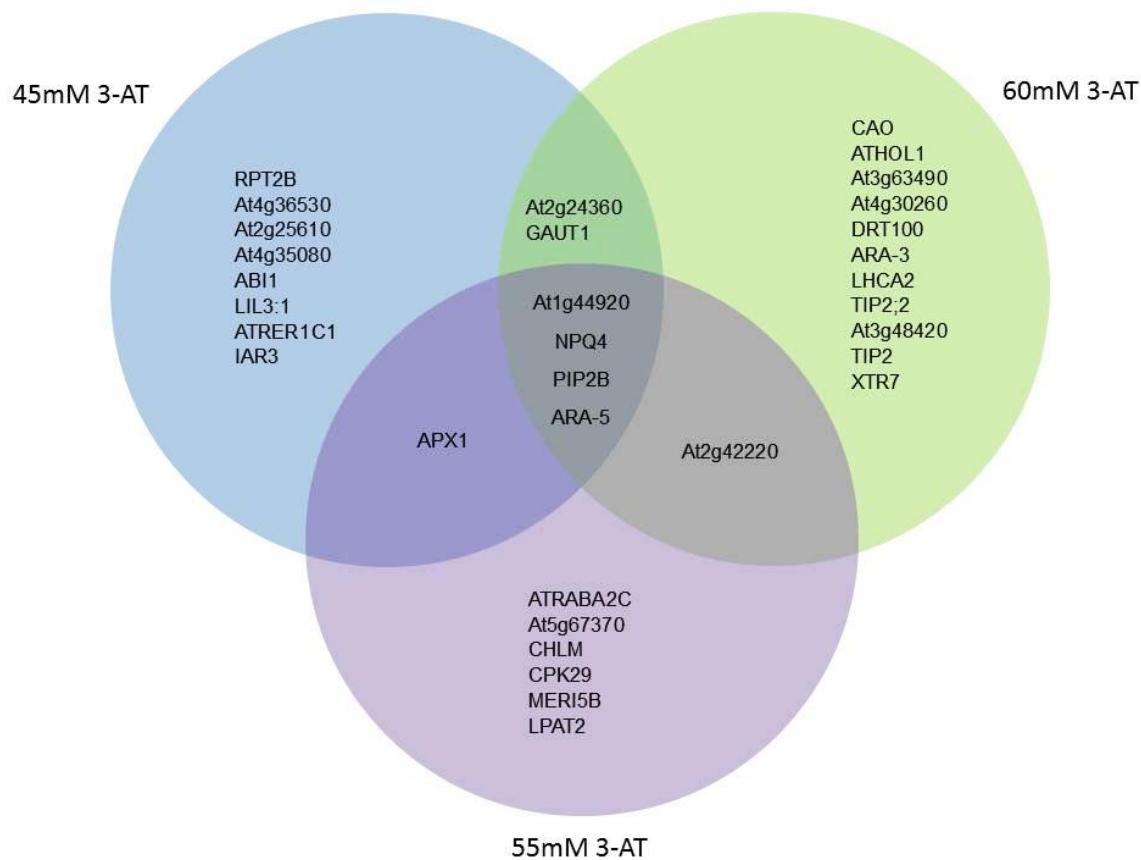


Fig. 4 Diagrama de Venn que muestra todos los posibles interactores identificados bajo las tres distintas condiciones de selección. La identidad de las secuencias obtenidas de las clonas aisladas en cada una de las tres condiciones de astringencia empleadas (45, 55 y 60 mM de 3-AT) se realizó mediante un análisis bioinformático empleando el algoritmo BLAST. Únicamente cuatro proteínas (At1g44920, NPQ4, PIP2B y ARA-5) fueron identificadas como posibles interactores en las tres condiciones lo que sugiere que la interacción es fuerte; además se identificaron proteínas que únicamente se aislaron en cada una de las condiciones utilizadas, lo cual podría deberse a que la interacción sea débil.

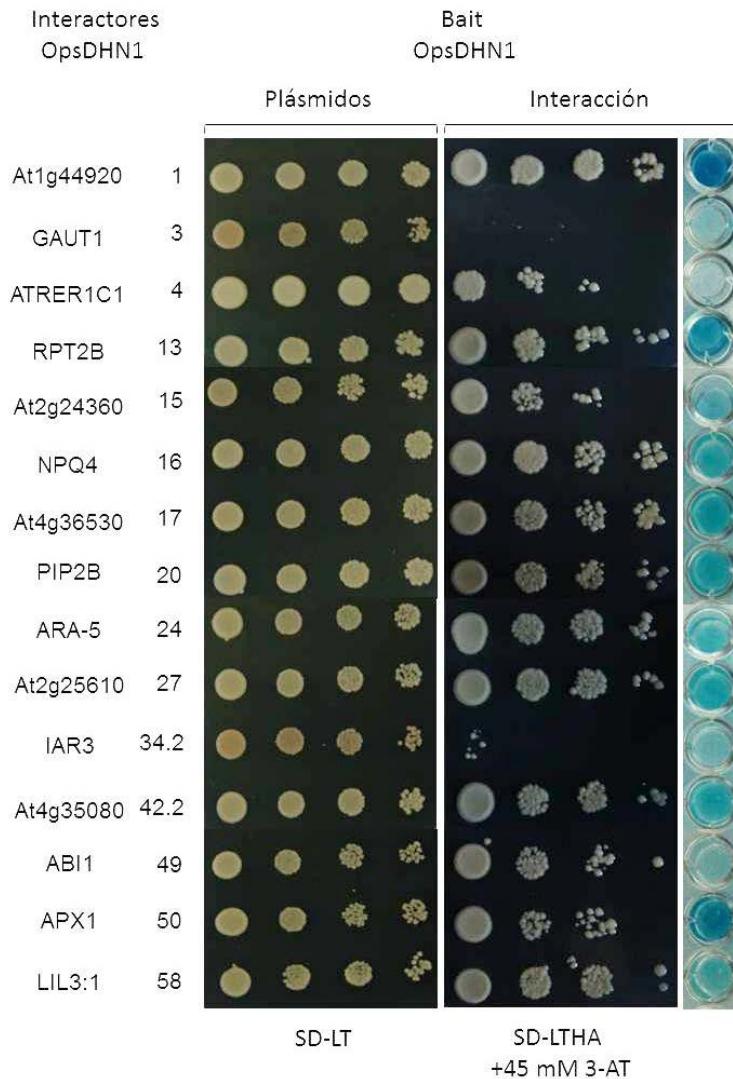


Fig. 5 Análisis y confirmación de los interactores de OpsDHN1 identificados en el sistema de dos híbridos split-ubiquitin. En el ensayo de dependencia de bait realizado con los posibles interactores de OpsDHN, se consideraron como interactores verdaderos dependientes del bait, cuando el prey en cuestión interactuaba con OpsDHB1 y presentaba el fenotipo *His3+* *LacZ+*. Únicamente 13 de los 15 interactores (preys) probados mostraron dichas características. La interacción se analizó mediante el crecimiento de las levaduras en medio SD-Leu-Trp-His-Ade y suplementado con 45 mM de 3-AT el mismo medio a partir del cual fueron seleccionadas originalmente las clonas. El panel derecho muestra los resultados del ensayo de actividad de β -galactosidasa para cada uno de los interactores analizados y la foto fue tomada después de 2 h de realizado el ensayo. Los números a la izquierda indican el número de clona analizada.

En total, de los 16 posibles interactores de OpsDHN1 que se encontraron en el ensayo, sólo la clona que contiene el cDNA que codifica la proteína APE1 de función desconocida y que se localiza en el cloroplaso, no mostró crecimiento en medio SD-Leu-Trp por lo que no se incluyó en el ensayo.

La mayoría de las proteínas interactúan de manera reproducible con la proteína OpsDHN1, excepto dos clonas, IAR3 y GAUT1 (Fig. 5). En el caso de At1g44920 y At2g20140, la coloración azul intensa en el ensayo de actividad de β -galactosidasa indica que existe una fuerte interacción con OpsDHN1, mientras que una disminución en la coloración indica que la interacción es menos fuerte. En el caso de las proteínas GAUT1 e IAR3, éstas mostraron no tener una interacción reproducible con OpsDHN1, lo cual sugiere que no son interactores verdaderos. Los interactores fueron clasificados de acuerdo a su función molecular (Tabla 1). Además, la mayoría de los interactores se encontró que se localizan en la membrana, lo cual apoya la hipótesis de que las dehidrinas pueden estabilizar la membrana durante condiciones de estrés (Tabla 1).

Interacción OpsDHN1-OpsDHN1

Otro de los puntos que analizamos fue probar si OpsDHN1 podía interactuar consigo misma. Para ello, se generó la construcción prey (pPR3-OpsDHN1) que expresa el ORF completo del gen *OpsDHN1* fusionado en su extremo C-terminal a la mitad N-terminal de la versión mutada de la ubiquitina (NubG-OpsDHN1).

Ambas construcciones pDHB1-OpsDHN1 (bait) y pPR3-OpsDHN1 (prey) fueron co-transformadas en la cepa de levadura NMY51. La interacción fue evaluada mediante el crecimiento en medio selectivo (SD-LTHA) suplementado con 45 y 55 mM de 3-AT, y a través de la observación del desarrollo de color azul mediante el ensayo de actividad de β -galactosidasa. Lo que se observó fue que OpsDHN1 es capaz de interactuar consigo (Fig 6). Esto sugiere entonces, que esta dehidrina de nopal es capaz de formar un dímero.

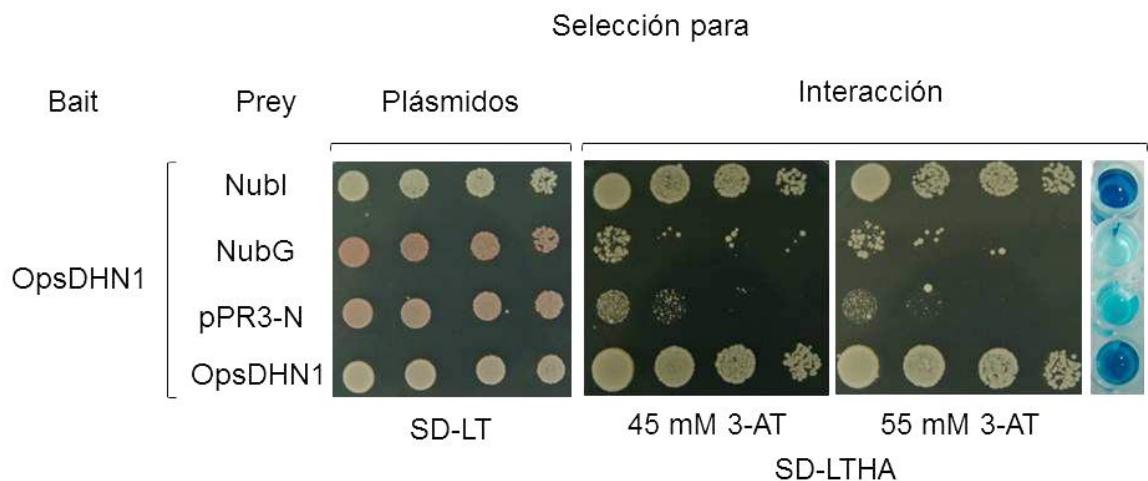


Fig. 6 Interacción OpsDHN1-OpsDHN1. La cepa NMY51 fue transformada con las construcciones bait (pDHB1-OpsDHN1) y prey (pPR3-N-OpsDHN1). La interacción dehidrina-dehidrina se determinó mediante el crecimiento en medio selectivo SD-Leu-Trp-His-Ade suplementado con 45 o 55 mM del inhibidor 3-AT. Cinco microlitros de cultivo en líquido de colonias transformantes fueron sembrados a partir de una $OD_{600}= 1$ en diluciones seriadas (1:10, 1:100 y 1:1000). Las placas fueron incubadas durante 5 días a 28°C al término de los cuales fueron tomadas las fotografías. Los resultados del ensayo de actividad de β -galactosidasa se muestran en el panel derecho, la fotografía corresponde a 2h posteriores al inicio del ensayo.

Discusión

El frío, la sequía y la salinidad son los principales factores ambientales que limitan el desarrollo y la productividad de las plantas, lo que repercute negativamente en la agricultura. Para sobrevivir, las plantas han tenido que desarrollar una serie de mecanismos moleculares, bioquímicos y fisiológicos finamente regulados, lo que les ha permitido percibir y adaptarse a los cambios en su medio ambiente.

La síntesis y acumulación de proteínas LEA se ha descrito como uno de los mecanismos comúnmente desarrollado por las plantas para hacer frente al estrés provocado por el déficit hídrico (Hanin et al. 2011; Close 1997). Sin embargo, y a pesar de que las proteínas LEA fueron descubiertas en algodón hace 31 años (Dure et al. 1981; Dure and Chlan 1981), la función precisa que desempeñan aún se desconoce (Eriksson and Harryson 2011; Hanin et al. 2011; Hara 2010; Kosová et al. 2011).

Dentro de la familia de proteínas LEA, las dehidrinas forman un grupo muy amplio, el cual hasta la fecha cuenta con cientos de genes descritos en diversas plantas y es, sin lugar a dudas el grupo de proteínas LEA más estudiado (Rorat 2006; Svensson et al. 2002; Kosová et al. 2011; Battaglia et al. 2008; Hara 2010). Numerosos estudios, principalmente experimentos de ganancia de función, demuestran que la sobreexpresión de genes de dehidrinas incrementa la tolerancia a estrés abiótico como bajas temperaturas, deshidratación y estrés osmótico. La mayoría de dichos estudios se han enfocado en plantas como *Arabidopsis* y tabaco, o en cultivos de cereales de gran importancia económica como el trigo y el arroz (Saavedra et al. 2006; Brini et al. 2007; Puhakainen et al. 2004; Hara et al. 2003; Houde et al. 2004; Ismail et al. 1999; Shekhawat et al. 2011; Suprunova et al. 2004; Yin et al. 2006; Xing et al. 2011; Peng et al. 2008; Kaye et al. 1998; RoyChoudhury et al. 2007; Cheng et al. 2002; Figueiras et al. 2004; Park et al. 2006; Ochoa-Alfaro et al. 2012).

Además se ha vinculado a las DHNs con diversos mecanismos moleculares tales como: el secuestro de iones, actividad antioxidante, unión a DNA y a otras

proteínas, así como la unión y estabilización de la membrana plasmática y la membrana de organelos durante condiciones de estrés (Brini et al. 2011; Eriksson et al. 2011; Hara 2010; Rahman et al. 2011; Rahman et al. 2010). También, se ha observado que una dehidrina ácida (SK_3) de maíz puede interactuar con vesículas unilamelares pequeñas compuestas de fosfolípidos cargados negativamente (Koag et al. 2003; Koag et al. 2009), y que dos dehidrinas de *Arabidopsis*, ERD10 y ERD14 interactúan con liposomas fosfolipídicos (Kovacs et al. 2008). Recientemente, se ha reportado que dos dehidrinas de *Tellungiella salsuginea* (TsDHN-1 y TsDHN-2) interactúa con bicapas lipídicas que simulan las membranas celulares y que a bajas temperaturas se favorece una estructura secundaria más ordenada de las dehidrinas, ya que se favorece la formación de láminas beta en lugar de hélices alfa, lo anterior ha fortalecido más la hipótesis de que las dehidrinas estabilizan la membrana en condiciones de estrés por frío (Rahman et al. 2010).

No obstante, la identificación de las proteínas con las que interactúan las dehidrinas representa un punto clave para lograr un mayor entendimiento de la función que estas proteínas desempeñan en la tolerancia a estrés abiótico. Respecto a la dehidrina de nopal OpsDHN1, nuestro grupo reportó que plantas transgénicas de *Arabidopsis* que sobreexpresan dicho gen (*OpsDHN1*) son más tolerantes a estrés por frío (Ochoa-Alfaro et al. 2012), lo que nos llevaría a sugerir que la OpsDHN1 podría estar estabilizando membranas y/o proteínas para que la planta pueda tolerar dicho estrés.

Por ello, en el presente estudio empleamos la técnica de dos híbridos llamada split-ubiquitin, para identificar los posibles interactoros de OpsDHN1. Este sistema resulta ventajoso ya que se pueden caracterizar proteínas ácidas. En este caso particular, la dehidrina de nopal es una proteína ácida, lo que la convierte en un buen candidato para ser empleada en esta técnica, ya que mediante el sistema de dos híbridos tradicional no hubiera sido posible evaluarla.

Utilizando el sistema de dos híbridos split-ubiquitin con OpsDHN1 como bait y una biblioteca de cDNA de *A. thaliana* como prey, se lograron identificar 33 posibles proteínas interactoras en medio selectivo supplementado con 45, 55 y 60

mM de 3-AT, las cuales se clasificaron en varios grupos de acuerdo a su función celular.

A pesar de que en el sistema se empleó una biblioteca de cDNA de *A. thaliana* y una dehidrina aislada de *O. streptacantha* resulta posible extrapolar los resultados obtenidos debido a que las dehidrinas presentan un alto grado de similitud en su secuencia en las regiones donde se localizan los segmentos conservados (K y S), mientras que el resto de la secuencia varía entre todas ellas. En el caso de OpsDHN1, esta se agrupa con las dehidrinas ácidas de *A. thaliana*, presentando porcentajes de identidad de 44% con ERD14, 35% con ERD10 y 33% con COR47, los cuales están en el rango común cuando se comparan dehidrinas de plantas. Otro punto que favorece la utilización de esta interacción heteróloga para estudiar la función de las DHNs, es que las plantas transgénicas de *Arabidopsis* que sobreexpresan el gen OpsDHN1 son tolerantes al estrés, lo que indica que debe existir una interacción entre la dehidrina de nopal con componentes subcelulares de *Arabidopsis* que les confiere dicha tolerancia al estrés.

La mayoría de los interactores son proteínas que participan en procesos como el metabolismo y la respuesta a estrés. Cuando se re-transformaron los plásmidos identificados en el ensayo de 45 mM de 3-AT, la mayoría de las clonas nuevamente mostraron tener una interacción positiva observada anteriormente.

Cabe mencionar que estos cuatro interactores, At1g44920, NPQ4, PIP2B y ARA-5 fueron los únicos aislados en las tres condiciones de selección empleadas, lo cual nos lleva a pensar que se trata de interacciones muy estables, no obstante el incremento en las concentraciones de 3-AT, éstos se siguieron obteniendo, incluso en la concentración más alta. En particular, la proteína de función desconocida At1g44920 fue el interactor más abundante en cada una de las condiciones de selección analizadas. A pesar de que no se conoce la función de este gen At1g44920, se sabe que se localiza en el cloroplasto (Tyra et al. 2007; Bosco et al. 2004) y que contiene un dominio de función desconocida DUF3054 (InterPro:IPR0214149). Debido a que se han localizado dehidrinas en el

cloroplasto como: PCA60 en durazno (Wisniewski et al. 1999); resulta de gran interés probar si existe interacción entre At1g44920 y OpsDHN1 *in planta*.

Respecto a la proteína NPQ4, esta se encuentra asociada al fotosistema II (PSII) y está involucrada en el proceso de quenching no fotoquímico, el cuál ayuda a proteger y regular el proceso de fotosíntesis, sobretodo en ambientes en los cuales la absorción de energía luminosa por parte de las plantas, excede su capacidad de utilización (Müller et al. 2001). PIP2B es una acuaporina que se localiza en la membrana plasmática y facilita el transporte de agua a través de la membrana; se ha visto que su transcripto se acumula en hojas de plantas de Arabidopsis durante condiciones de estrés por frío, sequía y alta salinidad, sin embargo el papel que ésta desempeña en el estrés aún no está claro (Kreps et al. 2002; Jang et al. 2004), Por su parte, ARA-5 es una proteína que pertenece a la subfamilia Rab1 GTPasas, la cual está involucrada en el transporte del retículo endoplásmico al aparato de Golgi (Batoko et al. 2000). En conclusión nuestros datos sugieren que OpsDHN1 podría estar actuando como una chaperona que al interactuar con proteínas involucradas en el proceso de fotosíntesis, transporte, metabolismo y de respuesta a estrés, estaría protegiendo y resguardando energía clave necesaria para que las plantas puedan adaptarse y tolerar el estrés por frío.

Por último, el mostrar mediante el sistema split-ubiquitin de levadura que OpsDHN1 puede interactuar consigo misma, resulta sumamente interesante; debido a que esto sugiere que podrían formarse complejos homo-oligoméricos. Lo anterior concuerda con lo que se ha reportado para COR85, una dehidrina de espinaca que está asociada con la tolerancia a congelamiento y que aparentemente forma un complejo homo-oligomérico tanto en condiciones de baja temperatura como de temperatura normal de crecimiento (Kazuoka and Oeda 1994). Por otro lado, también se ha reportado que el grupo 3 de la familia de proteínas LEA puede formar oligómeros (Dure 1993; Goyal et al. 2003). Además, la formación de dímeros por parte de otras proteínas intrínsecamente desordenadas (IDPs) se ha reportado recientemente para varios sistemas y se ha sugerido que tiene un papel importante en la señalización transmembrana (Sigalov 2011); mientras que existe evidencia de que otras IDPs pueden formar

homodímeros específicos mediante los cuales ejercen su función (Sigalov 2010). Por lo tanto, es factible que la OpsDHN1 pueda tener otros interactores cuando está formando dímeros; lo que constituye otro mecanismo mediante el cual podría ejercer una función regulatoria y estructural para mantener la homeostasis celular bajo condiciones de estrés.

Referencias

- Alsheikh MK, Heyen BJ, Randall SK (2003) Ion binding properties of the dehydrin ERD14 are dependent upon phosphorylation. *J Biol Chem* 278 (42):40882-40889
- Alsheikh MK, Svensson JT, Randall SK (2005) Phosphorylation regulated ion-binding is a property shared by the acidic subclass dehydrins. *Plant, Cell and Environment* 28 (9):1114-1122
- Allagulova CR, Gimalov FR, Shakirova FM, Vakhitov VA (2003) The Plant Dehydrins: Structure and Putative Functions. *Biochemistry (Moscow)* 68 (9):945-951
- Bae EK, Lee H, Lee JS, Noh EW (2009) Differential expression of a poplar SK2-type dehydrin gene in response to various stresses. *BMB Rep* 42 (7):439-443
- Batoko H, Zheng H-Q, Hawes C, Moore I (2000) A Rab1 GTPase Is Required for Transport between the Endoplasmic Reticulum and Golgi Apparatus and for Normal Golgi Movement in Plants. *The Plant Cell Online* 12 (11):2201-2218
- Battaglia M, Olvera-Carrillo Y, Garciarrubio A, Campos F, Covarrubias AA (2008) The enigmatic LEA proteins and other hydrophilins. *Plant Physiol* 148 (1):6-24
- Bies-Etheve N, Gaubier-Comella P, Debures A, Lasserre E, Jobet E, Raynal M, Cooke R, Delseny M (2008) Inventory, evolution and expression profiling diversity of the LEA (late embryogenesis abundant) protein gene family in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Mol Biol* 67 (1-2):107-124
- Bosco CD, Lezhneva L, Biehl A, Leister D, Strotmann H, Wanner G, Meurer J (2004) Inactivation of the Chloroplast ATP Synthase γ Subunit Results in High Non-photochemical Fluorescence Quenching and Altered Nuclear Gene Expression in *Arabidopsis thaliana*. *Journal of Biological Chemistry* 279 (2):1060-1069
- Bray EA (1993) Molecular Responses to Water Deficit. *Plant Physiol* 103 (4):1035-1040
- Bray EA (1997) Plant responses to water deficit. *Trends in Plant Science* 2:48-54
- Bray EA (2004) Genes commonly regulated by water-deficit stress in *Arabidopsis thaliana*. *Journal of Experimental Botany* 55 (407):2331-2341
- Bray EA, Bailey-Serres J, Weretilnyk E (2000) Responses to abiotic stress. In: Buchanan B, Grussem W, Jones R (eds) *Biochemistry and Molecular Biology of Plants*. American Society of Plant Physiologists, Rockville, MD, pp 1158-1249
- Brini F, Hanin M, Lumbrieras V, Amara I, Khoudi H, Hassairi A, Pages M, Masmoudi K (2007) Overexpression of wheat dehydrin DHN-5 enhances tolerance to salt and osmotic stress in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Cell Rep* 26 (11):2017-2026
- Brini F, Saibi W, Amara I, Gargouri A, Masmoudi K, Hanin M (2010) Wheat dehydrin DHN-5 exerts a heat-protective effect on β -glucosidase and glucose oxidase activities. *Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry* 74 (5):1050-1054

- Brini F, Yamamoto A, Jlaiel L, Takeda S, Hobo T, Dinh HQ, Hattori T, Masmoudi K, Hanin M (2011) Pleiotropic Effects of the Wheat Dehydrin DHN-5 on Stress Responses in Arabidopsis. *Plant Cell Physiol* 52 (4):676-688
- Campbell SA, Close TJ (1997) Dehydrins: Genes, Proteins, and Associations with Phenotypic Traits. *New Phytologist* 137 (1):61-74
- Close TJ (1996) Dehydrins: Emergence of a biochemical role of a family of plant dehydration proteins. *Physiologia Plantarum* 97 (4):795-803
- Close TJ (1997) Dehydrins: A commonality in the response of plants to dehydration and low temperature. *Physiologia Plantarum* 100 (2):291-296
- Close TJ, Lammers PJ (1993) An Osmotic Stress Protein of Cyanobacteria Is Immunologically Related to Plant Dehydrins. *Plant Physiology* 101 (3):773-779
- Cheng Z, Targolli J, Huang X, Wu R (2002) Wheat LEA genes, PMA80 and PMA1959, enhance dehydration tolerance of transgenic rice (*Oryza sativa* L.). *Molecular Breeding* 10 (1):71-82
- Dure L (1993) A repeating 11-mer amino acid motif and plant desiccation. *The Plant Journal* 3 (3):363-369
- Dure L, Crouch M, Harada J, Ho T-HD, Mundy J, Quatrano R, Thomas T, Sung ZR (1989) Common amino acid sequence domains among the LEA proteins of higher plants. *Plant Molecular Biology* 12 (5):475-486
- Dure L, Chlan C (1981) Developmental Biochemistry of Cottonseed Embryogenesis and Germination : XII. PURIFICATION AND PROPERTIES OF PRINCIPAL STORAGE PROTEINS. *Plant Physiology* 68 (1):180-186
- Dure L, Greenway SC, Galau GA (1981) Developmental biochemistry of cottonseed embryogenesis and germination: changing messenger ribonucleic acid populations as shown by in vitro and in vivo protein synthesis. *Biochemistry* 20 (14):4162-4168
- Engebrecht J, Brent R, Kaderbhai MA (2001) Minipreps of plasmid DNA. *Curr Protoc Mol Biol Chapter 1:Unit1* 6
- Eriksson SK, Harryson P (2011) Dehydrins: Molecular Biology, Structure and Function. In: Lütte U, Beck E, Bartels D (eds) *Plant Desiccation Tolerance*, vol 215. Ecological Studies. Springer Berlin Heidelberg, pp 289-305
- Eriksson SK, Kutzer M, Procek J, Gröbner G, Harryson P (2011) Tunable Membrane Binding of the Intrinsically Disordered Dehydrin Lt30, a Cold-Induced Plant Stress Protein. *The Plant Cell Online* 23 (6):2391-2404
- Figueras M, Pujal J, Saleh A, Save R, Pages M, Goday A (2004) Maize Rab17 overexpression in Arabidopsis plants promotes osmotic stress tolerance. *Annals of Applied Biology* 144 (3):251-257
- Galau GA, Dure L (1981) Developmental biochemistry of cottonseed embryogenesis and germination: changing messenger ribonucleic acid populations as shown by reciprocal heterologous complementary deoxyribonucleic acid-messenger ribonucleic acid hybridization. *Biochemistry* 20 (14):4169-4178
- Galau GA, Hughes DW, Dure L (1986) Abscisic acid induction of cloned cotton late embryogenesis-abundant (Lea) mRNAs. *Plant Molecular Biology* 7 (3):155-170

- Goyal K, Tisi L, Basran A, Browne J, Burnell A, Zurdo J, Tunnacliffe A (2003) Transition from Natively Unfolded to Folded State Induced by Desiccation in an Anhydrobiotic Nematode Protein. *Journal of Biological Chemistry* 278 (15):12977-12984
- Goyal K, Walton LJ, Tunnacliffe A (2005) LEA proteins prevent protein aggregation due to water stress. *Biochem J* 388 (Pt 1):151-157
- Hand SC, Menze MA, Toner M, Boswell L, Moore D (2011) LEA proteins during water stress: not just for plants anymore. *Annu Rev Physiol* 73:115-134
- Hanin M, Brini F, Ebel C, Toda Y, Takeda S (2011) Plant dehydrins and stress tolerance: versatile proteins for complex mechanisms. *Plant Signal Behav* 6 (10):1503-1509
- Hara M (2010) The multifunctionality of dehydrins: An overview. *Plant Signal Behav* 5 (5):503-508
- Hara M, Fujinaga M, Kuboi T (2005) Metal binding by citrus dehydrin with histidine-rich domains. *J Exp Bot* 56 (420):2695-2703
- Hara M, Shinoda Y, Tanaka Y, Kuboi T (2009) DNA binding of citrus dehydrin promoted by zinc ion. *Plant Cell Environ* 32 (5):532-541
- Hara M, Terashima S, Fukaya T, Kuboi T (2003) Enhancement of cold tolerance and inhibition of lipid peroxidation by citrus dehydrin in transgenic tobacco. *Planta* 217 (2):290-298
- Hara M, Terashima S, Kuboi T (2001) Characterization and cryoprotective activity of cold-responsive dehydrin from Citrus unshiu. *Journal of Plant Physiology* 158 (10):1333-1339
- Heyen BJ, Alsheikh MK, Smith EA, Torvik CF, Seals DF, Randall SK (2002) The Calcium-Binding Activity of a Vacuole-Associated, Dehydrin-Like Protein Is Regulated by Phosphorylation. *Plant Physiology* 130 (2):675-687
- Hoffman CS (2001) Preparation of Yeast DNA. In: *Current Protocols in Molecular Biology*. John Wiley & Sons, Inc.
- Hoffman CS, Winston F (1987) A ten-minute DNA preparation from yeast efficiently releases autonomous plasmids for transformation of Escherichia coli. *Gene* 57 (2-3):267-272
- Hong-Bo S, Zong-Suo L, Ming-An S (2005) LEA proteins in higher plants: structure, function, gene expression and regulation. *Colloids Surf B Biointerfaces* 45 (3-4):131-135
- Houde M, Dallaire S, N'Dong D, Sarhan F (2004) Overexpression of the acidic dehydrin WCOR410 improves freezing tolerance in transgenic strawberry leaves. *Plant Biotechnol J* 2 (5):381-387
- Houde M, Daniel C, Lachapelle M, Allard F, Laliberté S, Sarhan F (1995) Immunolocalization of freezing-tolerance-associated proteins in the cytoplasm and nucleoplasm of wheat crown tissues. *The Plant Journal* 8 (4):583-593
- Hu L, Wang Z, Du H, Huang B (2010) Differential accumulation of dehydrins in response to water stress for hybrid and common bermudagrass genotypes differing in drought tolerance. *J Plant Physiol* 167 (2):103-109
- Hughes S, Graether SP (2011) Cryoprotective mechanism of a small intrinsically disordered dehydrin protein. *Protein Science* 20 (1):42-50.

- Hunault G, Jaspard E (2010) LEAPdb: a database for the late embryogenesis abundant proteins. *BMC Genomics* 11 (1):1-9
- Hundertmark M, Hincha DK (2008) LEA (late embryogenesis abundant) proteins and their encoding genes in *Arabidopsis thaliana*. *BMC Genomics* 9:118
- Ismail AM, Hall AE, Close TJ (1999) Purification and Partial Characterization of a Dehydrin Involved in Chilling Tolerance during Seedling Emergence of Cowpea. *Plant Physiology* 120 (1):237-244
- Jang JY, Kim DG, Kim YO, Kim JS, Kang H (2004) An Expression Analysis of a Gene Family Encoding Plasma Membrane Aquaporins in Response to Abiotic Stresses in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Molecular Biology* 54 (5):713-725
- Johnsson N, Varshavsky A (1994) Split ubiquitin as a sensor of protein interactions *in vivo*. *Proc Natl Acad Sci* 91:10340-10344
- Kaye C, Neven L, Hofig A, Li Q-B, Haskell D, Guy C (1998) Characterization of a Gene for Spinach CAP160 and Expression of Two Spinach Cold-Acclimation Proteins in Tobacco. *Plant Physiology* 116 (4):1367-1377
- Kazuoka T, Oeda K (1994) Purification and Characterization of COR85-Oligomeric Complex from Cold-Acclimated Spinach. *Plant and Cell Physiology* 35 (4):601-611
- Khurana P, Vishnudasan D, Chhibbar AK (2008) Genetic approaches towards overcoming water deficit in plants - special emphasis on LEAs. *Physiol Mol Biol Plants* 14 (4):277-298
- Koag M-C, Fenton RD, Wilkens S, Close TJ (2003) The binding of Maize DHN1 to Lipid Vesicles. Gain of Structure and Lipid Specificity. *Plant Physiology* 131 (1):309-316
- Koag M-C, Wilkens S, Fenton RD, Resnik J, Vo E, Close TJ (2009) The K-Segment of Maize DHN1 Mediates Binding to Anionic Phospholipid Vesicles and Concomitant Structural Changes. *Plant Physiology* 150 (3):1503-1514
- Kosová K, Prášil I, Vítámvás P (2011) Role of Dehydrins in Plant Stress Response. In: Pessarakli M (ed) *Handbook of Plant and Crop Stress*, Third Edition. Books in Soils, Plants, and the Environment. CRC Press, pp 239-285
- Kovacs D, Kalmar E, Torok Z, Tompa P (2008) Chaperone Activity of ERD10 and ERD14, Two Disordered Stress-Related Plant Proteins. *Plant Physiology* 147 (1):381-390
- Kreps JA, Wu Y, Chang H-S, Zhu T, Wang X, Harper JF (2002) Transcriptome Changes for *Arabidopsis* in Response to Salt, Osmotic, and Cold Stress. *Plant Physiology* 130 (4):2129-2141
- Krüger C, Berkowitz O, Stephan UW, Hell R (2002) A Metal-binding Member of the Late Embryogenesis Abundant Protein Family Transports Iron in the Phloem of *Ricinus communis* L. *Journal of Biological Chemistry* 277 (28):25062-25069
- Li R, Brawley SH, Close TJ (1998) PROTEINS IMMUNOLOGICALLY RELATED TO DEHYDRINS IN FUOID ALGAE. *Journal of Phycology* 34 (4):642-650
- Mockli N, Auerbach D (2004) Quantitative beta-galactosidase assay suitable for high-throughput applications in the yeast two-hybrid system. *BioTechniques* 36 (5):872-876

- Möckli N, Deplazes A, Auerbach D (2008) Finding new protein interactions using the DUALhunter system. *Nature Methods* 5 (2):i-ii
- Möckli N, Deplazes A, Hassa PO, Zhang Z, Peter M, Hottiger MO, Stagljar I, Auerbach D (2007) Yeast split-ubiquitin-based cytosolic screening system to detect interactions between transcriptionally active proteins. *BioTechniques* 42 (6):725-730
- Mu P, Feng D, Su J, Zhang Y, Dai J, Jin H, Liu B, He Y, Qi K, Wang H, Wang J (2011) Cu²⁺ triggers reversible aggregation of a disordered His-rich dehydrin MpDhn12 from *Musa paradisiaca*. *Journal of Biochemistry* 150 (5):491-499
- Müller P, Li X-P, Niyogi KK (2001) Non-Photochemical Quenching. A Response to Excess Light Energy. *Plant Physiology* 125 (4):1558-1566
- Ochoa-Alfaro A, Rodríguez-Kessler M, Pérez-Morales M, Delgado-Sánchez P, Cuevas-Velazquez C, Gómez-Anduro G, Jiménez-Bremont J (2012) Functional characterization of an acidic SK₃ dehydrin isolated from an *Opuntia streptacantha* cDNA library. *Planta* 235 (3):565-578
- Park S-Y, Noh K, Yoo J, Yu J, Lee B, Kim J, Seo H, Paek N (2006) Rapid upregulation *Dehydrin3* and *Dehydrin4* in response to dehydration is a characteristic of drought-tolerant genotypes in barley. *Journal of Plant Biology* 49 (6):455-462
- Peng Y, Reyes JL, Wei H, Yang Y, Karlson D, Covarrubias AA, Krebs SL, Fessehaie A, Arora R (2008) RcDhn5, a cold acclimation-responsive dehydrin from *Rhododendron catawbiense* rescues enzyme activity from dehydration effects *in vitro* and enhances freezing tolerance in RcDhn5-overexpressing *Arabidopsis* plants. *Physiologia Plantarum* 134 (4):583-597
- Popova OV, Yang O, Dietz KJ, Golldack D (2008) Differential transcript regulation in *Arabidopsis thaliana* and the halotolerant *Lobularia maritima* indicates genes with potential function in plant salt adaptation. *Gene* 423 (2):142-148
- Puhakainen T, Hess MW, Makela P, Svensson J, Heino P, Palva ET (2004) Overexpression of multiple dehydrin genes enhances tolerance to freezing stress in *Arabidopsis*. *Plant Mol Biol* 54 (5):743-753
- Rahman LN, Bamm VV, Voyer JA, Smith GS, Chen L, Yaish MW, Moffatt BA, Dutcher JR, Harauz G (2011) Zinc induces disorder-to-order transitions in free and membrane-associated *Thellungiella salsuginea* dehydrins TsDHN-1 and TsDHN-2: a solution CD and solid-state ATR-FTIR study. *Amino Acids* 40 (5):1485-1502
- Rahman LN, Chen L, Nazim S, Bamm VV, Yaish MW, Moffatt BA, Dutcher JR, Harauz G (2010) Interactions of intrinsically disordered *Thellungiella salsuginea* dehydrins TsDHN-1 and TsDHN-2 with membranes - synergistic effects of lipid composition and temperature on secondary structure. *Biochem Cell Biol* 88 (5):791-807
- Reyes JL, Campos F, Wei HUI, Arora R, Yang Y, Karlson DT, Covarrubias AA (2008) Functional dissection of Hydrophilins during *in vitro* freeze protection. *Plant, Cell & Environment* 31 (12):1781-1790
- Roberts JK, DeSimone NA, Lingle WL, Dure L, 3rd (1993) Cellular Concentrations and Uniformity of Cell-Type Accumulation of Two Lea Proteins in Cotton Embryos. *Plant Cell* 5 (7):769-780

- Rorat T (2006) Plant dehydrins--tissue location, structure and function. *Cell Mol Biol Lett* 11 (4):536-556
- RoyChoudhury A, Roy C, Sengupta D (2007) Transgenic tobacco plants overexpressing the heterologous *lea* gene *Rab16A* from rice during high salt and water deficit display enhanced tolerance to salinity stress. *Plant Cell Reports* 26 (10):1839-1859
- Saavedra L, Svensson J, Carballo V, Izmendi D, Welin B, Vidal S (2006) A dehydrin gene in *Physcomitrella patens* is required for salt and osmotic stress tolerance. *Plant J* 45 (2):237-249
- Shao H-B, Guoc Q-J, Chuc L-Y, Zhao X-N, Suc Z-L, Hud Y-C, Cheng J-F (2007) Understanding molecular mechanism of higher plant plasticity under abiotic stress. *Colloids and Surfaces B: Biointerfaces* 54:37-45
- Shekhawat U, Srinivas L, Ganapathi T (2011) *MusaDHN-1*, a novel multiple stress-inducible SK₃-type dehydrin gene, contributes affirmatively to drought- and salt-stress tolerance in banana. *Planta* 234 (5):915-932
- Sigalov AB (2010) Protein intrinsic disorder and oligomericity in cell signaling. *Molecular BioSystems* 6 (3):451-461
- Sigalov AB (2011) Cells diversify transmembrane signaling through the controlled chaos of protein disorder. *Self/Nonself* 2 (2):75-79
- Suprunova T, Krugman T, Fahima T, Chen G, Shams I, Korol A, Nevo E (2004) Differential expression of dehydrin genes in wild barley, *Hordeum spontaneum*, associated with resistance to water deficit. *Plant, Cell & Environment* 27 (10):1297-1308
- Svensson J, Ismail AM, Palva ET, Close TJ (2002) Dehydrins. In: Storey KB, Storey JM (eds) *Sensing, Signaling and Cell Adaptation* vol 3. Elsevier Science B. V., Amsterdam, The Netherlands, pp 155-171
- Tantos A, Friedrich P, Tompa P (2009) Cold stability of intrinsically disordered proteins. *FEBS Lett* 583 (2):465-469
- Tompa P (2002) Intrinsically unstructured proteins. *Trends in Biochemical Sciences* 27 (10):527-533
- Tompa P, Bánki P, Bokor M, Kamasa P, Kovács D, Lasanda G, Tompa K (2006) Protein-Water and Protein-Buffer Interactions in the Aqueous Solution of an Intrinsically Unstructured Plant Dehydrin: NMR Intensity and DSC Aspects. *Biophysical journal* 91 (6):2243-2249
- Tompa P, Szász C, Buday L (2005) Structural disorder throws new light on moonlighting. *Trends in Biochemical Sciences* 30 (9):484-489
- Tunnacliffe A, Wise MJ (2007) The continuing conundrum of the LEA proteins. *Naturwissenschaften* 94 (10):791-812
- Tyra HM, Linka M, Weber AP, Bhattacharya D (2007) Host origin of plastid solute transporters in the first photosynthetic eukaryotes. *Genome biology* 8 (10):R212
- Wisniewski M, Webb R, Balsamo R, Close TJ, Yu X-M, Griffith M (1999) Purification, immunolocalization, cryoprotective, and antifreeze activity of PCA60: A dehydrin from peach (*Prunus persica*). *Physiologia Plantarum* 105 (4):600-608

- Xing X, Liu Y, Kong X, Liu Y, Li D (2011) Overexpression of a maize dehydrin gene, *ZmDHN2b*, in tobacco enhances tolerance to low temperature. *Plant Growth Regulation* 65 (1):109-118
- Xu J, Zhang YX, Wei W, Han L, Guan ZQ, Wang Z, Chai TY (2008) BjDHNs confer heavy-metal tolerance in plants. *Mol Biotechnol* 38 (2):91-98
- Yin Z, Rorat T, Szabala BM, Ziolkowska A, Malepszy S (2006) Expression of a *Solanum sogarandinum* SK3-type dehydrin enhances cold tolerance in transgenic cucumber seedlings. *Plant Science* 170 (6):1164-1172
- Zhang Y, Li J, Yu F, Cong L, Wang L, Burkard G, Chai T (2006) Cloning and expression analysis of SKn-type dehydrin gene from bean in response to heavy metals. *Mol Biotechnol* 32 (3):205-218
- Zhang Z, Schwartz S, Wagner L, Miller W (2000) A greedy algorithm for aligning DNA sequences. *J Comput Biol* 7 (1-2):203-214

Anexos

Tabla S1 Lista de los oligonucleótidos que se utilizaron para generar las construcciones para el ensayo de dos híbridos split-ubiquitin.

Construcción	Oligonucleótidos
pDHB1/OpsDHN1	Forward 5' ATTAACAAGGCCATTACGGCCATGGCGGAAGAACACCAAAA 3'
	Reverse 5' AACTGATTGGCCGAGGC GGCAAAGTTGATGAAGGGGGTTGAT 3'
pPR3-N/OpsDHN1	Forward 5' ATTAACAAGGCCATTACGGCCATGGCGGAAGAACACCAAAA 3'
	Reverse 5' AACTGATTGGCCGAGGC GGCTTAAGTTGATGAAGGGGGTTGAT 3'

Secuencias obtenidas en 45 mM de 3-AT

Clona 1 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNNNNNTACGATGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCAAC
GCAGAGTGGCCATTACGCCGGGGACAAGATAACATGAGAATGTTAGTTCTCGCACTCC
CACCGGACCTGTCTCCGCCGTCAAGATTACACCAAATCCAACCTCTCCTTCTCTTCT
CCCGATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCGCGTCGTCTCG
CTCTCTCTAACCCGACCGAAGCGTCAACTCAAAACCTCAACCTCAGCTCTCAAATCCC
TTCTTCAGGAGATGAAACAGTTCTGTTGAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTGATT
CAATTGATAAACCGTCATCTACTTCATCTAACATTACCAAATGGGGTGTGTTGCT
TACTTGGGGTGGTGTGTTAGCTCTGCTTATCTCTGCCATTGGAGATTAGCCA
TGGTTCCCTGTTCTCTTGATACTCTCCACACAGCTGACCCTTCATTGCGGGATGG
TTTCTGAGTGCTTATTCTGGGGGTTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGGAAAGT
CTAAAGCTGTGGTTGCAGCTGCAAATCTGGATTGCGAACCTCGCTTGGAAATTATCAT
TAGGTCAGCTTCATCAGGTACATTCCGGCATATAGCTTGTGTTGGTACAATGGGAAGT
ACTGCTGTTTACTTATAGGATGGAGAGCATTGTTATTCACTGCTCCTACAGAGTCCA
AGAAGANAGATGATACGTATCGGAAGGGTAGTGCATTGAGCTATTGAGTTGCTTACTTC
ATTGATAAGACGATGGTGAAGGAGCATCCATGAATATTGGTGGNNNGGAGGTTGAGATT
TAAGTATGCACAACAAAAATGTAATGTACTTGTCAACAGNCACAACCCGCTAACAGAT
CATATAAATATGTGTGGAGAAGTCCAGGACCAANNNNNAATCGATATANTNGCAN
NGGNCCANNNNNNNGNNGAAAAGCNNNATGANANATNATTGNTNTCAGNNNANCNTAA
ANNNGANNNNNNNNNANCANANNNNNTNANNANANNNAGNTANNNNANNNNNCCCNNT
TGNNNCNNGAGNNNGNNNCATTNNNGNGNNNN

Clona 2.2 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNTANNATACGNTGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCAACG
CAGAGTGGCCATTACGCCGGGGAAAGATAACATGAGAATGTTAGTTCTCGCACTCCCACC
GGACCTGTCTCCGCCGTCAAGATTACACCAAATCCAACCTCTCCTTCTCTCCCG
ATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCGCGTCGTCTCGCTCT
CTCTAACCCGACCGAAGCGTCAACTCAAAACCTCAACCTCAGCTCTCAAATCCCTCT
TCAGGAGATGAAACAGTTCTGTTGAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTGATTCAAT
TCGATAAACCGTCATCTACTTCATCTAACATTACCAAATGGGGTGTGTTGCTTACT
TGCGGGTGGTGTGTTAGCTCTGCTTATCTCTGCCATTGGAGATTAGCCATGGT
TTCCCTGTTCTCTTGATACTCTCCACACAGCTGACCCCTTCATTGCGGGATGGTTTC
TGAGTGCTTATTCTGGGGGTTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGGAAAGTCTAA
AGCTGTGGTTGCAGCTGCGAAATCTGGATTGTCGGAACCTCGCTTGGAAATTATCATTAGG
TCAGCTTCATCAGGTACATTCCGGCATATAGCTTGTGTTGGTACAATGGGAAGTACTG
CTGTTTACTTATAGGATGGAGAGCATTGTTATTCACTGCTCCTGCAGAGTCCAAGAA
GNNGATGATACGTATCGGAAGGGTAGTGCATTGAGCTATTGAGTTGCTTACTCATTGA
TAAGACGATGGTGAAGGAGCATCCATGAATATTGGTGGAGGTTGAGATTAAAGTA
TGCACAACAAAAATGTAATGTACTTGTCAAGTCACAACCCGCTAACAGATCATATA
AATATGTGTGTTGAGAAGTCCAGGGACCCAAGTGTAAATATCGATATAGNNGCAGNNNN
NNNNNGNNGNAAGCAATGATGANANATGATTGCTCAANGTNNNNNNNNNCNNNNNG
TAGNAANNTNN

Clona 3 GAUT1 (At3g61130)

NNNNNNNNNNNNNNNANCATACGATGNNNNNNATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCA
ACGCAGAGTGGCCATTACGCCGGGGCGCATGAGAAACTCAGAGCCATGGGTCAAGTCTTG
GCTAAAGCTAAGATGCAGTTATGACTGCAAGCTGGTTACTGGAAAGCTGAGAGCAATGC
TTCAGACTGCCGACGAACAAGTGGAGCTAAAGAACAGAGTACTTTCTGGCTCAGTT
AGCAGCAAAACCATTCAAATCCTATCCATTGCCTATCAATGCGCTGACTATCGATTAC
TATCTCTGTCTCCGGAGAAAAGAAAATCCCTCGAGTGAAAACCTAGAAAACCCTAATC
TTTATCATTATGCCCTCTTCCGACAATGTATTAGCTGCATCAGTAGTTGTTAACTCAAC
CATCATGAATGCCAAGGATCCTCTAAGCATGTTTCACCTTGTACGGATAAAACTCAAT
TTCGGAGCAATGAACATGTGGTCCCTAAACCCACCCGGAAAGGCAACCATACTGTGG
AAAACGTCGATGAGTTAACGTGGCTCAATTCTACTGTCTGTCCCTCGTCAGCTTGA
ATCTGCAGCAATGAGAGAGTACTATTTAAAGCAGACCATACTCAGGCTCTCGAAT
CTAAAATACAGAAACCAAAGTATCTATCCATGTTGAATCACTTGAGATTCTACCTCCCTG
AGGTTTATCCCAAGCTGAACAAAATNNNTCCCTGGACGATGACATCATTGTTAGAAAGA
CTTGACTCCACTCTGGGAAGTTAACCTGAAACGGCAAAGTCAACGGTGCAGTCGAAACCTG
TGGGGGAAAGTTCCACAGATTGACAAGTATCTCAACTTTTGAATCCTCACATTGCGA
GGGAACCTCAATCCAAATGCTTGTGAATGGGTTATGNAATGAACATGTTGANCCTAAA
GGAATGGNNNGAAGAGAGACATCACTGGTATATACCACANGTNNNNAAAACNTGAANTGANA
ACAGGACACTATNGNAAGCTAGGGNNATTGCCACCAGGANTAATAACATTCTACNGGATTN
NNNCATNN
NNNNANGNNN

Clona 4 ATRER1C1 (At2g23310)

NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNTACGNTGTTCCNGNTTACGCTGGNNCCAAGCAGTGGTAT
CAACGCAGAGTGGCCATTACGCCGGGGAGGTAGAGAGAGAGATCAAACCAAAGAGACAC
AGAGAGAGTATCCACCGATGGAATCCGCAGCAACGGCTGTTGATCCTCCGGCAGCCGCCGC
CACCACGCCACGCCACCGATGATAATCTCAATCAAGCGACTCATCATCTCCGCCGAC
GCCGTTAACCGATTGATCCACGCCCTTCCGAGCGACAACAACATCTCTCGACAAAACGG
TTCCTCACGTTCTCTATCGATGGATCGATGTCCTGTGTTGATTGATCTACATCGTTG
TGTGTTACTTGTTGGAAGGCTTCTACATCATCACTTACGCCATGGCATCTACCTTTGAAT
CTCATCATTGCTTTCTATCTCCTCAAGAAGATCCCGAAGCTTCTCACTTCCGGTGGTT
CTCTTCTACTCGGAGATCCGATGAGTATGTCCTTCCGTTGAGTCTCCCTGAGTTCAA
ATTCTGGTTATCGATCATAAGGGTTTCAATCGGATTTATGATGACGTTCTCGAGGTG
TTTGATGTACCTGTATTCTGGCCAATACTCTCTTACTGGGTGATGTTGTTTCTTA
CGATGAGGAAACAGATACGCATATGATCAAATACAGATATGTCCTTCTCTTTGGGGA
AAAAGCAGTATGAAAGAAACCGCTCAACAGANAGCAGTGAATGATCAATCAAACACTGT
TCAGGTCAGCAATTTCAGTCTTGTGAGAGAAGTAGCATTGAAAAGGTCGGNCTTTGT
TCTCTTTGATGGGCCTATATCTTGTAGGGATGAAGTNNGATAGACATATTTTGC
TCTTTTATNCATCCTGACTATTTAACTGNTTACCCCTGAAACTCAATTGTACAATCTT
TATTTTTTACATCCTTTTCACTGGAGAAAAATAATGTTCATAACCTTGAACCC
CTTTTGNNANTCATTCACTGGGNNNNNCTNAAAANNCTTAATCNANTAANTCENNNTGNN
CCGGNNNTNCNNATCNNANGNNNCATGNNNTTGNNNGNNCNANNTNATTNNANNNCNN
NNNNAAACTTGCNNAAANNNNNTN

Clona 5 RPT2B (At2g20140)

NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNTACGNANGNNNCNNATTACGCTGGATCCAAGCAGTGG
TATCAACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGGCAGANAGACGAAGCACAATGGGTCAAGGAC
CTTCCGGCGGATTGAATCGGAAGGAGATCGGAAACCAGATGGTGGAGAGAAGAAGGAGAA
GAAGTTCGAACCGCCGACCACTGCTCGTAGGGAGGAAGCAACGGAAGCAGAAAGGA
CCTGAAGCGCGCGAGATTGCCACGGTACTCCTCTACTAAATGTAAGCTTCGATTGC
TGAAATTGGAGCGAATCAAGGACTATTGCTTATGGAGGAAGAGTTCTGAGCAATCAGGA
GAGATTGAAACCTCAGGAAGAGAAAGCTGAGGAAGATAGATCTAAAGTTGATGATCTCGT
GGTACACCTATGAGTGGCAATCTTGAAGAGCTTATTGATGAGAATCACGCCATTGTT
CTTCTCGGTTGGTCTGAGTACTACGTTGGCATTGCTTCTGTTGATAAGGATCAGCT
TGAACCTGGCTGCTCTATTGATGCAAAACAGGTACTCTCTGTTGGGGATTCTT
CAAGATGAAAGTGGATCCAAATGGTGTCTGTGATGATACTGGAGAAGGCTCTTTGGAGTC
ATATGCTGACATTGGAGGTTAGAAGCTCAGATTCAGGN

Clona 6 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNNNNNNNNNTCCNNNNNGAANGTTNCNGNNNTACNCTGGNAATCCAGCAGT
GGTATCAACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGGACAAGATACAATGAGAATGTTAGTTCT
TCGCACCTCCCACCGGACCTGTCTCCGCCGTCAAGATTACATCACCAAATCCAAACCTCTCCT
TTCTCTCTCCGATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCCG
TCGTCCTCGCTCTCTAACCCCGACGGAAGCGTCAACTCAAACCCCTAACCTCAGCTTC
TCAAATCCCTCTTCAGGAGATGAAACAGTTTCGTTGGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAG
GGCGTGAATTCAATTGATAAACCGTCATCTACTTCATCTTAACATTACCAAATGGGGTC
GTGTGGCTTACTTGCGGGTGGTGTGATGTTNAGCTCTGCTTATCTCTGCTGCCATTGGGAG
ATTTAGCCATGGTTCCCTGTTCTTCTGATACTCTCACACAGCTGACCCTTCAT
TGCGGGATGGTTCTGAGTGCTTATTTCTTGGGGGGTTATGCGGAGGAAGGACGAGGAAT
GAAGGGAAAGTCTAAGNTGTGGTTGCAGCTGCAGAAATCTGGATTGTCGNAACTCCGCTTG
GAATTATTAGTTAGGTCACTCAGGTCTCATTCCGGTA

Clona 7 APE1 (At58660)

NNNNNNNNNNNCNTNNNNNTACNNTGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCAA
CGCAGAGTGGCATTACGGCCGGGACAAAAGATAACACAGAGAGAAGAGAAGAGGAAGA
AAATGGGATCTATAACGGTAGCTCCGGGAACCACCGTCTTATTCTCCAGTCGGCGGCTAGA
TCTTGCGGTGTCGCCATGAGAATCTATCCGTCGTTCGTCCTCACAACCGTCTGATG
CCAAAGCAGAGATGGCTTATTCGGAGACGAGGTTGAAAAGAGAGGTTAAAGCTCG
ATGTCGTCGGAAGAGCTGCTGATTCCACGAGCTCTCCATCAGTAGCTCCGGTGTAG
AACCTTAATTCTGATGATGAATTCACTTAGCCAAGATTCAATTGGTGTATTGGCTA
GGTCTCGGGTTTCGCTACTCTCGTATGGTTTGGGCCTATTTACTATCCTCCTGGAA
CTGAGTGGTCTGCTATAATGCTAACATATGGATTTCCCTTCTATTATCGGAATGGCTCT
TAAGTACGCAGAACTCAAACCAAGTTCTTGCTGAGCTATTGGATGCGGTGAAGCTTAGA
GAAAGCTGTGCTACTCCTATTTAACGCAGGTTAGAAATGATGTCACGAGATACCGTTATG
GAGATGAACAACATTGGAAGAAGCACTAAAACGAATCTTCAATATGGCTGGGAGGAGG
AATCCCGAGACGTAGNGCACCTATCTTACAGCTGATAAGGGAAGAGGTCTGACCGATGGT
CGGTACTGTGTGGTCCTTGTATTGAGGCCAAAGCTCTGACGTTGTAGATTGAAAAAAA
GACAGGGCAGAAATTCACTTCCCTCTTGACCAACATCACGGNAGAAGTCGGTAAAGGAG
AAAGTGAGAATCTCTATGAANGTAAGACTGATTCCAACCTCTCCNCCAACCTGTATCNT
TNNNNNNNCNNTGAACATAGACAATCNTGTATTACGGGNNGACGGTTTCAGGTCAATG
NTATNNNNNNNCTGNNAANNAATNCNTATATAANNTCNCTANGTATNAAAAAAGGTTCNN
TNCCTANTTNNACAGNAAAATGGNNNNATTGGNNNANNNAANAANNNN

Clona 8 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNNNNNCNTNNCCNAACGGAATGNTNCNGATTACGCTGGATCCAAGCAGT
GGTTATCAACGCAGAGTGGCATTACGGCCGGGAAGATAACATGAGAATGTTAGTTCTTC
GCACTCCCACCGGACCTGTCTCCGCCGTAGATTCATCACCAAATCCAACCTCTCCTT
CTCTTCTCCGATTCATGGCTCCTCCCTGACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCGCGTC
GTCCTCGCTCTCTAACCCCGACGGAAGCGTCAACTCAAACCTCAACCTCAGCTTCTC
AAATCCCTCTCAGGAGATGAAACAGTTCTGTTGAGTCAAGATAATGTTCTCTGAGGG
CGTGATTCAATTGATAAACCGTCATCTACTTCACTTCTAACATTACCAAATGGGTGCGT
GTGGCTTACTTGCGGGTGGTGATGTTTAGCTCTGCTTATCTCTCTGCCATTGGGAGAT
TTAGCCATGGTTCCCTGTTTCTCTGATAACTCTCCACACAGCTGACCCCTTCATTGC
GGGATGGTTTCTGAGTGCTTATTCTGGGGGGTTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATG
AAGGAAAAGTCTAAAGCTGTGGTTGCAGCTGCGAAATCCTGGATTGTCGGAAACTCCGCT
TGGAATTATCATTAGGTCACTCAGGNACATTCCGGNATATAGCTTGTGTTGGT
TGACAATGGAAAAGTACTGCTGTTACTTATAGGATGGAGAGNATTGTTATTCAGTG
NGCTTCCC

Clona 10 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNNNNNNNCNTANCCNTACNNNGTTCNAGNTTACGCTGGATCCAAGCAGTG
TATCAACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGAAGATAACAATGAGAATGTTAGTTCTTCGCA
CTCCCACCGGACCTGTCTCCGCCGTCAAGATTCATCACCAAATCCAAACCTCTCCTTCTC
TTCTCCGATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCCGCGTCGTC
CTCGCTCTCTCTAACCCGACGGAAGCGTCAACTCAAAACCTCAACCTCAGCTCTCAA
TCCCTCTTCAGGAGATGAAACAGTTTGTGGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGT
GATTCAATTGATAAACCGTCATCTACTTCATCTTAACATTACCAAATGGGGTGTG
GCTTTACTTGCGGGTGGTGATGTTTAGCTCTGCTTATCTTCTCTGCCATTGGGAGATT
GCCATGGTTCCCTGTTTTCTTGTATACTCTCCACACAGCTGACCCTTCATTGC
ATGGTTCTGAGTGTATTCTGGGGGTTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGGA
AACTCTAAAGCTGTGGTGAGCTGCAAATCTGGATTGTCGGAACCTCCGCTTGGAAAT
TATCCATTAGGTCACTTCATCAGGTACATTCCGGCATATAGCTTGTGTTGGTGACAAT
GGGGAAAGTAAGTGTGTTACTTATANGATGGGANAGCATTGTTATTCAGTGTGCTTTC
CTGCCAGAGTCCAAGGAAAGAAAGATGATTCTGTATTGGAAAGGGTAGTGCATTGAA
GCTATTGAAATTGGGCTTACTTCATTGGATAAAAGACNAATGGGTGGAAAGGAAGNATT
TATCATT

Clona 11 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNCANTNNNNNNNGTTCCAGANTACGCTGGATCCAAGCAGTG
GTATCAACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGAAGATAACAATGAGAATGTTAGTTCTTCGCA
ACTCCCACCGGACCTGTCTCCGCCGTCAAGATTCATCACCAAATCCAAACCTCTCCTTCTC
CTTCTCCGATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCCGCGTCGTC
CCTCGCTCTCTAACCCGACGGAAGCGTCAACTCAAAACCTCAACCTCAGCTCTCAA
ATCCCTCTTCAGGAGATGAAACAGTTTGTGGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCG
TGATTCAATTGATAAACCGTCATCTACTTCATCTTAACATTACCAAATGGGGTGTG
GGCTTACTTGCGGGTGGTGATGTTTAGCTCTGCTTATCTCTGCCATTGGGAGATT
AGCCATGGTTCCCTGTTTTCTTGTATACTCTCCACACAGCTGACCCTTCATTGCC
GATGGTTCTGAGTGTCTTATTCATTGGGGGTTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGG
AAAGTCTAAAGCTGTGGTTGCAGCTGCGAAAATCTGGATTGTCGGAACCTCCGCTTGGAAAT
TATCATT

Clona 12 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

GNNNNNNNNNNNNNCNTNNCATNCGNATGNINCAGCATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATC
AACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGGACAAGATAACATGAGAATGTTAGTTCTTCGCAC
TCCCACCGGACCTGTCTCCGCCGTCAAGATTACATCACCAAATCCAAACCTCTCCTTCTCT
TCTCCCGATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCGCGTCNTCC
TCGCTCTCTCTAACCCCCGACGGAAGCGTCAACTCAAAACCCCTAACCTCAGCTCTCATAT
CCCTTCTTCAGGAGATGAAACAGTTCTGGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTG
ATTCAATTGATAAACCGTCATCTACTTCATCTTCTAACATTACCAAATGGGGCGTG
CTTACTTGCGGGTGGTATGTTAGCTCTGCTTATCTTCTGCCCCATTGGGAGATTAG
CCATGGTTCCCTGTTTCTTGTACTCTCCACACAGCTGACCCTTCATTGCGGGA
TGGTTCTGAGTGCCTATTCTGGGGGTTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGAA
AGTCTAAAGCTGTGGTGCAGCTCGAATCTTGGATTGTCGGAACCTCGCTTGAATTAT
CATTAGGTCAAGCTTCATCAGGTACATTCCGGCATATAGCTTGTGTGGTACAATGGGA
AGTACTGCTGTTTACTTATAGGATGGAGAGCATTGTTATTCACTGTGCTCCTACAGAGT
CCAAGAAGAAAGATGATACGTATCGGAAGGGTAGTGCATTGAGCTATTGAGTTGCTTAC
TTCATTGATAAGACGATGGTAAGGAGCATCCATGAANTATTGGNCGGNNNGGAGGTTGA
GATTTAAGTATGCACAACAAAAATGTAATGTTACTTGTCACAAGTCACANCCGGCTANCA
GATCATATANTATGTGTGNTGANNANGTNCCAGNACCNAGNGTANTANNNGANNATANN
GCNGTGNNNNNNNNNNNNAGNNAAGCNANTGATGAGNANNNNNTTGTCAGNTNNNA
NNNNNNNNNANGNANNNTNAAGCTCBBBBBNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNAANNTNGN
NNGNNCBBBBBNNCTNNNNNNNNNCNNCNCNNAAAANNTNNN

Clona 13 RPT2B (At2g20140)

NNNNNNNNNNNCATNNCATACGATGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCAACG
CAGAGTGGCCATTACGGCCGGGGCAGAGAGACGAAGCACAATGGGTCAAGGACCTCCGGC
GGATTGAATCGGAAGGAGATCGAAACCAGATGGTGGAGAGAAGAAGGAGAAGAAGTTCG
AACCAAGCCGCACCACCTGCTCGTAGGGAGGAAGCAACGGAAGCAGAAAGGACCTGAAGC
GGCGCGAGATTGCCGACGGTACTCCTCTACTAAATGTAAGCTTCGATTGCTGAAATTG
GAGCGAATCAAGGACTATTGCTTATGGAGGAAGAGTTCTGAGCTAGCGAATCAGGAGAGATTGA
AACCTCAGGAAGAGAAAGCTGAGGAAGATAGATCTAAAGTTGATGATCTCGTGGTACACC
TATGAGTGGCAATCTGAAAGAGCTTATGATGAGAATCACGCCATTGTTCTTCTCG
GTTGGCTCTGAGTACTACGTTGGCATTGCTTCTGTTGATAAGGATCAGCTGAACCTG
GCTGCTCTATTGATGCATAACAAGGTACTCTCTGTTGGATTCTCAAGATGAAGT
GGATCCAATGGTGTCTGTGATGAAAGTGGAGAAGGCTCCTTGGAGTCATATGCTGACATT
GGAGGTTAGAAGCTCAGATTCAAGGAGATTAAGGAAGCTGTTGAGTTACCTTAACACATC
CCGAGCTGTATGAAGATATTGAAATTAAAGCCACAAAAGGTGTGATCTTGATGGTGAGCC
AGGCACCTGGAAAGACATTGCTTGCTAAGGCAGTGGCAAATTCTACTTCAGCTACTTCTG
CGTGTGTCGGTAGTGAACGATTCAAGATTTAGGAGATGGTCCAAGCTTGTGAGGG
AACTTTTCAGGGNNNGCTGATGACCTTCTCTTCTATTGTTTCTATGTTTCAAGACGAGATTGAT
GCTGTTGGNNNNNAAGCENNNTGACGCAAACCTCAGGNNGNNNNNGNAAATNCNAANNANCN
ATNNNNNNNACTNNNNNNNNNTGNNNTGATNCAGANGNNATGNNNAGNNNTNNNCGCG
ANNNANNNNNCNAANNNNNNNNNNTNNNNNANNNNNNNN

Clona 15 Proteína de la superfamilia de proteín cinasas (At2g24360)

NNNNNNNNNNNNNNNTACCNATACGATGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTAT
CAACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGGGGAAACGACGACTGAGACTCTTCTTCCTTC
TCCTTCTTCTTCACTTATTCATCGTTCATTCCTTAGGTTCTGATTTCATCACAAACCT
CTGGATTTGATTGGTCTGAGGTATAAAAAAAATGTTAGTGGGGTTGCGATTGGA
TGAACTAGGGTTGTAATTCACTATCTTCTTCTTCGATCGTTACTCATCGGGTG
AGAAGGAAGCGTCTTCATGTGTTCTCCGTGAATCGACTGTTATTGGGCTTAGTAGC
TCTAGTTGGTCAAAGAACATCGAACAGTAATCTTAGATTGGGAAGATGCTAGAAGGG
CAAAGTTCAACGTGCTGCTGGAAATCATCGAACAAACGACAACAATTACTATGCTT
TACGCAAGAGTTTATCAAAAACCTAATGAAGGTTCAAACATGTCCATGGAGAGTATGCAG
ACGAGTAACGCTGGAGGATCTGTCATGTCATGTTGATAACAGTAGCGTTGGTCCAGCG
ATGCTCTTATTGCCACCCGGGTTGAAGCCTGTACGCCATTACTCACTCTCGGTTGGTCA
AAGCGTGGTTCGCCCGGGAAAGAGTTACCCATGCGTTGAATGATGATACTTGGCTCAAGCA
CTGATGGATACCAGGTATCCAACCTGAAGGGCTGACGAACATGATGAGTGGNACGATTGAT
CTGAGGAAACTCAACATGGCCTGCCTTGCTCAAGGGCTTTGGTAAATTATAACAAA
GGGACATACAACGGTGAAGAGATGTANCTATCAAAAATCTTGAGCGGCCAGAGAACAGCCA
GAAAAAGGCACAGTTCATGGNNNCNCAGTTTCAGCAAGAGGGTGTCTATGCTTGTCAATT
TGGAAAGCACCCAAACATTGTGANGGTTATTGNNNNGCAATGTCGCAAGNCAAATGNN
GTNNNGNATAGNGGACNGGAATNNCNCCCANAGGAGGTTCNNNNNGGCANNTTGACTA
NGANNACNNAACCNNNNNCNNNTCCCNNTNNNNNN

Clona 16 NPQ4 (At1g44575)

NNNNNNNNNNNNNNNNACCATANCNTGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTA
TCAACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGACAACACAAAACATCACTGATCCTTCTCTCA
TCCTCAGAAAGAACATGGCTCAAACCATGCTGCTTACCTCAGGCGTCACCGCCGCCATT
TGAGGAACAAGAGGCCCTTGGCTCAGCCAAAGTTCAACCCTCTCTCTGGAAACTC
TCCGGTTGCACTACCCTAGGAGACAATCATTGCTCCTCTCGCTCTTCAAACCCAAA
ACCAAAGCTGCTCTAAAAGGTTGAGAAGCCGAAGAGCAAGGTTGAGGATGGCATCTTG
GAACGCTGGTGGGATTGGTTACAAAGCGAATGAGCTATTGTTGGTGTGCTAT
GATCGGTTGCGTCATCGTTGGTGAGGCGTTGACGGAAAAGGGATATTAGCTCAG
CTGAATCTGGAGACAGGGATACCGATTACGAAGCAGAGCCATTGCTCTTCTTCATCT
TGTTCACTCTGTTGGAGCCATTGGAGCTCTGGAGACAGAGGAAAATCGTCGACGATCC
TCCCACCGGGCTCGAGAAAGCGTCATTCTCCGGAAAAACGTCGATCTGCCCTCGGT
CTCAAAGAACAAAGGTCCATTGTTGGGTTACGAAGGCGAAGCAGGTTATTGTTAGGAAGAT
TGGCACAGTTGGGAATAGCATTCACTGATAGGAGAGATTATTACCGGGAAAGGAGCATT
AGCTCAACTCAACATTGAGACCGGTATACCAATTCAAGATATCGAACCACTTGTCTCTTA
AACGTTGCTTCTTCTCGCTGCCATTACCTGNTAATGAAAATTACATCACCGATG
ATGGNGAAGAAAGCTAAATTATCATGTTAAATTAGTAGAGAGTGTGACCTCT
CCATGTTGAGANAAAAGNANNNCAGCTTNAATTGTTGTAATACTTATATCCTTTNNNT
NNNNNNNTTCTGATCAAAAANAAAANNNAANNAANNCAATGNNNNNNNCNCCTNNNN
CCTNCTCBBBBBNTCNANNTNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNATTNNNNNNNN

Clona 17 Proteína de la superfamilia de las alfa/beta-hidrolasas (At4g36530)

NNNNNNNNNNNGGNNNNNNNCNNNCAGANNNTNCAGNANTACGCTGGATCCAAGCAG
TGGTATCAACGCAGAGTGGCCATTACGCCGGGGAGAGGTTGGCTTTAAACCAGAAGGCT
ATAACTTTGGGAATGGAGAGGTACAAGATTCAATTGTTCAAGGAGAAGGCTGCC
TCTAGTTCTTATTCAATGGTTGGTCTGTCTTCATTGGAGGTATAACATTCTGAA
TTGGCTAAGAAATACAAGGTTACGCCTGGACTTACTCGGTTGGATGGAGTGACAAAG
CTCTCATAGAGTATGATGCCATGGTTGGACAGATCAAGTTATTGATTCATGAAAGAGGT
AGTGAAGAACCGAGCTGTGTCGGAAACAGCCTGGGGATTACGGCATTGTCAGTT
GCGGTTGGATTACCGAGCAAGTCACGGAGTTGCACTCTGAACCTGCGGGACAATTG
CAGCCGAGAGTAGAAAACGAGAGGAAGCTGATGAAACTGTGATAACCAAGTTATAGTTAA
GCCGCTAAAAGAGATTTCCAACGTGTGGTCTTGGTTCTGTTCTGGNAAGCCAAGCAA
CCTTCTCGAATCGAATCTGTCTAAAGAGTGTGTACATAGACTCTACTAATGTCGATGACT
ACCTCGTCGAATCCATTCAACAGATCCNAATGCTGGANAAGTATACTACAG
ATTGATGACAAGGTTCTTAANNAAC

Clona 18 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNNNNNNNCNNNACGAATGTTNNNNNTACGCTGGATCCAAGCAGTGGT
ATCAACGCAGAGTGGCCATTACGCCGGGAAGATACAATGAGAATGTTAGTTCTTCGCAC
TCCCACCGGACCTGTCTCCGCCGTCAAGATTCAATCACCAAATCCAAACCTCTCCTTCT
TCTCCGATTCAATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCGGCGTCC
TCGCTCTCTCTAACCCGACGGAAGCGTCAACTCAAACCCCTAACCTCAGCTCTCAAAT
CCCTTCTCAGGAGATGAAACAGTTTGTGGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTG
ATTCAATTGATAAACCGTCATCTACTTCATCTTCAACATTACCAAATGGGGCGTGTGG
CTTTACTTGCGGGTGGTGATGTTAGCTCTGCTTATCTCTCTGCCATTGGGAGATTAG
CCATGGTTCCCTGTTCTCTGATACTCTCACACAGCTGACCCTTCATTGCGGGA
TGGTTCTGAGTGCTTATTCTGGGGTTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGGAA
AGTCTAAAGCTGTGGTGAGCTGCGAAATCTGGATTGTCGAACCTCGCTTGAATTAT
CATTAGGTCACTCAGGTACATTCCGGCATATAGCTTGTGTGGTACAATGGGA
AGTACTGCTGTTACTTATAGGATGGAGAGCATTGTTATTCACTGTGCTCCTGCAGAGT
CCAAGAAGAAAAGATGATACCGTATCGGAAGGGTAGTGNCATTGAGCTATTGAGTTGCT
TACTTNATTGATAAGACGATGGTGNAAGGGAGCATCCATGAATTATTCCGNNCGGGTG
GAGGNTGAGATTAAAGTATGGCACAAACAAAAANTGAAATGTACTTTGTACNANG
TTCACAAACCGNTAACAGGATCNATATNAATAATGTGNGGTTGAAGAAAGTNCCCAGGGAA
NNCAAGTGGNTAANNATCGAATATTAANNTGCCAGTNGGNCCAGTNGGTAAGGAANGAA
NAANGN

Clona 19 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNNNNNNNNNCNTACGATGTTNNCNGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTAT
CAACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGAAGANACAATGAGAATGTTAGTTCTCGCACTC
CCACCGGACCTGTCTCCGCCGTAGATTCATCACCAAATCCAAACCTCTCCTTCTCTTC
TCCCGATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGAGTCGTCCCCGCGTCGTCCCTC
GCTCTCTCTAACCCGACGGAAGCGTCAACTCAAACCTCAACCTCAGCTTCTCAAATCC
CTTCTTCAGGAGATGAAACAGTTTCGTGGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTGAT
TCAATTGATAAACCGTCATCTACTCATTTCTAACATTACCAAATGGGGCGTGTGGCT
TTACTTGCGGGTGGTGTAGTTTAGCTCTGCTTATCTTCTCTGCCATTGGAGATTAGCC
ATGGTTCCCTGTTTTCTCTGATACTCTCCACACAGCTGACCCTTCATTGCGGGATG
GTTTCTGAGTGCTTATTCTGGGGGGTTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGGAAAG
TCTAAAGCTGTGGTTGCAGCTGCGAAATCTTGGATTGTCGGAACCTCCGCTTGGAAATTATCA
TTAGGTCAGCTTCATCAGGTACATTCCGGCATATAGCTTGTGTTGGTGCACATGGGAAG
TACTGCTGTTTACTTATAGGATGGAGAGCATTGTTATTCACTGTCGCTCCTGCANAGTCC
AAGAAGAAAAGATGATACTGAAAGGGTAGTGCAATTGAGCTATTGAGTTGCTTACT
TCATTGATAAGACGATGGTAAGGAGACATCCATGAATTATTGGTCGNNGGAAGGTTGAG
ATTTAAGTATGCACAACCAAAAAATGTAATGTACTTTGTACAGTCACNNCCGCTA
ACCAGATCATAATNAATAATGTGNGTNGAGAAGNTCCAGGACCNANGGTAANATNCGAN
NTAAGNTTGCNANNNGNNANNNNNNNGNNGAAANNCNANGATGANAGNATGANTTGTCTT
NCANGTNNNNACCATTANCCCNNAANGNNANNNANNNTNNNN

Clona 20 PIP2;2 (At2g37170)

NNNNNNNNNNNNNNNNNNCCNTACGNTGTTCCAGNTTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATC
AACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGATCCACAATACAAAACACAACATTCTATATAAC
AAAAAAAGTTATAGAAATGGCAAAGACGTGGAAGGACCTGAGGGATTCAGACAAGAGAC
TACGAAGATCCGCCACCAACTCCGTTTTCGATGCGGACGAGCTACCAAGTGGTCTTAT
ACAGAGCCGTCTGGCAGGTTCTGAGCTCCACTCTCCTCTCGTACATCACCCTTTAAC
TGTCACTGGTTACAAGATTCACTGAGCTCGACACAAAAGCCGGTGGAGTTGACTGCGGCGCGTC
GGAATCCTGGCATCGCGTGGCTTTGGCATGATCTTCATCCTGTACTGCACCG
CCGGTATCTCAGGTGGTACATAAACCTCGGGTACGTTGGTTGTTAGCCCGGAA
GGTATCGCTGATTAGGGCGGTGCTTACATGNTGGNTCAGTGGTTGGGTGCTATTGTGGA
GTTGGTTTCGTCAAGCCTTCAAAGCTTTACTATGATCGTTACGGTGGAGGAGCCAAC
TCTAGCAGACGGCTACAAACACAGGCACCGTTACTAGCCCGAGAGATCATTGCAAACATT
GTT

Clona 24 ARA-5 (At1g02130)

NNNNNNNGNCNNNNNATACGATGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCAAC
GCAGAGTGGCATTACGCCGGGGAGAGAGAGATCTCTGGCTCTGTATCGCTCGCTGTC
TTCCTCCCACAGATCGAAAACCATGAATCCTGAGTACGACTATCTTCAAGCTCCTGCTT
ATCGGGGATTCTGGCGTAGGCAAGTCTTGTCTTGAGATTCTCTGATGATTCTTATG
TTGAAAGTTACATTAGCACTATTGGAGTCGATTTAAAATTAGGACTGTGGAACAAGATGG
CAAACACAATTAAGCTCAAATTGGGACACTGCTGGTCAAGAACGGTCAGGACTATTACT
AGCAGTTACTACCCTGGGCACATGGAATTATTATTGTCTACGATGTCACAGATGAAGAAA
GCTTCAATAATGTCAAGCAATGGTGAGTGAAATTGATGTTATGCTAGTGACAATGTC
CAAACCTCCTGTTGGAAACAAGTCTGATCTTACTGAAAACAGAGGCCATTCTTATGAAACT
GCCAAGGCTTGCATGAAATCGGGATTCTTATGGAGACTAGTGCAAAAGATGCTA
CAAACGTAGAACAGGCTTCATGGCAATGTCATCCATCAAAGAGAGAATGGCTAGCCA
ACCAGCTGGAAATAATGCAAGACCAACCGACCGTGCAGATCAGAGGACAGCCTGTGGCACAG
AAGAACGGCTGCTGCTCAACTTGATTGACGTGACCAGCCTAGCAATATCCTTCCAATCTT
AGAACACGTGTTCTTCTTGTACTAGGCTCCAATTCACTACTACTTGNTTTACACAA
CATCCCCCCCCAAATCTGCTTGTCTGTAATTAAAGCTCTTGGTTGNTTATTATTCTGTT
TTTCACGTTCTTCTTGTACTAGGCTCCAATTCACTACTACTTGNTTTACACAA
NGTTTTCTATTCTGNNTTANNNTTNCTATGNNNNCTTGATANNATGGTNTACGACN
TCGAATTAAANNCCNNNNNNNTTTNNNNAAAANANANNNNNAAAAANNNNNNNNN
GCCNNNNNNNNNNNAANTCNANNNNCTNANNCCNNNNNNNN

Clona 25 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

GNNNNNNNNNNNNNNNNNNNGACGAGNCAGNATTGACGCTGTGATCGAANGNTNTGANA
TCAACGACAGAGTGGCATTACGCCGGGGACAAGATAACATGAGAATGTTAGTTCTTCG
CACTCCCACCAGGACCTGTCTCCGCCGTAGATTCATCACCAAATCCAAACCTCTCCTTTC
TCTTCTCCCCGATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACGGAGTCGTCCCCGCGTCG
TCCTCGCTCTCTAACCCGACGGAAGCGTCAACTCAAACCTAACCTCAGCTCTCA
AATCCCTTCTCAGGAGATGAAACAGTTCTGGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGC
GTGATTCAATTGATAAACCGTCATCTACTTCATCTTCTAACATTACCAAATGGGGTCGTG
TGGCTTACTTGCAGTGGTGTAGTTAGCTCTGCTTATCTCTCTGCCATTGGAAATT
TANCCATGGTTCCCTGTTTTCTCTTGATACTCTCCACACAGCTGAGCATTCTTGGG
GGATGGTTACTGANNGCTTATTCAGGGGGGGTAGGNGAGGTA

Clona 27 Subunidad proteolipídica de 21 kDa tipo V- H+ATPasa de transporte (At2g25610)

NNNNNNNNNNNCNNTNNNNNTACGAATGTTCCAGANTACNCTGGATCCAAGCAGTGGT
ATCAACGCAGAGTGGCATTACGCCGGGAAATTCAATTGAGATAGAGAGAA
AATGTCCGGTGTGGCTATTCAATGCCATGGCGCTCTGGTGAGAATCTCCCCG
TACACTTCTCCGCCATCGGAATGCCATCTCCATCGGCGTCTGTTCTGGTGCCTGCCT
GGGAATTACATTACCGGAAGTAGTTGATCGGTGCCATTGAAGCTCCTCGAACATCAC
TTCCAAGAACATCTCATCAGTGTAACTTCTGTGAAGCCGTGGCTATACGGTGTATTGTG
GCAATCATATTACAAACGAAGTTGGAGAGTGTACCATCATCAAAGATGTATGATGCTGAGT
CTCTAACAGAGCTGGATATGCAATCTTGTCTGGAAATCATTGGATTGCAAACCTTGT
ATGCGGGTTATGTGTAGGAATCATTGGAAAGCAGTTGCGCATTGTCATGCTCAGAACTCG
ACGCTCTTGTAAAGATTCTGTGATTGAGATCTTGGAGTGTCTCGGGTTATTGGAG
TTATCGTTGGATTATTATGTCAGCTCAAGCTACATGGCCTACAAAATAGAGATATAAA
CTGGTAACTTGGACTGTACTCTATAGTCTATACATTCTATGATCTATTTCAAAGTT
CCGGATAAAAATTACACTTCTTGCTGTTATATCTTGTGTAGAAGAAAAACCATGTGTG
ATTAAAGATTCTCCTTGAGTTGAATCCCTATTTTTGGTAATGTTCAAATTGGTAATA
AGTCACTTGNAGAAAACCTCTTCATGCTGTACTCTTGGTTCTTTGACAAATGATA
AAGAGAGTCTGAAATTGGATGAAGCATTGNAATGAGCTTAAACCTCTGCAGGCTT
CCTGNNGTTGNCAACTCAGTTATTGTATGNGAAAGGNAAAATACNNNNAAAATTNAC
NAATTACNTAA

Clona 29 PIP2;2 (At2g37170)

NNNNNNNNNNNNNNNNNNNTNANCNNTNACGNTGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAG
TGGTATCAACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGATCCACAATACAAAACACAACCTTCAT
ATATAACAAAAAAAGTTATAGAAATGGCAAAGACGTGGAAGGACCTGAGGGATTCAGAC
AAGAGACTACGAAGATCCGCCACCAACTCGTTTCGATGCGGACGAGCTTACCAAGTGG
TCTTTATACAGAGCCGTATTGCCAGTTCTGTAGCCACTCTCCTCTCGTACATCACCG
TTTTAAGTGTACCGTTACAAGATTCACTCGACACAAAAGCCGGTGGAGTTGACTGCGG
CGGCGTCGGAATCCTGGCATCGCGTGGCTTTGGTGGCATGATCTCATCCTGTCTAC
TGCACCGCCGGTATCTCAGGTGGTCACATAAACCTCGGGTACGTTGGTTGTTCTTAG
CCCGGAAGGTATCGCTGATTAGGGCGGTGCTTACATGGTGGCTCAGTGGTTGGTGCTAT
TTGTGGAGTTGGTTCTGTCAAAGCCTTCAAAGCTCTTACTATGATGTTACGGTGGAGGA
GCCAACTCTCTAGCAGACGGNTACAACACAGGCACCGGACTAGCCGCANAGATCATTGGAA
CATTGTTCTCGTCTACACAGTCTTCCGCTACTGATCCAAACGTAACGCTAGAGACTC
CCACGTTCCGGTTTGNCGCCACTTCCGATTGGNNTTGCGGTGTTATGGNNCATT

Clona 31 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNGGNNGGCCANANCCAATACGGATGTTCCNGGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATC
AACGCAGAGTGGCATTACGGCCGGGAAGANACAATGAGAATGTTAGTTCTCGACTCC
CACCGGACCTGTCTCCGCCGTCAATTACACCAAATCCAAACCTCTCCTTCTCTTCT
CCCCGATTCATGGCTCTCCCTGCAGGGAGCAC

Clona 32 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNNNNCCATACGATGTCNNNGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTAT
CAACGCAGAGTGGCATTACGGCGGGGACAAGATAATGAGAATGTTAGTTCTTCGCA
CTCCCACCGGACCTGTCTCGCCGTAGATTCATCACCAAATCCAAACCTCTCCTTCTC
TTCTCCCGATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCGCGTCGTC
CTCGCTCTCTAACCCGACGGAAGCGTCAACTCAAACCTCACCTCAGCTTCTCAAA
TCCCTTCTCAGGAGATGAAACAGTTTGGNGGTCAAGATAATGTTCTCTCGNGGGCGT
GATTCAATTGATAAACCGTCATCTACTTCATCTTCTAACATTACCAAATGGGGTCGTGTG
GCTTTACTTGCGGGTGGNGATGTTTAGCTCTGGTTATCTTCTGCCATTGTGAGATTAA
GCCNTGGTTCCCTGTTTCTCTTGATACTCTCACACAGGTGACCCTTCATTGCGGG
ATGGTTCTGAGTGCTTATTCTGGGGGTTATGCGGGAG

Clona 33 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNNNATA CGNNGTTCAGATTACGCTGGNTCCAAGCAGTGGTATCACCG
AGAGTGGCCATTACGGCCGGGAAGATA CAATGAGAATGTTAGTTCTCGACTCCCACCG
GACCTGTCTCCGCCGT CAGATT CATCACCAAAATCCAACCTCTCCTTCTCTCCCGA
TTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCGCGTCGTCTCGCTCTC
TCTAACCCCCGACGGAAGCGTCAACTCAAACCCCTCACCTCAGCTTCTCAAATCCCTCTT
CAGGAGATGAAACAGTTCGTGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTGATTCAATT
CGATAAACCGTCATCTACTCATCTTCTAACATTACCAAATGGGGTCTGTGGCTTACTT
GCGGGTGGTGATGTTTAGCTCTGCTTATCTTCTCTGCCATTGGGAGATTAGCCATGGTT
TCCCTGTTTTCTCTTGATACTCTCCACACAGCTGACCCTTCATTGCGGGATGGTTCT
GAGTGCTTATTCTTGGGGGTTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGGAAAGTCTAAA
GCTGTGGTTGCAGCTGCAGAACATCTGGATTGTCGGAACCTCCGCTTGAATTATCATTAGGT
CAGCTTCATCAGGTACATTCCGGCATATAGCTTGTGTTGGT GACAATGGGAAGTACTGC
TGTTTACTTATAGGATGGAGAGCATTGTATTCA GTGCTTCTGCAGAGTCCAAGAAG
AAAAGATGATA CGTATCGGNAAGGGTAGTGCATTGAGCTATTGAGTTGCTTACTTCATT
GATAANACGATGGTGANNGAGCATCNATGGAATATCGGTGGTTGGAANGTTGAGATTAA
AGTATGCACAACAAAAATGTAATGTACTTTGTCACAAGGTCNACAACCCGCTAANNAG
ATCATATAAATAATGTGTTGANNAAANGTTNNNCAGGGACNAANNNGTAAATATCCNG
ANTATAGTTGNCAGTGNNNCAGTGNNNNGNAGGGAAAAGCAATGATNNNNNNATTGAAT
TTGGTCNTNNNGNNCANNNNNTNNNACNNGNNGGAAGNTAAAANTCTN

Clona 34 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNNNNGTNNNNNNNNNANNATGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTG
GTATCAACGCAGAGTGGCCATTACGGCGGGGACAAGATAACATGAGAATGTTAGTTCTT
CGCACTCCCACCGGACCTGTCTCCGCCGTAGATTCATCACCAAATCCAACCTTCTCCTT
TCTCTTCTCCGATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCGCGT
CGTCCTCGCTCTCTAACCCGACGGAAGCGTCAACTCAAACCTCAACCTCAGCTTCT
CAAATCCCTCTCAGGAGATGAAACAGTTCTGTTGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGG
GCGTGATTCAATTGATAAACCGTCATCTACTTCATCTTCTAACATTACCAAATGGGGTCG
TGTGGCTTACTTGCGGGTGGTGTGATGTTTAGCTCTGCTTATCTCTGCCATTGGGAGA
TTTAGCCATGGTTCCCTGTTTCGCTTGATACTCTCACACAGCTGACCCTTCATTG
CGGGATGGTTCTGAGTGCTTATTCGTGGGGGGTATGCGGAGGANGG

Clona 34.2 IAR3 (At1g51760)

NNNNNNNNNNNNNNNCNTACGATGTTCCNGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCA
ACGCAGAGTGGCCATTACGGCGGGGGANTTAAATACCACTTTTGCTTCTGTACCCCC
TGCTTCATCATCACGCACACCTCTCTTAACCTTCTCGATCTTCTTCTACACGAT
TCGATTGATTCAAGTATCAATCAATCGAATCCGAGATAAGTCATGAGTTCTTCAAATGGG
TTCTTGTGTTGATCCTCACTTGCTTAATCCGACTCTGATTTCATGTTCTCTAATGG
GTTATCTCAAATACCTTCAAAGTTCTTACTTGGCTAAAGGAATGATTGTTGATTGG
ATGGTTGGAATCAGAAGGAGAATCCATGAGAATCCAGAGTTAGGTTATGAGGAAGTAGAGA
CATCTAAGCTTGTAGAGCAGAGTTGGAGAAGATGGGTGTTCTTATAAGTACCCAGTTGC
TGTTACTGGTGTGTTGGGTATGTTGGAACTGGTCATGCTCCTTGTGCTTAAAGGCT
GATATGGATGCACCTGCTATGCAGGAAATGGTGGAATGGAACACAAGAGTAAGGTTCCAG
GGAAGATGCACGCTGTGGACATGACGCTCACACTACGATGCTCTCGGTGCTGCAAATT
GCTCAAAGAACATGAAGAAGAGCTACAGGGCACAGTGGTTCTAGTTCCAACCAGCTGAG
GAAGGAGGAGGAGGTGCAAAGAAGATTGGAGGCTGGAGTGTTGGAGAATGTGAGTGCA
ATCTTGGATTACATGTCACAAATCNANTGGCATTAGGTCAAGTGAGCTCGAGAGAGGG
TTCCTATGTTNGGCTGGTTAGTGGCTTTCAAAGCTAACAGATAAAGCGGGAAAAGGGAGG
CCACGCAGCCTCTCCGCAGCATAACNATAGATCCCGATACTGGNCAGCNTCAAATTGTTA
TTGGNTTAGCTTACCAACAACCTCGNTTCAACGGAGANGGCAGATCCTTTAANNCTCT
NAAAGGNGNNNAACAGNTNGCTNNNNNTGAAANNNCNNNGNNCTTNNAANNNNAATCCN
NGACTNCTNNNNNCTNNTNNNNNNNNNNNATTNCNNNNNGNCTTTNNNNNNNNNNNN
NNNNGCCANNNCAGNAANNANNNNNNNN

Clona 35.2 NPQ4 (At1g44575)

NNNNNNNNNGNCNNNNNNNACGGATNGTNNCNGATTACGCTGGANCCAAGCAGTGGTAT
CAACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGCGCCGGCATTTTGAGGAACAAGAGGCCCTTGG
CTCAGCCCCAAGTTACCCTCTCTGGAAACTCTCCGGTTGCACTACCCTAG
GAGACAATCATTGTTCTCTCGCTCTCAAACCCAAAACCAAGCTGCTCCTAAAAAG
GTTGAGAAGCCGAAGAGCAAGGTTGAGGATGGCATCTTGGAACGTCTGGTGGGATTGGTT
TCACAAAGGCAGATGAGCTATTGTTGGTCGTGCTATGATCGGTTCGCTGCATCGTT
GCTGGTGAGGCATTGACGGAAAAGGGATTAGCTAGCTGAATCTGGAGACAGGGATA
CCGATTACGAAGCAGAGCATTGCTTCTTCTCATCTTGTTCACTCTGGGAGCCA
TTGGAGCTCTGGAGACAGAGGAAAATTGTCGACGATCCTCCACCGGGCTGAGAAAGC
CGTCATTCTCCCGCAAAACGTCGATCTGCCCTCGGTCTCAAAGAACAAAGGTCCATTG
TTTGGGTTCACGAAGGCGAACGAGTTATTGTTAGGAAGATTGGCACAGTTGGGAATAGCAT
TTTCACTGATAGGAGAGATTATTACCGGGAAAAGGAGCANTTANCTCAACTCAGCATTGAG
ACCGGGTATAACCAATTCAA

Clona 38 NPQ4 (At1g44575)

NNNNNNNNNNNNNNNNNTNNNNATCGNTGTTNAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCA
ACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGACAACACAAAACACATCACTGATCCTCTCATCC
TCAGAAAGAACATGGCTCAAACCATGCTGCTTACTTCAGGCGTCACCGCCGGCCATTTTG
GGAACAAGAGCCCTTGCTCAGCCCAAAGGTTCACCATCTCTTCTCTGGAAACTCTCC
GGTTGCACTACCATCTAGGAGACAATCATCGTTCTCGCTCTTCAAACCCAAAACC
AAAGCTGCTCTAAAAGGTTGAGAACGCGAACAGAGCAAGGTTGAGGATGGCATTTGGAA
CGTCTGGTGGGATTGGTTCACAAAGGCAGATGAGCTATTGTTGGTCGTGCTATGAT
CGGTTTCGCTGCATCGTTGGTGAGGCGTTGACGGAAAAGGGATATTAGCTCAGCTG
AATCTGGAGACAGGGATACCGATTACGAAGCAGAGCATTGCTCTTCTCATCTTGT
TCACTCTGTTGGGAGCCATTGGAGCTCTGGAGACAGAGGAAAATTGTCGACGATCCTCC
CACCGGGCTCGAGAAAGCCGTATTCCCTCCGGCAAAACGTCGATCTGCCCTGGGTCT
CAAAAGAACAAAGGTCCATTGTTGGGTTACGAAGGCGAACGAGTTATTGTTAGGAAGATT
GGCACAGTTGGGAATAGCATTTCACTGATAGGAGAGATTATTACCGGGAAAGGAGCATT
AGCTCAACTCAACATNNNNNCCGNATACCAATTCAAGNATATCGAACCACTTGNCCCTC
CTTAAANC GTT GCT TT CTT CTT CCG CTGCC ATTA AN T C CTGGGAGAT

Clona 41 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

GNNNNNNNNNNNNNTANCCATNANGNNNGTCCAGANTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTA
TCAACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGAAGANACAATGAGAATGTTAGTTCTCGCACT
CCCACCGGACCTGTCTCCGCCGTAGATTCATCACCAAATCCAACCTTCCTTCTCTT
CTCCCCGATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCGCGTCGTCT
CGCTCTCTCTAACCCGACGGAAGCGTCAACTCAAAACCCCTAACCTCAGCTCTCAAATC
CCTTCTTCAGGAGATNAAACAGTTCTGGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTG
TTCAATTGATAAAACCGTCNTCTACTTCATCTTCTAACATTACCGGNTGGGTCGAGTGGC
TTTAGTTGCAGGG

Clona 42.2 Proteína de la familia de transportadores de níquel de alta afinidad
(At4g35080)

GNGNNGTNNTNNNNCNTACGNNGTTNNAGANTACGCTGGATCCAAGCAAGTGGTATCAACG
CAGAGTGGCCATTACGGCCGGGATCTCGGTTCGAGACTCATTGCCTGCCGAGAGAGAA
GGAGACGCCATGGAAAGGCTTCTCAACCATCTTCTTCTCCTCAATTCTCCTTCCA
AATTCCCTTCACGGACTTCTCCTTCCCTCCCGTCTCCGCTCATGGGTCTGAGCTTGT
CTCGACTCACCGGCCGAGTCACGCCGAGTCAGCTAACATTCTGCAACAGTTCCCAGATT
CCGTCACTG

Clona 43 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

GNNNNNNNNNNNNNNNNNTACGGATGTTNNAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCAA
CGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGAAGNANACAATGAGAATGTTAGTTCTCGCACTCCC
ACCGGACCTGTCTCCGCCGTAGATTCATCACCAAATCCAACCTTCCTCCTTCTCT
CCGATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCGCGTCCTCGC
TCTCTCTAACCCGACGGAAGCGTCAACTCAAAACCCCTAACCTCAGCTCTCAAATCCT
TCTTCAGGAGATGAAACAGTTCTGGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTGATTC
AATTGATAAAACCGTCATCTACTTCATCTTCTAACATTACCAAATGGGTCGTGGCTTT
ACTTGCGGGTGGTATGTTAGCTCTGCTTATCTCTGCCATTGGGAGATTTAGCCAT
GGTTTCCCTGTTTCTCTGATACTCTCACACAGCTGACCCCTTCATTGCGGGATGGT
TTCTGAGTGCTTATTTCTGGGGGTTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGGAAAGTC
TAAAGCTGTGGTTGCAGCTGCAAATCTGGATTGTCGGAACTCCGGCTTGNAATTATC
TTTAGGTCAAGCTTCATCAGGTACATTCCGGGCTTATAGCTTGTGGTGGACAATGG
TAAGTACTTGCTGTTTACTTATAGGATGTAGTAGCTTGTATTCAAGTGTGCTTCCTG
GCNNAGTTCCNGTGAAGAAANGATGGATACGTATN

Clona 45.2 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNNNNNNNCATACNNTGTTNNAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATC
AACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGAAGATAACAATGAGAATGTTAGTTCTCGCACTCC
CACCGGACCTGTCTCCGCCGTCAAGATTCACTCACCAAATCCAAACCTCTCCTTCTCTTCT
CCCGATTCACTGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCGCGTCGTCTCG
CTCTCTCTAACCCGACGGAAGCGTCAACTCAAAACCCCTAACCTCAGCTCTCAAATCCC
TTCTTCAGGAGATGAAACAGTTCTGTGGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTGATT
CAATTGATAAACCGTCATCTACTTCACTTCTAACATTACCAAATGGGGTGTGGCTT
TACTTGCGGGTGGTGTAGTTAGCTCTGTTATCTCTGCCATTGGAGATTAGCCA
TGGTTCCCTGTTTCTCTTGATACTCTCACAGCTGACCCTTCATTGCGGGATGG
TTTCTGAGTGCTTATTCTGGGGGTTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGGAAAG
TCTAAAGCTGTGGTGCAGCTGCGAAATCTGGATTGTCGGAACCTCGCTTGGATTATCA
TTAGGTCACTCATCAGGGTCACATTCCGGCATATAGCTTGTGTTGGNGACAATGGGA
AGTACTGCTGTTTACTTATAGGATGGAGAGCATTGTTATTCACTGTGCTTCTGCAGAG
TCCAAGAAGAAAGATGATACGTATCGNAAAGGGTAGTGCATTGANGCTATTGAAGTT
GCTTACTTCATTGNATAANNACGNATGGNGAAGGGAGCATTCCCATGAAATATTGGGT
CGGGTGGAAAGGTTGAGAATTAAAGTTATTGCACAAACCNAAAANNGTAAAATGGNACT
TTTGTACCAANGNCACCAAACCGGCTAACAGNATTCAATATAANNNATGNGNNNGNTNGNN
GAANGTTCCCAGGCAACCCAANNGNTAATTAATCGGANANATAGNTGGCCATGTGGGC

Clona 46 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNNNNNNNCANTANGNTGTTCCAGANTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTAT
CAACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGAAGANACAATGAGAATGTTAGTTCTCGCACTC
CCACCGGACCTGTCTCCGCCGTCAAGATTCACTCACCAAATCCAAACCTCTCCTTCTCTC
TCCCGATTCACTGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCGCGTCGTCTC
GCTCTCTCTAACCCGACGGAAGCGTCAACTCAAAACCCCTCACCTCAGCTCTCAAATCC
CTTCTCAGGAGATGAAACAGTTCTGTGGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTGAT
TCAATTGATAAACCGTCATCTACTTCACTTCTAACATTACCAAATGGGGTGTGGCT
TTACTTGCGGGTGGTGTAGTTAGCTCTGTTATCTCTCTGCCATTGGAGATTAGGCC
ATGGTTCCCTGTTTCTCTTGATACTCTCCACACAGCTGACCCTTCATTGCGGGATG
GTTTCTGAGTGCTTATTCTGGGGGTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGGAAAG
GCTAAAGCTGTGGTGCANCTGCTANATCTGGATTGCTGGAACTCCGCTTGGAAATTAT

Clona 48 PIP2;2 (At2g37170)

NNNNNNNNNNNNNNNTANNANNNNNGNTCNNGATTACGCTGNANNNAAGCAGTG
GTATCAACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGATCCACAATACAAAACACAACCTTCATAT
ATAACAAAAAAAGTTATAGAAATGCCAAGACGTGGAAGGACCTGAGGGATTTCAGACAA
GAGACTACGAAGATCCGCCACCAACTCCGTTTCGATGCGGACGAGCTTACCAAGTGGTC
TTTATACAGAGCCGTATTGCCAGTTCGTAGCCACTCTCCTCTCGTACATCACCGTT
TTAACTGTCATCGGTTACAAGATTCACTCGACACAAAAGCCGGTGGAGTTGACTGCGGCG
GCGTCGGAATCCTGGCATCGCGTGGCTTTGGTGGCATGATCTTCATCCTGTCTACTG
CACCGCCGGTATCTCAGGTGGTCACATAAACCTCGGGTACGTTGGTTGTTAGCC
CGGAAGGTATCGCTGATTAGGGCGGTGCTTACATGGTGGCTCAGTGTGGTGTCTTGTCTAGCC
GTGGAGTTGGTTTCGTCAAAGCCTTCAAAGCTCTTAATGATCGTTACGGTGGAGGAGC
CAACTCTCTAGCAGACGGCTACAACACAGGCACCGGACTAGCCGAGAGATCATTGGAACA
TTCGTTCTCGTCTACACAGTCTCCGCTACTGATCCCNAACGTAACGCTAGAGACTCC
CACGTTCCGGTTGGCGCCACTCCGANTTGGGTTGC GGNGTTATGGTACNTTTGG
CN

Clona 49 ABI1 (At4g26080)

NNNNNNNNNNNNNNNCNTACGNNGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCAA
CGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGGTTCTCAGGTAGCGAAGTATTGTAGAGAGAGGATGC
ATTGGCTTGGCGAGGAGATAGCTAACGGATAGGAGAAACCGATGCTCTCGATGGTACCGT
GCTGGAGAAGTGGAAGAAAGCTCTTCAACTCGTCTGAGAGTTGACTCGGAGATTGAG
TCAGTTGCGCCGGAGACGGTTGGTCAACGTCGGTGGTGCCTGTTCCCGTCTCACA
TCTCGTCGCTAACTCGGGTACTCTAGAGCCGTTCTTGCCCGGCAAAACTGCACTTCC
ATTATCCGTTGACCATAACCGGATAGAGAAGATGAAGCTGCGAGGATTGAAGCCGCAGGA
GGGAAAGTGAATCGTGAAGCTCGTGGTCTCGCCATGTCGAGATCCA
TTGGCGATAGATACTTGAAACCATCCATCATTCTGATCCGGAAGTGACGGCTGTGAAGAG
AGTAAAAGAAGATGATTGCTGATTGGCGAGTGACGGGTTGGGATGTAATGACGGAT
GAAGAACGCGTGTGAGATGGCAAGGAAGCGGATTCTCTGTGGCACAAAGAAAACGCGGTGG
CTGGGATGCACTGTTGCTCGCGATGAGCGGAGAAAGGAAGGGAAAGATCCTGCGGCGAT
GTCCCGGGCTGAGTATTGTCAGGCTGGCGATACAGAGAGGAAGCAAAGACAACATAAGT
GTGGTGGTNGGTTGATTGAAGCCTCGGGAGGAAACTCAAGAGCAAACCCCTTGAACGTA
GGCAGAGAGGGGNTCTTTCTTAATTAAAATGAATATGGGTCTCTCCAAGAAAA
AGTATTAACTATTATTAATTGTGCTTAATTGTTAACTAACNNGTTATAACCCA
TATGNAGANAATGAAGCCTAAATGTGTTAANGCTCNTTTGTNCTGACTACATT
NAAAAAGCCNNNGNATTNNNNNCCCGNNTNNNTAANNTGGNTTACCAACNTNACATT
NANNAANNNNNAANNNNNTNNTGNNNTN

Clona 50 APX1 (At1g07890)

NNNNNNNNNNNNNNNNCCNNNTACGANGNNTCNNNATTACGCTGGATCCAAGCAGTGG
TATCAACGCAGAGTGGCCATTACGGCGGGATAAAAGTAGTACTCGTGTCTACTCGTGC
CAGCCACTCGCATTTCTCCAGATTTATTATCCTTCCTCGAAACAAGAGCTTAGCTAAGAT
GACGAAGAACTACCCAACCCTGAGCGAAGATTACAAGAAGGCTGTTGAGAAGTGCAGGAGG
AAGCTCAGAGGTTGATCGCTGAGAAGAACTGTGCACCCATCATGGTCCACTCGCATGGC
ACTCTGCTGGAACTTCGATTGTCAATCAAGGACTGGAGGTTCCATTGGAAACAATGAGGTT
TGACGCTGAGCAAGCTCATGGAGCCAACAGTGGTATCCACATTGCTCTTAGGTTGTTGGAC
CCCACATCAGGGAGCAATTCCCTACCACATCTCTTTGCTGATTCCATCAGCTTGTGGTGGT
TGGCCGTTGAAGTTACTGGTGGCCCTGACATTCCCTTACCCCTGGAAGAGAGGACAAGCC
CCAACCACCTCCAGAGGGTCGCTTCCTGATGCTACCAAGGGTTGTGACCATTGAGAGAT
GTCTTGCTAAGCAGATGGCTTATCTGACAAAGACATTGTCGCTTATCTGGTGCCAC
CTCTGGGACGATGCCACAAGGATAGGTCTGGCTTCGAAGGTGCATGGACATCAAACCTCT
AATCTCGACAACCTTAACCAAGGAACCTTGAGCGGAGAGAAGGAAGGCCTTCTCAG
CTTGTCTCTGACAAAGCACTATTGGACGACCCCTGTTTCCGTCCTTGGTCGAGAAATACG
CTGCTGATGAAGATGCCTTTCGCTGGNNACGCTGAGGCCACATGAAGCTTCTGAGCT
TGGGTTGCTGATGCTTAAGCTGTGACGTATGCTTCTGTGTGTGTCTCCCCGAGA
GTCATGNNTNNNTTTNNNTNNNGGGCTGNNGGGNCGCATTGCATTNAACTTGNCATAT
GATTGGCTTAANGNACTCCTCGNATTNNCGTAATNCTGTTTNNNNNGNNNGNNGAN
NNNNNCNCATNCCNNNGCGCTTTNNNGNNNNNNNNNNNNNGTTNNNNNNNNNNCN
NNNTNA

Clona 57 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNTCCAGNNTACGCTGGNTCCAAGCAGTGGTAT
CAACGCAGAGTGGCATTACGGCCGGGAANATANAATGAGAATGTTAGTCCTCGCACTC
CCACCGGACCTGTCTCCGCCGTAGATTCATCACCAAATCCAAACCTCTCCTTCTCTTC
TCCCAGATTGATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCGCGTCGTCCCTC
GCTCTCTCTAACCCCGACGGAAGCGTCAACTCAAACCCCTCACCTCAGCTCTCAAATCC
CTTCTTCAGGAGATGAAACAGTTTCGTGGTCAAGATAATGTTCCCTCGAGGGCGTGAT
TCAATTGATAAACCGTCATCTACTTCATCTTCTAACATTACCAAATGGGGTGTGGCT
TTACTTGC GG GTGGT GATGTTTAGCTCTGCTTATCTTCTG CCA TTGGGAGATTTAGCC
ATGGATTCCCTGTTTTCTCTTGATACTCTCACAGAGCTGACCCTTCATTGCGGGGA
TGGTTTCTGAGTGCTTATTTCTGGGGGGTTATGCGGAGGAAGGACG

Clona 58 LIL3:1 (At4g17600)

NNNNNNNNNNNNNNNTANNNNNNNCNNANGTTCCAGANTACGCTGGATCCAAGCAGTGG
TATCAACGCAGAGTGGCATTACGGCCGGGAAGTAAAGAAGAAACCACAACAATGGCGT
TGTTCTCCCCGCCAATCTCTTCTCATCTCTCAAATCCAAATTTCATTCCCAAATTTTC
ATTCTCCCTCCTCTCCAGTAACCGCTTCTCTCCTCTCCGTCACTCGAGCTCCTCCGAC
AGTGGATCAACCTCTCCCACCGCCCGTCTCCGTGGAGGCTCCTGAGCCGTGGAAGTGA
TAGTTAAAGAGCCTCCGCAATCAACACCGCGGTTAAAAAGGAAGAAACCGCCACCGCTAA
AAATGTCGCCGTCGAAGGTGAAGAGATGAAAACAACGGAGAGTGTTGTCAAATTCCAGGAT
GCGAGATGGATTAATGGAACCTGGGATCTGAAACAGTTGAGAAAGATGGAAAAACCGATT
GGGATTCTGTAATCGTTGCTGAGGCAAAGAGAAGAAAATGGCTAGAAGAGAATCCAGAAC
AACGAGTAACGACGAACCAGTGCTTTCGATACTCGATTATTCCATGGTGGGCTTGGATT
AAGAGATAACCNCCTAACCTGATGCTGAACCTTAAATGGTCGTGCGGCGATGATAGGATTC
TTTATGGGCTTACTTTGTCGANAGTCTTACCGGAGTAGGACTTGGN

Clona 61 APE1 (At5g38660)

NNNNNGNNGNGGCCNNANCNNTANNANGNNNCNNGANTACGCTGGATCCAAGGCAGTG
GTATCAACGCAGAGTGGCATTACGGCCGGGACAAAGATACACAGAGAGAGAAGAGAAG
AGGAAGAAAATGGGATCTATAACGGTAGCTCCGGAACCCGTCTTATTCTCCAGTCGGC
GGNGNAGATCGTTGCGGTGTCGCCA

Secuencias obtenidas en 55 mM de 3-AT

Clona 2 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNNNNNNNCNCANTACGNTGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTA
TCAACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGGACAAGATAACAATGAGAATGTTAGTTCTTCGC
ACTCCCACCGGACCTGTCTCCGCCGTCAAGATTCATACCAAATCCAAACCTTCTCCTTCT
CTTCTCCGATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGAGTCGTCCCCGCGTCGT
CCTCGCTCTCTAACCCGACGGAAGCGTCAACTCAAAACCTCAACCTCAGCTCTCAA
ATCCCTCTTCAGGAGATGAAACAGTTCTGGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCG
TGATTCAATTGATAAACCGTCATCTACTCATCTTCTAACATTACCAAATGGGGTCGTGT
GGCTTACTTGGGGTGGTGTGTTAGCTCTGCTTATCTCTGCCATTGGGAGATT
AGCCATGGTTCCCTGTTTCTCTGATACTCTCCACACAGCTGACCCCTTCATTGCGG
GATGGTTCTGAGTGTCTTATTCAGGGGGTTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGG
AAAGTCTAAAGCTGTGGTTGCAGCTGCGAAATCTGGATTGTCGGAACCTCGCTTGGAAATT
ATCATTAGGTCACTTCATCAGGTACATTCCGGCATATAGCTTGTGTTGGTACAATGG
GAAGTACTGCTTTACTTATAGGATGGAGAGCATTGTTATTCACTGCTTCCCTACAGA
GTCCAAGAAGAAAGATGATACTGATCGGAAGGGTAGTGCATTGAGCTATTGAGTTGCTT
ACTTCATTGATAAGACGATGGTGAAGGAGACATCCATGAATATTGGTGGGTTGGANGTTGA
GANTTAAGTATGCACAACCAAAATGTAAATGTACTTTGTCAACAAGTCACAACCGCTTAA
CAGATCATATAAAATATGNGTGTGAGAANINTNCCNNNNNAAGTNNAATNTCGATTAAT
TAANNNNGCCAGNNNNNNNNNNNNNGANGAAANNCAANTGNNTGANAGATGNNTNNNNNT
NNNNANGTNNNCANNANNNNGNNNNNNNNNNNNNNNNNNNANATNANNNNNNNNNNNN
NNNATNNNANNNNNNNN

Clona 3 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNNNNNNNNNCNTANCNGATGTTCNNATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGT
ATCAACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGAAGATAACAATGAGAATGTTAGTTCTTCGCAC
TCCCACCGGACCTGTCTCCGCCGTCAAGATTCATACCAAATCCAAACCTTCTCCTTCT
TCTCCGATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGAGTCGTCCCCGCGTCGTCC
TCGCTCTCTAACCCGACGGAAGCGTCAACTCAAAACCTCAACCTCAGCTCTCAAAT
CCCTCTTCAGGAGATGAAACAGTTCTGGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTG
ATTCAATTGATAAACCGTCATCTACTTCATCTTCTAACATTACCAAATGGGGTCGTGTGG
CTTACTTGGGGTGGTGTGTTAGCTCTGCTTATCTCTGCCATTGGGAGATTAG
CCATGGTTCCCTGTTTCTCTGATACTCTCCACACAGCTGACCCCTTCATTGCGGGG
ATGGTTCTGAGTGTCTTATTCAGGGGGTTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGGA
AAGTCTAAAGCTGTGGTTGCAGCTGCGAAATCTTGGATTGTCGGAACCTCGCTTGAATT
ATCATTAGGTCACTTCATCAGGTACATGTCCGGCATATAGCTTGTGTTGGTACAATG
GGAAAGTACTGCTTTACTTATAAGATGNAGAGGCATTGGTTAATNTGTGTGCTTCC

Clona 4 PIP2;2 (At2g37170)

NNNNNNNNNNNNNNNCNTNNCCTNACGNANGNTTCCNNNNACGGCTTGAATCCAAA
GCAGTGGTATCAACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGGATCCACAATACAAAACACAA
CTTCATATATAACAAAAAAGTTATAGAAATGCCAAAGACGTGGAAGGACCTGAGGGAT
TTCAGACAAGAGACTACGAAGATCCGCCACCAACTCCGTTTCGATGCGGACGANCTTAC
CAAGTGGTCTTATACAGAGCCGTATTGCCGAGTCAGTCCACTCTCCTCTCGTAC
ATCACCGTTTAACGTACCGTTACAAGATTCAAGACACAAAAGCCGGTGGAGTTG
ACTGC GGNGGCGTCAGAACCTGTNATCGCGTGNGCNTTN

Clona 6 PIP2;2 (At2g37170)

NNNNNGNGNGNNNNNNNNNNNNNNACGGANGNNCCAGGATTACGGCTGGANCCAAGCAA
GTGGTATCAAACGCAGAGTGGCCATTACGCCGGGGATCCACAATACAAAACACAACTTTC
ATATATAACAAAAAAGTTATAGAAATGCCAAAGACGTGGAAGGACCTGAGGGATTCAG
ACAAGAGACTACGAAGATCCGCCACCAACTCGTTTCGATGCGGAGGAGCTAGNGNTG
NTCTTATGGGNAGNCGTGGGNN

Clona 7 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

GNNNNNNNNNNNCNTNNNNTACGATGTTCCNGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCA
ACGCAGAGTGGCCATTACGCCGGGAAGATAACAATGAGAATGTTAGTTCTTCGCACTCCC
ACCGGACCTGTCTCGCCGT CAGATT CATCACCAATCCAACCTCTCCTTCTCTC
CCGATTCA TGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGAGTCGTCCCCCGCGTCGTCTCGC
TCTCTCTAACCCGACGGAAGCGTCAACTCAAACCCCTCAACCTCAGCTCTCAAACCCCT
TCTTCAGGAGATGAAACAGTTCTGGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTGATTC
AATTGATAAACCGTCATCTACTTCATCTTCTAACATTACCAAATGGGGCGTGTGGCTTT
ACTTGCGGGTGGT GATGTTTAGCTCTGCTTATCTCTGCCATTGGGAGATTAGCCAT
GGTTTCCCTGTTTTCTCTTGATACTCTCCACACAGCTGACCCCTTCATTGCGGGATGGT
TTCTGAGTGCTTATTCCTGGGGGTTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGGAAAGTC
TAAAGCTGTGGTTGCAGCTGC GAAATCTGGATTGTCGGA ACTCCGCTTGGAAATTATCATT
AGGT CAGCTTCATCAGGT CACATTCCGGCATATAGCTTGTGTTGGT GACAATGGGAAGTA
CTGCTTTTACTTATAGGATGGAGAGCATTGTTATTCA GTGCTTCTGCAGAGTCCAA
GAAGAAAGATGATACGTATCGGAAGGGTAGTGCATTGAGCTATTGAGTTGCTTACTTCA
TTGATAAGACGATGGTGAAGGAGCATCCATGAATATT CGGT CGGNTGGGAGGTTGAGATT
AAGTATGCACNACAAAAAATGTAATGNACTTGT CACAAGTCACAACCCGCTAACAGATCA
TATAAATATGTGNNGNNGAGAAGTCCAGNACNNAGGTGGAATATCNANNATNANNNNAG
TNNNCANNNNNNNGNNAAGNCAANTGATGANANNATGATTTNGNNNNNANGNNAANN
AANNNNNNNNNNNNNTNAANNAANNNNNNNCNNNNANNNNNNNNNNNNGN
NNCGNCCTNNNGGNNNTTNNTNN

Clona 8 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNNCATANCATACGATGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCA
ACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGAAGATAACAATGAGAATGTTAGTTCTCGCACTCCC
ACCGAACCTGTCTCCGCCGTCAAGATTACATCACCAAATCCAACACCTTCCTCCTTCTCTC
CCGATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCGCGTCCTCGC
TCTCTCTAACCCGACGGAAGCGTCAACTCAAACCTCAACCTCAGCTCTCAAATCCCT
TCTTCAGGAGATGAAACAGTTTCTGGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTGATTC
AATTCGATAAACCGTCATCTACTTCATCTCTAACATTACCAAATGGGGCGTGTGGCTTT
ACTTGCGGGTGGTATGTTAGCTCTGCCATTGGAGATTAGCCAT
GGTTTCCCTGTTTTCTCTTGATACTCTCACACAGCTGACCCCTTCATTGCAGGGATGGT
TTCTGAGTGCTTATTTCTGGGGGTTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGGAAAGTC
TAAAGCTGTGGTTGCAGCTGCGAAATCTGGATTGTCGGAACCTCGCCTGGAATTATCATT
AGGTCACTTCATCAGGTACATTCCGGCATATAGCTTGTGTTGGTACAATGGGAAGTA
CTGCTGTTTACTTATAGGATGGAGAGCATTGTTATTCACTGCTTCCTGCAGAGTCCAA
GAAGAAAAGATGATACTGAAAGGGTAGTGCATTGAGCTATTGAGTTGCTTACTTC
ATTGATAAGACGATGGTGAAGGAGCATCCATGAATATTGGTGGGNGANGGTTGAGAT
TTAAGGTATGCACAACAAAAATGTAATGTTACTTGTACAAGTCACAACCCGCTAACAGG
ATCATATAAAATAATGTGNGNNTNGANGAAGTTCCAGGACCCAAGTGTNAATTATNNGATAT
AGNTTGCCAGNNNNNCAGNGNAGGNNGAANNNNNGATGANANNATGNNTTTGNTCT
TNANNNNNAACNNTTANNNNNNGANGNNNNNNNNAAAANNNNNNNNNNNNNNNNCNT
GTCNNNGNNNCNNNNNNNTCTCTNGGNNNNNNNNNNNN

Clona 10 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

TNNNNNNNNNNNNNNNNNNNTNACCNNNANGANGNNCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGT
GGTATCAACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGAAGATAACAATGAGAATGTTAGTTCTCG
CACTCCCACCGGACCTGTCTCCGCCGTCAAGATTACATCACCAAATCCAACACCTTCCTC
TCTCTCCNGATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAAACGTCCCCGCGTCG
TGCTCGCTCTCTAACNCCAACGGAATCGACAACTCAAANGNNCAGCCTCAGCTNN

Clona 11 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

Clona 12 RABD2A (At1g02130)

NNNNNNNNNGNGNNNNNCNNATACNNATGNNNCAGATTACGCTGGATCCAAAGCAGT
GGTATCACGCAGAGTGCCATTACGCCGGGGAGAGAGAGATCTCTGGCTCTGTATCGC
TCGCTGCTCTCCTCCCAC

Clona 13 RABD2A (At1g02130)

Clona 14 ATRABA2C (At3g46830)

GNNNNNNNNNNNNTAANNNTACGNANGTTNNGATTACGGCTGGAATCCAAGCAAGTGG
TATCAAACGGCAGGAGTGGCCATTACGGCCGGGAGAAGAAGAAGACGAAGGCCATCAA
TTAAACAAGAAAAATTCCATTTCCTCATTGATTGTTTATTGCGAGATCGAAGAGAGGA
AGGAGAAAATGANGCAGAGAGTAGATCAGGAGTNTGATTATTGGGGNGANTGTGTTGAT
TGTTGANTGTGGTGN

Clona 15 NPQ4 (At1g44575)

GNNNNNNNNNNNNNNNNNCNNNTACGATGTTNCNGANTACGCTGGNTCCAAGCAAGTTG
GTATCAACGCAGAGTGGCCATTACGGCGGGACAACACAAAACATCACTGATCCTTCTC
TCATCCTCAGAAAGAATGGCTCAAACCATGCTGTTACTTCAGGCGTCACCGGCCGATT
TTTGAGGAACAAGAGCCCTTGGCTCAGCCAAAGTCACCCTCTTCCTCTGGAAA
CTCTCCGGTTGCACTACCATCTAGGAGACAATCATTGTTCTCGCTCTCTCAAACCC
AAAACCAAAGCTGCTCCTAAAAAGGTTGAGAAGCCAGAGCAAGGTTGAGGATGGCATCT
TTGGAACGTCTGGTGGATTGGTTCACAAAGGCGAATGAGCTATTGTTGGCGTGTGCG
TATGATCGGTTTCGCTGCATCGTTGAGGCGTTGACGGGAAAAGGGATATTAGCT
CAGCTGAATCTGGAGACAGGGATAACGATTACGAAGCAGAGCATTGCATCTTCTCA
TCTTGGTCACTCTGGAGCCATTGGAGCTCTGGAGACAGAGGAAATTGTCGACGA
TCCTCCCACCGGGCTCGAGAAAGCCGTCTTCCCTCCGGAAAAACGTCCGATCTTGCCT
CGGTCTCAAAGAACAGTCCATTGTTGGTTACGAANGCGAACGAGTTATTCGTAG
GAAGNNTTGGCACAGGTTGGGAATNNNNNTTTCACTGATAGGGAGTAGATTATTAC
CGGGGNAAGG

Clona 16 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNGNNNGNNCCNTACGNNNGTNNNANNNTACGCTGGATCCAAGCAAGTTG
GTATCAACGCAAGAGTGGCATTACGCCGGGAAGATAACAATGAGAATGTTAGTTCTTCG
CACTCCCACCGGACCTGTCTCCGCCGTAGATTCATCACCAAATCCAAACCTCTCCTTTC
TCTTCTCCCGATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCGCGTCG
TCCTCGCTCTCTAACCCGACNGAAGCGTCAACTCAAAACCTCACCTCAGCTTCTCA
AATCCNNNTCTCNGGAGATGAAACAGTTCGTGGGNNAAGATAANGTTCTCTCGAGGGC
GTGATTCAANTCNATAAACCGTCATCTACTTCATCTTCTAAANATTACCGAATGGGGTCGT
GTGGCTTNACTTGN

Clona 17 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNNNNNNCCATACGATGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTA
TCAACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGAAGATAACAATGAGAATGTTAGTTCTCGCACT
CCCACCGGACCTGTCTCCGCCGTCAAGATTCATCACCAAATCAAACCTTCTCCTTCTCTT
CTCCCGATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCGCGTCGTCC
CGCTCTCTCTAACCCGACGGAAGCGTCAACTCAAACCTCAACCTCAGCTCTCAAATC
CCTTCTTCAGGAGATGAAACAGTTCTGGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTGA
TTCAATTGATAAACCGTCATCTACTTCATCTTCTAACATTACCAAATGGGGCGTGTGGC
TTTACTTGCAGGGTGGTGTAGTTAGCTCTGCTTATCTTCTGCCATTGGAGATTAGC
CATGGTTCCCTGTTTCTCTTGATACTCTCACACAGCTGACCCCTTCATTGCGGGAT
GGTTTCTGAGTGCTTATTTCTGGGGGTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGGAAA
GTCTAAAGCTGTGGTTGCAGCTGCGAAATCTGGATTGTCGGAACTCCGCTTGGATTATC
ATTAGGTCAGCTTCATCAGGTACATTCCGGCATATAGCTTGTGTTGGTGACAATGGGAA
GTACTGCTGTTTACTTATAGGATGGAGAGCATTGTTATTCACTGTGCTTCCCTGCAGAGTC
CAAGAAGAAAGATGATACTGTATCGGAAGGGTAGTGCAATTGAGCTATTGAGTTGCTTACT
TCATTGATAAGACGATGGTGAAGGAGCATCCATGAATATTGGTCGGNNNGAGGTTGAGA
TTTAAGTATGCACAAACAAAAATGTAATGTAATTGACTTTGTCACAAGTCACNAANNGCTAA
CAGATCATATAAATATGTGNNTTGAGNAANNTCNAGGNNCAGNGTAAATATCGGAT
TANNANNNGNCANNNGNNNNNNNGANGAAANGCAATGNNTNNANAGATGNNTTGNNN
CNAGNNNNNNNTANNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNANANANANANNAANNNAAC
NNNGGGN

Clona 18 CPK29 (At1g76040)

NNNNNNNNNGNGGGNNNNNACNNNNNNNNNTTCCAGATTACGCTGGNNCCAAGCAGTGGT
ATCAACGGCAGGAGTGGCCATTACGGCCGGCAACGGTCGAGAATACGCCTGCAAATCCAT
CTCAAAACGTAAACTCATCGTCAAAGACATCGAAGACGTGAGACGTGAGGTATGATC
TTGCAACACCTTACTGGTCAACCNAACATAGTCGAGTTCGAGGCGCGTATGAAGACAAAGA
CAATCTTCATT

Clona 19 RABA2c (At3g46830)

GNNNNNNNNNNNNNNNNNACNNNACGNTGTTCNNNATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGT
ATCAACGCAGAGTGGCCATTACGCCGGGACGAAGAAGAACGAAGCCCATAAATTAA
ACAAGAAAATTCCATTTCTCATTGATTGTTTATTGCGAGATCGAAGAGAGAAGGAG
AAAATGACGCATAGAGTAGATCAGGAATATGATTATTGTTAAGATTGTGTTGATTGGTG
ATTCTGGTGTGGAAATCGAATATCTTGTGAGATTGACCAGGAATGAGTTGCTTGGA
ATCTAAATCCACTATTGGTGTGAATTGCCACCAGAACTACTCAGGTTGAAGGAAAGACC
ATTAAGGCCAGATCTGGGACACTGCAGGTCAAGGAGAGGTACAGGGCATCACAAGCGCGT
ATTACAGAGGCGCAGTGGGTGCACTTCTGTCTACGACATTACTAAGAGACAGACCTTGA
CAATGTTTAAGGTGGCTGCGGAAC TGAGAGACCATGCAGATTCCAACATTGTGATCATG
ATGGCTGGGAACAAATCCGATCTGAACCAC TTGAGATCCGTTGCTGAGGAAGATGGTCAA
GTTTGGCTGAGAAGGAAGGTCTCTTCTGGAGACATCTGCTCTGAAGCAACAAACGT
CGAGAAAGCGTTCAGACCATCTTAGGTGAGATCTACCATATCATAAGCAAAAGGCAGT
GCTGCACAAGAACGAGCAGCAGCTAATTCTGCAATCCCTGGCAAGGAAC TACGATTAACG
TCGATGACACATCTGGAGGCGCAAACGAGCATGTTGCTCTTAAACTAAAGGTAAACT
GTTTATTNCGGGTNGCTCCTTGTTCAGAGATTCAAACTTTTGTTTTCANCTGGNTTT
CTCTCTTTTCAAAGTTTGGCTTGATGAAACGTAACCTATGCCNAGNACTATGTAGAA
TTACTCTGNTTTTATTCTCCTTCNGNNTGGNGTTNGNGTTNCAGGTTAAAGCT
TGNTNAGNNAGNNNACCTTANNAAANNCTCN>NNNNNTNGNNNTNNNNCCTCTCNC
CCNNNNNGNNTCENNNTGGATTCCNNNNNTANNAANNNNATTNTNNNN

Clona 21 RABA2c (At3g46830)

NNNNNNNNNNNNGGNNNNNCCNNANGNNGTTNCNGANTACGCTGGATCCAAGCAGGTG
GTATCAACGGCAGAGTGGCCATTACGCCGGGACGAATAAGAACGAAGCCCATAAAT
TAAACAAGAAAATTCCATTTCTCATTGATTGTTTATTGCGAGATCGAAGAGAGAAG
GAGAAAATGNCGCATAGAGTAGATCNGGAATATGATTATTGTTTGATTGTGTTGATTGG
TGATTCTGGTGT

Clona 22 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

TGNNNNNNNNNNNNNCNTACCATNCNATGTTCCNGATTACGCTGGATCCAAGCAAGTG
GTATCAACGCAGAGTGGCCATTACGCCGGGAGATAACATGAGAATGTTAGTTCTCGC
ACTCCCACCGGACCTGTCTCCGCCGTCAAGATTCAACCAAATCAAACCTTCTCCTTCT
CTTCTCCGATTCAATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGAGTCGTCCCCGCGTCGT
CCTCGCTCTCTAACCCGACGGAAGCGTCAACTCAAACCTCAACCTCAGCTCTCAA
ATCCCTCTCAGGAGATGAAACAGTTCTGTTGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCG
TGATTCAATTGATAAACCGTCATCTACTTCATCTTAACATTACCAAATGGGTCGTGT
GGCTTACTTGCAGGTGGTGTGTTAGCTCTGCTTATCTCTGCCATTGGGAGATT
AGCCATGGTTCCCTGTTTCTCTGATACTCTCCACACAGCTGACCCATTGCGG
GATGGTTCTGAGTGCTTATTCTGGGGGTTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGG
GAAAGTCTAAAGCTGTGGTTGCAGCTGCTGAAATCTTGATTGTCGGAACTCCGCTTG
GAATTATCATTAGGTCA GCTTCATTCAAGGTACATTCCGGCATATAGC

Clona 23 Proteína que contiene un dominio tipo rodanasa (At2g42220)

NNNNNNNNNNNNNNNTACCCNATACGATGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGG
TATCAACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGGACGAGTTTTCTAGAGACCTCTGCTG
CAATGGTGGGATCATAAGCCCTAGCCCTACGGCTCTTATTCACCAGTAATGTCGGTGG
GAGGCGACTGAAAGCAGTGAACTGGGCGGGAAAGAGTGTCTCCGGGAACGTTATCCGCCGG
AGAAGCTTGAGAATTGCTCGGGAGCTGAAATTGTGAATGCAGAAGAAGCAAACAGTTAA
TAGCTGAAGAAGGTTACTCGGTGGATGTAAGAGACAAGACTCAATTGAGAGAGCTCA
TATAAAATCTGCTCCCATTCTCCTCTCATTTACAACGAAGACAACGATATTGGCACG
ATCATAAAAGAGGACAGTCACAACAATTCTCGGGCTCTCTTGGTTACCTTCACGA
AAAGTGAATCCGGAATTCTTAAATCTGTTAGAAACGAGTTCTCAAGACAGCAAACCTTT
ACTTGGTTGCCAAGAACAGTCTCAGATCTGCAGCTGGCTAGTAGATTGGAGGAAGCAGGT
TACGAAAACATTGCTTGTAAACATCAGGGCTACAATCTGTAAAACCAGGGACATTGAAT
CCGTCGGTTCCACTGAGTTGCAGAATGCAGGCAAAGCAGGGCTTATCACAATTCAAGGCAA
GATCTCAGCAGTCTTAGGGACAGTACTCGTCTGTGCTTATTGTTCATACAGTTCTCCCG
GACCAAGCAGAGAACAGCTTTCCAAACAAGCTAACAGACAAGACAAAGAAAACAATTGAGG
CAGACATGTTTACATTCTGCCTGTTGAATGTGATGCTTAAGAGAAAATTCAAA
ATATTAAAATTCCTAACAGTAGTAGTTACTAAAAGATTATATATGGTATTGAGAAAAAA
GTTGNNTNANANNGAAANAAANNNNNNCNNNANNNNAAAANANNAANNCTTGTNNGGCC
CGCCTCGNNNNNNNTCNANAANTNCGNATNTCANNNTNATTCTNAAATACCGNNCGACCT
CNANNNCANNNNNNNNNNNNNTNNNANNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
TAACCGNGAANNAGNNNA

Clona 27 (APX1) At1g07890

Clona 31 XTH24 (At4g30270)

NNNNNNNNNNNNNNNNNCNNACGATGTTCCNGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTA
TCAACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGACCAAACCCCTCTCCAAAACACACCCACACGTA
CGCACACACACAAAGACAATGTCTCCTTCAAAATATTCTTCTTCACGACTCTCTCGTGG
CGGCGTTTCAGTGTGGCTGCTGATTCAACACTGACGTCAACGTAGCTGGGGAAATGG
CCGTGGGAAGATACTCAACAACGCCAGCTCTACTCTCTCCTAGACAAATCCTCTGGT
TCCGGTTTCATCCAAAACAGAGTATTGTTGGAAAGATTGATATGCAGATTAAGCTTG
TTCCTGGTAACTCTGAGGAACAGTCACAACCTTACCTAAAATCCGAAGGATCCACTTG
GGATGAGATTGATTGAGTTCTGGTAATATGAGTGGAGATCCTACNCTTACACACT
AATGTTACACTCAAGGTAAAGGTGACAAAGAGCAACAATTCCATCTCGGTTGACCCAA
CCGCCAATTCCACACTACTCAATCCTCTGGAACCCCTCAAANAATCATATTGACCGTCGA
TGACACACCCATTAGAGAGTTAAAAGACTATGGAATCTCTCGGTGTTGTTCCAAA
AGAACAAAGCCCCAAGAAGGATGTACCGAAGTTATGGAACGCANACNA

Clona 32 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNNCATNNCCATACGATGTTCCNGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTAT
CAACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGAAGATAACATGAGAATGTTAGTTCTCGCACTC
CCACCGGACCTGTCTCCGCCGTAGATTCATCACAAATCCAAACCTCTCCTTCTCTTC
TCCCGATTCATGGCTCCTCCCTGCACAAACACTCACCGGAGTCGTCGGCGTGTGCTC
GCTCTCTCTAACCCCGACGGAAGCGTCAACTCAAACCCCTCAACCTCAGCTCTCAAATCC
CTTCTCAGGAGATGAAACAGTTCTGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTGAT
TCAATTGATAAACCGTCATCTACTCATCTTAACATTACCAAATGGGTCGTGTTGCT
TTACTTGCGGGTGGTGATGTTAGCTCTGCTTATCTTCTCTGCCATTGGAGATTAGCC
ATGGTTCCCTGTTTCTCTGATACTCTCCACACAGCTGACCCTTCATTGCGGGATG
GTTTCTGAGTGCTTATTCTTGGGGGTTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGGAAAG
TCTAAAGCTGTGGTGAGCTGCAGCTGCGAAATCTGGATTGTCGGAACCTCCGCTTGGAAATTATCA
TTAGGTCAGCTTCATCAGGTACACATTCCGGCATATAGCTTGTGTTGGTGACAATGGGAAG
TACTGCTGTTACTTATAGGATGGAGAGCATTGTTATTCACTGTCGCTCCTGCAGAGTCC
AAGAAGAAAGATGATACTGGAAGGGTAGTGCATTGAGCTATTGAGTTGCTTACTT
CATTGATAAGACGATGGGAAGGAGCATCCATGAATATTGGCTGGTTGGAGGTTGAGAT
TTAAGTATGCACAACAAAAATGTAATGTACTTGTACAAGTCACAAACCGCTAACAGA
TCATATAAATATGTGTGTTNGAAGAAGNTNCCAGGACCANNNGTAANNATCGATATANNNG
CCAGNNNNAGNNNNNAGGNAGGAAAGCAAATGAATGANANATGATTNNNTCTTNANNNN
NCCAANTANNNGAGGAAGNNNANNNNNNAANNAANAGNNNNAAANNNNNNNNNNNN
NGNNNNNCTNNGCNNTNNNNNTNGCNNGANAAANTNTNT

Clona 33 NPQ4 (At1g44575)

NNNNNNNNNNNNNGNCNNNCCNNNANNANGTTCNANATTACGCTGGATCCAAGCA
GTGGTATCAACGCAGAGTGGCATTACGGCCGGACAACACAAAACACATCACTGATCCTT
CTCTCATCCTCAGAAAGAACATGGCTCAAACCATGCTGTTACTTCAGGCACCGGCCGGCC
ATTTTTGAGGAACAAGAGCCCTTGGCTCANCCAAAGTTCACCATCTCTCCTCTCTGG
AAACTCTCCGGTTGCACTACCATCTAGGAGACAATTCGTTCTCGGTCTTCAAG
CCCAAAACCAAAGCTGCTCCTAAAAAGGTTGAGAAGCCGAANAGGAAGGNTGAGGATGGCA
TCTTGGAACGTCTGGTGGATTGGTTGCACAAAAGGCG

Clona 39 Proteína no caracterizada (AT5G67370) DUF1230

NNNNNGNNNNNNNNNGCGTATGNCGANGATTCCGACAAGATCAAACCATCGGTGTACG
CATAGTGGCATTACGGCCGGGAATCCGATCGAGCAATGCTCACGTTAACGTTAATTAC
CCTCTGATTCCC_AGATATCCC_CCGGGTTGTAGT_ACAGTAGTAGTAAGCTCGGGAGTT
ACTAGGATTCTCNNGATCATGNNGANTGGCNNAGTCGGGAATGGTGTGGTAAGAGGCG
GG

Clona 41 CHLM (At4g25080)

NNNNNNNNNNNNNNNTACCNNNNNNGATGTTCCAGATTACGCTGGNTCAAAGCAGTGG
TATCAACGCAAGAGTGGCATTACGGCCGGGAGAGTAAGGCTCACTTGTAGCTTC
TCCTCTACTTCGATAATGCCGTTGCTCCTTGTGTCATCGTCTCATCAGTCTTC
AATTCTTCCCAGATTCCCCAACCGCACTAGATTCAATGTAACTCCACGGAGCAGAGCCGC
CACCGTCGTCTCGGCATCCGGCACCGACCTANCGNGTCGACNGNACAACAATCGTCGTA
CTCGNTGGAGGATCCGTANCNGGACTCGCGGGATGGTTACGTAGCTTCCGGAGAGGN

Clona 42 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

Clona 43 LPAT2 (At3g57650)

NNNNNNNNNGGNNNTACCCATACGGATGTTCCAGATTACGCTGGAATCCAAGCAGT
GGTATCAAACGCANAGTGGCCATTACGGCCGGGGTTCGTCAGCTGTT_NNAATATGC
GTTCATTTGTCCCAGCAATTATGATATGACAGTGACTATTCCAAAAACCTCTCCACCACC
CACGATGCTAAGACTATTCAAAGGACAACCTCAGTGGTGCATGTTCACATCAAGTGTAC
TCGATGAAAGACTTACCTGAATCAGATGACGCAATTGCACAGTGGTGCAGANATCAGTTG
AGGCTAANGATGCTCTGTTAGAAAAACAGTAAC TG

Clona 44 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

GNNNNNNNNNNNNNTACNCATACGATGTTNAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATC
AACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGAAGATAAACTGAGAATGTTAGTTCTCGACTCC
CACCGGACCTGTCTCCGCCGTCAAGATTCAACCAAAATCCAAACCTCTCCTTCTCTTCT
CCCGATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCCGCGTGTCTCG
CTCTCTCTAACCCCGACGGAAGCGTCAACTCAAAACCTCAACCTCAGCTTCTCAAATCCC
TTCTTCAGGAGATGAAACAGTTCGTGGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTGATT
CAATTGATAAACCGTCATCTACTTCATCTTATAACATTACCAAATGGGGCGTGTGGTTT
TACTTGAGGGTGGNGATGTTTANTTCTGCTTATCATCTCTGACATTA

Clona 47 Proteína no caracterizada (At5g67370)

Clona 48 NPQ4 (At1g44575)

NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNCCNNTNACGATGTNNNGATTACGCTGGATCCAAGCAGT
GGTATCAACGCAGAGTGCCATTACGGCCGGACAACACAAAACATCACTGATCCTTCT
CTCATCCTCAGAAAGAATGGCTCAAACCAGCTGCTTACTTCAGGCGTCACCGCCGGCCAT
TTTTGAGGAACAAGAGCCCTTGGCTCAGCCAAAGTTCACCATCTCTCCTCTGGAA
ACTCTCCGGTTGCACTACCATCTAGGAGACAATCATTGTTCCCTCGCTCTTCAAACC
CAAAACCAAAGCTCCTAAAAAGGTTGAGAAGCCGAAGAGCAAGGTTGAGGATGGCATC
TTTGGAACGTCTGGTGGATTGGTTCACAAAGGCGAATGAGCTATTGTTGGTGTGTTG
CTATGATCGGTTCGCTGCATCGTTGGTGAGGCGTTGACGGGAAAAGGGATATTAGC
TCAGCTGAATCTGGAGACAGGGATACCGATTTACGAAGCAGAGCCATTGTTCTCTTC
ATCTTGGTCACTCTGTTGGAGCCATTGGAGCTCTGGAGACAGAGGAAAATTGTCGACG
ATCCTCCCACCGGGCTCGAGAAAGCCGTATTCCCTCCGGAAAAACGTCGATCTGCCCT
CGGTCTCAAAGAACAAAGGTCCATTGTTGGGTTACGAAGGCGAACGAGTTATTGTTAGG
AAGANTGGCACAGTTGGAAATAGCATTTCACTGATAGGAGAGATTATTACCGGAAANG
GAGCATTAGCTCNAACTCAACATTGAGANCCGGTATAACCAATTCAAGATATCGAACCCAC
TTGNTCCTCCTAAACGTTGTTCTTCTTCTCGCTGCCATTAAATTGTTGATGTTGG
AAAATTCACTACCCGATGATNGGTGAAGAAAAGCTANNNTATCATGATCTTANNTNTNNN
NNAGAGAGTGGTGNNACTTCTCNCCATGTNNGANACNAANACGGANNTGGACCANCNT
NANNTNNNGNNAACTTATATCCTNTTGTNNANNTGNNNANTNNNNNGAANCCNNN
NANNNNNNNNNNNANANNNNNANNANAANN

Clona 49 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

GNNNNNNNNNNNNNNNTCCATACGATGTTNAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCA
ACGCAGAGTGGCCATTACGGCGGGGAAGATAACAATGAGAATGTTAGTTCTTCGCACTCCC
ACCGGACCTGTCTCCGCCGTCAAGATTACATCACCAAACTCAAACCTTCTCCTTCTCTC
CCGATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCGCGTCGTCTCGC
TCTCTCTAACCCGACGGAAGCGTCAACTCAAAACCTCAACCTCAGCTCTCAAATCCCT
TCTTCAGGAGATGAAACAGTTCTGGGTCAAGATAATGTCCTCTCGAGGGCGTGATTC
AATTGATAAAACCGTCATCTACTTCATCTTCTAACATTACCAAATGGGGCGTGAGGCTT
TACTTGGGGTGGGATGTTTAGCTCTGCTTATCTCTGCCATTGGAAGATTAGCCA
TGTNTTCCCTGTTTTCTCTGATACTCTCCCACACAGCTGACCCTTCATTGCGGGGA
AAGCNACT

Clona 51 CHLM (At4g25080)

NNNNNNNNNNNNNCNTACCNACGATGTCNNATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCA
ACGCAGAGTGGCCATTACGGCGGGAGAGTAAGGCTCACTTTGTTAGCTTCTCCTCT
ACTTCGATAATGCCGTTGCTCCTCCTGTTGTCATCGTCTCCTCAGTCTCTCAATTTC
TTCCCGAGATTCCCCAACCGCACTAGATTCAATGTAACCTCACGGAGCAGAGCCGCCACCGT
CGTCGCGGCATCCGTACCGACCTAGCCGGGTCGACAGTACAACAATGCCGTACTCGGT
GGAGGATCCGTAGCAGCACTCGCGCGATGGTTCTTAACGGATCCGGAGAGGAGGCGGA
AATTGCAAGCGGGAGGAAGTTGGCGGAGGCGATAAGGAGGTTGTGAGGGAGTATTCAATAG
CACGGGGTTCGAGAGGTGGAGGAAGATCTACGGTGAGACTGATGAAGTGAATCGAGTACAG
AAGGATATTGCACTCGGTATGCTAACGACGGTGGAGAACACAGATGCTTATGCTGACTGAAG
ATAGATCCTGGCCGGTGTACGGTTGCGACGCCGGTTGTGGAACCGGTTGCTCTCGAT
TCCACTTGCTAACGAGGAGCAATCGTCTGCTTCCGATATTCTGCTGCTATGGTTGCT
GAAGCTGAGATGAAGGCAAAGGCACAACCTACCATCAGAGAATTACCAAATTGAGGTGA
ATGATTGGAGAGCCTAACTGGGAAGTATGATACCGTTGTATGTCTCGACGTGTTGATACA
TTACCCGAGAACAAAGCAGACGGAATGATCGCACATCTGCTTCTTAGCAGAGAAGAGA
GTGATTCTGAGTTGCTCAAAGACTTTTACTATGATATCTTAAAGAGAAATTGGAGA
GCTTTCCCAGGGNCCATCAAAAGCTACAAGGGCGTATCTACACTCNGNNNCGGNTGTNN
AAAGAGCGTTGGGTAAAGTCGGCTNNNAATCAGCANAGAGGANTCACTACCACACAGNN
NTANTNCTCTAGNNNCATCNAANNCTNNNCNAANGNANANNNTNNAAAACNTNNNGN
CANNNTTNNAACNNNTNCNNNNNTNNNNNANNNTNNNGNNNNNTCENNCTTAG

Secuencias obtenidas en 60 mM de 3-AT

Clona 1 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNNCNTACNNATACGATGTTNAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCA
ACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGGACAAGATAACATGAGAATGTTAGTTCTCGCACT
CCCACCGGACCTGTCTCCGCCGTAGATTACATCACCAAATCCAACCTCTCCTTCTCTT
CTCCCCGATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCGCGTCGTCT
CGCTCTCTCTAACCCCGACGGAAGCGTCAACTCAAACCTCAACCTCAGCTTCTCAAATC
CCTTCTTCAGGAGATGAAACAGTTCTGGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTGA
TTCAATTGATAAACCGTCATCTACTTCATCTTCTAACATTACCAAATGGGGTGTGGC
TTTACTTGCAGGGTGGTGTAGTTTAGCTCTGCTTATCTTCTGCCATTGGGAGATTTAGC
CATGGTTCCCTGTTTCTCTTGATACTCTCACACAGCTGACCCCTTCATTGCGGGAT
GGTTCTGAGTGCTTATTCTGGGGGTATCGGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGGAAA
GTCTAAAGCTGTGGTTGCAGCTGCGAAATCTGGATTGTCGGAACCTCGCTTGGAAATTATC
ATTAGGTCAGCTTCATCAGGTACATTCCGGCATATAGCTTGTGGTGTGACAAATGGGAA
GTACTGCTGTTTACTTATAGGATGGAGAGCATTGTTATTCACTGCTTGTGCTTACAGAGTC
CAAGAAGAAAGATGATACTGATCGGAAGGGTAGTGCATTGAGCTATTGAGTTGCTTACT
TCATTGATAAGACGATGGTAAGGAGCATCCATGAATATTGGTCGGTTGGNNNTGAGAT
TTAAGTATGCACAACAAAAATGTAATGTTACTTGTACNAAGTCACNACCGNTAACAGA
TCATATAANATGTGTGGAGAANTNCANGNNCAGNGTNNTGANNATANNNCAGN
NNNANNNNNGANGNAAGNNANGATGNANANNATGANTTGTCTNNAGTCAAANCAANNNNN
NNNNNNNNNNNNNNNNNNNAANAANNNNNACCNNNNNNCNG

Clona 3 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNNCNTNNNTACGNTGTTCCAGATTACGCTGGNTCCAAGCAGTGGTATCA
ACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGGACAAGATAACATGAGAATGTTAGTTCTCGCACT
CCCACCGGACCTGTCTCCGCCGTAGATTACATCACCAAATCCAACCTCTCCTTCTCTT
CTCCCCGATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCGCGTCGTCT
CGCTCTCTCTAACCCCGACGGAAGCGTCAACTCAAACCTCAACCTCAGCTTCTCAAATC
CCTTCTTCAGGAGATGAAACAGTTCTGGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTGA
TTCAATTGATAAACCGTCATCTACTTCATCTTCTAACATTACCAAATGGGGTGTGGC
TTTACTTGCAGGGTGGTGTAGTTTAGCTCTGCTTATCTTCTGCCATTGGGAGATTTAGC
CATGGTTCCCTGTTTCTCTTGATACTCTCACACAGCTGACCCCTTCATTGCGGGAT
GGTTCTGAGTGCTTATTCTGGGGGTATCGGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGGAAA
GTCTAAAGCTGTGGTTGCAGCTGCGAAATCTGGATTGTCGGAACCTCGCTTGGAAATTATC
ATTAGGTCAGCTTCATCAGGTACATTCCGGCATATAGCTTGTGGTGTGACAAATGGGAA
GTACTGCTGTTTACTTATAGGATGGAGAGCATTGTTATTCACTGCTTGTGCTTACAGAGTC
CAAGAAGAAAGATGATACTGATCGGAAGGGTAGTGCATTGAGCTATTGAGTTGCTTAC
CTTCATTGATAAGACGATGGTAAGGAGCATCCATGAATATTGGTCGGTTGGAGGTTGAG
ATTAAAGTATGCACAACAAAAATGTAATGGTACTTGTACNAAGNNCACANNNGCTAN
CAGATCCATATAATATGTGTGTTGAAGAANGTNCCAGGGACCCAAGNNNTAATAATCGA
NNNATANNTNNCAGNGNNNNNNNNNNNGANGNAAGCAANGATGANANNTNNATTNGT
CNTNCANGNTCAAANCANNANNANGNANNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNNNNNNANN

Clona 4 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

Clona 5 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNNNNNCNTNCNTACGATGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTAT
CAACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGAAGATAACATGAGAATGTTAGTTCTCGCACTC
CCACCGGACCTGTCTCCGCCGTAGATTACCAAACTCCAAACCTCTCCTTCTCTTC
TCCCAGATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCGGCGCTCGTCCTC
GCTCTCTCTAACCCCCGACGGAAGCGTCAACTCAAACCCCTAACCTCAGCTCTCAAATCC
CTTCTCAGGAGATGAAACAGTTCTGTTGGTCAAGATAATGTTCCCTCGAGGGCGTGAT
TCAATTGATAAACCGTCATCTACTTCATCTTCTAACATTACCAAAATGGGGTGTGTTGGCT
TTACTTGCAGGGTGGTGTAGTTTAGCTCTGCTTATCTTCTCTGCCATTGGGAGATTAGCC
ATGGTTCCCTGTTTCTCTTGATACTCTCCACACAGCTGACCCTTCATTGCGGGATG
GTTTCTGAGTGTCTATTCTGGGGGTTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGGAAAG
TCTAAAGCTGTGGTTGCAGCTCGAAATCTTGGATTGTCGGAACCTCGCTTGGAAATTATCA
TTAGGTCACTTCATCAGGTACATTCCGGCATATAGCTTGTGTTGGTACAATGGGAAG
TACTGCTGTTTACTTATAGGATGGAGAGCATTGTTATTCACTGTGCTCCTGCAGAGTCC
AAGAAGAAAGATGATACGTATCGGAAGGGTAGTGCATTGAGCTATTGAGTTGCTTACTT
CATTGATAAGACGATGGTGAAGGAGCATCCATGAATATTGGTGGTNGGNNGGTTGAGA
TTTAAGTATGCACAACAAAAATGTAATGTTACTTGTACAAGTCACAACCGCTAACAGA
TCATATAAATATGTTGAGAAGTNCCAGGGACNANGTGTAAATATCGATATAGTTGCA
GNNNNAGNGNNNNNGNNGAANCANGANTGAGAGATGNNNTTGTCTCANGNNNNNCANTAA
NNGNNNNNNNNNTNNNNNANNNNNNNNGNNNNNNNNNGNNCNGNNNNNCCTNNNN
NNNN

Clona 6.2 Proteína de 43 kDa partícula de reconocimiento de señal (At2g47450)

GNNNNNNNNNNNNNNNNCNTACGNTGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTAT
CAACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGCTCCAAATCTTCTTCTTCTTCTGCTT
TCTCCCTGAATCCTTACCGATCAGACGGATCGAGCTGTGTTCCGAGGGAGCTATATGTGC
CGCCGTACAAAGAAAACTACGAAGAAAACGACCTCCTCCGTGGAAGAGGCAGAGGAAGATGAT
GAGTCATCATCATCGTACGGAGAAGTGAACAAGATCATTGGAAGCCAACGGCGGGGAAG
GAGCCATGGAGTACCTTATCGAGTGGAGGGACGCCATTCTCGTCGTGGTTCCATCGAG
CTACATCGCAGCAGACGTAGTGTGGAGTACGAGACACCCTGGTGGACGGCAGCTAGAAAA
GCCGACGAGCAGGCCCTGTCACAGCTCCTGGAGGACCGAGACGTCGATGCCGTGGACGAAA
ACGGCCGGACGGCTCTGCTTTCGTGGCAGGTCTGGGTGGACAAGTGCATAAGGCTTCT
GGCGGAGGCTGGAGGCCGATCTGACCAACCGAGACATGAGGGGAGGCTTGACGGCGCTGCAC
ATGGCGGCTGGTTACGTGAGGCCGGAGGTGGTGGAGGCGCTGGTGGAGCTGGAGCTGATA
TTGAAGTGGAAAGACGAGAGAGGGTTAACGGCGTTGGAACTAGCGAGGGAGATTCTGAAGAC
GACGCCGAAGGGAAATCGATGCAGTTGGGAGGAGAATTGGGTTAGAGAAAGTGTACAA
TGTCCCTGGAAGGACAAGTGTGAGTACGCCGAGGTGGATGAGATCGTAGAGAAACGAGGG
AAAGGCAAAGACGTTGAATATCTGGNTCAGATGGGAAGGACGGNTGGAGATTGCGAGTGGG
NGAAAGGGTGTACAACGTGGCGGAAGGATGTGGCTAAGGGNACTACCGANGNTGGCTTG
GNAGTAACGGCTGTNAGCNGNNNNAGTGGTGAATCCGGGNAANNAGNNNGGGGAGGNAC
GAATGGGGAAANNCCATTNCNAAGNNATTNCNTNGNTCAAANGGNANCTGAATANTTG
TTCTGGANTGNCCANNTTNNGGNNNCCNTNCNGGNACAANTGNNNNNANNNNNTANNT
TNNNTNGNNTNCNTAACNNTCNTANNCNAANNC

Clona 7 HOL1 (At2g43910)

NNNNNNNNNNNNNNNNNTNCNNNTACGNTGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGATCAACGCAGAGTGGCATTACGCCGGGCCACAACCTCAAGACCCCCAAAAAATATCAAA
GTGTCATTAATAGAAAGACGAGAAAGAAAGACCAACCCTGAAACATGGCTGAAGAACACA
AAACTCAGATCAGAGCAATGGTGAAACGTTATTCCAACCTCTGAAGAAGTGTCTACGTTCTGCACAAAAGTGTGAAGAAGGTGGATGGAAAAATGTTGGGAAGAAGAGATAACACCAT
GGGACCAAGGGAGAGGCCACACCTCTCATTGTCATCTTGTGACACTTCCTCACTCCCACT
TGGCCGTGCTGGTCCCCGGCTGTGGTGAGGACACGACGTCGTTGCGATGGCAAGTCT
GAACGCTTCGTTGGATTGGATATTCCGAAAGCGACTCGCGAAAGCTAATGAGACTT
ACGGCTCCTCACCAAAGGCAGAGTACTTTCGTTGTAAGGAAGATGTTTACGTGGCG
TCCTACTGAATTATTCGACCTCATCTCGATTATGTTCTCTGTGCCATTGAACCGGAG
ATGAGACCTGCATGGCTAAATCTATGTACTCTAAACCTGACGGCGAACTCATAA
CTCTCATGTATCCGACTACCGACACGTTGGGACCTCCCTACAAAGTAGATGTCTCTAC
CTTCGAAGAGGTGTTGGTGCCTATAGGATTTAAGGCAGTGTCTGTCGAGGAGAATCCTCAC
GCCATTCCAACCTGTAAGGGCAAAGAGAAAGCTGGGAAGGTGGAAGAAGATCAATTGATC
CCNTNNNANNAGAGATCTTACTGTTGGTAAGAGTGTATATGTGTATCTACAAAGAGT
AAAATGATTATCTCCCTTATTGCTCTATGNATGTTCAAATGTTGATGATTAATTATG
AGNAAACAATAATGTTATTATCAAACNANTCTCTTNTACGTCNNNNNNNNNNNNNN
NNAAANNNNTTCGGNNNCTNGCCTNNNCNNNNNAATNNNATTATCNNNTTNATCN
NANNNCNNCGANCNNCGNANNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNTTNANGGNNC
CTTCCTCCNCNNNANN

Clona 8 RABD2A (At1g02130)

NNNNNNNNNNNNNCATANNNTACGNTGTTNAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTAT
CAACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGGAGAGAGAGATCTCTGGCTCTGTATCGCTCGCT
GCTCTTCCTCCCACAGATCGAAAACCATGAATCCTGAGTACGACTATCTTCAAGCTCCT
GCTTATCAGGGATTCTGGCGTAGGCAAGTCTTGTCTTCAAGCTCCT
TATGTTGAAAGTTACATTAGCACTATTGGAGTCGATTTAAAATTAGGACTGTGGAACAAG
ATGGCAAAACAATTAAGCTCAAATTGGGACACTGCTGGTCAAGAACGGTTAGGACTAT
TACTAGCAGTTACTACCGTGGGCACATGAAATTATTATTGTCTACGATGTCACAGATGAA
GAAAGCTTCATAATGTCAGCAATGGTGAGTGAATTGATCGTTATGCTAGTGACAATG
TCAACAAACTCCTTGTGAAACAAGTCTGATCTTACTGAAAACAGAGGCCATTCTTATGA
AACTGCCAAGGCTTTGCCGATGAAATCAGGGATTCTTATGGAGACTAGTGCAAAAGAT
GCTACAAACGTAGAACAGGCTTCATGGCAATGTCATCCATCAAAGAGAGAATGGCTA
GCCAACCAGCTGGGATAATGCAAGACCACCGACCGTGCAGATCAGAGGACAGCCTGTGGC
ACAGAAGAACGGCTGCTCAACTGATTGACGTGACCAGCCTAGCAATATCCTTCAA
TCTTAGAACACGTGTTCCCTTGTGACTAGGCTCCAATTCACTACTACTTGGTTTTT
ACACCAACATCCCCCCTAACATCCTGTCNTGTCTGTAATTAGGCTCCCTTGGGTTNGNT
TATTATTCTGTTTTTACGNTTNCCATTGCTTACCNATGATTGGGNCCCTCA
TCTTCCAAACATTGTTCTTGTGCTTACCNATGATTGGGNCCCTCA
NTTGNNNTAACANNNNNCNNACGACCTNCNATTNAANNCNCNAANNNNNNTNCNTNN
NNNAAAANNNNNNNNAANNNNCNNTGNNNGNNNNNNANGNNACNTNNNN

Clona 9 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

GNNNNNNNNNNCNTACCNACGATGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCAA
CGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGAAGATACAATGAGAATGTTAGTTCTTCGCACTCCCA
CCGGACCTGTCTCCGCCGTGAGATTGATCACCAAACCTCTCCTTCTCTCC
CGATTGATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCTCGTCTCGCT
CTCTCTAACCCGACGGAAGCGTCAACTCAAACCTCAACCTCAGCTCTCAAATCCCT
CTTCAGGAGATGAAACAGTTGTTGTGGTCAAGATAATGTTCTCTGAGGGCGTGATTCA
ATTGATAAACCGTCATCTACTCATCTTAACATTACCAAATGGGGCGTGTGGCTTTA
CTTGCGGGTGGTGAATGTTAGCTCTGCTTATCTCTCTGCCATTGGGAGATTAGCCATG
GTTTCCCTGTTCTTCTGATACTCTCACACAGCTGACCTTCATTGCGGGATGGTT
TCTGAGTGCTTATTCCTGGGGGTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGGAAAGTCT
AAAGCTGTGGTTGCAGCTGCGAAATCTGGATTGTCGGAACCTCGCTTGAATTATCATT
GGTCAGCTTCATCAGGTACATTCGGCATATAGCTTGTGGTGAACATGNGAAGTAC
TGCTGTTTACTTATAGGATGGAGAGCATTGTTATTCACTGTGCTTCTGCAGAGTCCAAG
AAGAAAGATGATACGTATCGGAAGGGTAGTGCATTGAGCTATTGAGTTGCTTACTTCA
TTGATAAGACGATGGTGAANGGAGCATCCATGAAATATTGGTCAACAAAGGTACAAACCGNTA
TTAAAGTATGCAACAAAAATGGTAAATGGTACTTGTCAACAAAGGTACAAACCGNTA
AACAGGATCATATAATNTGGTGNNTGANNNAAGNNNTNCCAGGNCCAANGNNNAANTATC
NATATANNTNGCAGNNNNCANCAGNNNNNGNANNNNNAATGNNTNNNNNNNNNAAT
TNNGTNNTCAAGNNNNNCNNTNNNNNNNGNANGTNNNCNTAAAANNNNNNNNNNN
NNNAGTANACNNNNNGNCCNNCNNTNNNGNNNNNTNTNNGNNNANN

Clona 11 PIP2;2 (At2g37170)

Clona 12.2 PIP2;2 (At2g37170)

NNNNNNNNNNNNCNNNANNNTACNNATGTTCCAGATTACGCTGGNNCCNAGCAGTTGG
TATCAACGCAGAGTGGCATTACGGCGGGATCCACAATACAAAACACAACCTTCATATA
TAACAAAAAAAGTTATAGAAATGCCAAGACGTGGAAGGACCTGAGGGATTTCAGACAAG
AGACTACGAAGATCCGCCACCAACTCCGTTTTCGATGCGGACGAGCTTACCAAGTGGTCT
TTATACAGAGCCGTCTTACGGTACAGATTCCGACTCTCCTCTCGTACATCACCGTT
TAACGTCTTACGGTACAGATTCCGACACAAAAGCCGGTGGAGTTGACTGCGGCGG
CGTCGGAATCCTGGCATCGCGTGGCTTGGTGGCATGATCTTCATCCTGTCTACTGC
ACCGCCGGTATCTCAGGTGGTCACATAAACCTGCGGTGACGTTGGTTGTTCTTAGCCC
GGAAGGTATCGCTGATTAGGGCGGTGCTTACATGGTGGCTCAGTGTGGCTATTG
TGGAGTTGGTTCTGTCAGCCTTCAAAGCTTACTATGATCGTTACGGTGGAGGAGC
CAAACCTCTAGCAGACGGCTACACACAGGGCAACCGGACTAGCCGAGAGATCATTGGAA
CATTGTTCTCGTACACAGTCTTCTCCGCTACTGATCCAAACGTAACGCTAGAGACT
CCCCACGTTCCGGTTTGGCGNCCACTTCCGATTTGGGTTTGCAGGNGTTATGNTAC
ANNN

Clona 14 Proteína de la superfamilia de protein cinasas

GNNNNNNNNNNNCNTNNCNTACGATGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCAA
CGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGGGAAACGACGACTGAGACTCTTCTCCTCTCC
TTCTCTTCACTTATTTCATCGTTCATTTCTTAGGTTCTGATTTCATCACAAACCTCTG
GATTTGATTTTGATTCTGAGGTATATAAAAAAATGTTAGTGGGTTGCGATTCGATGA
ACTAGGGTTGTAATTCACTATCTTCTCTCGATCGTTACTCATCGGTGAGA
AGGAAGCGTCTTCATGTGTTCTCGTGAATCGACTGTTTATTGGGCTTAGTAGCTCT
AGTTGGTCAAAGAATTCTGAACAAGTGAATCTTAGATTGGAAGATGCTAGAAGGAGCAA
AGTTAACGTGCTGTTGGAAATCATCGAACAAACGACAACAATTACTATGCTTTAC
GCAAGAGTTTATCAAAAACCTTAATGAAGGTTCAAACATGCCATGGAGAGTATGCAGACG
AGTAACGCTGGAGGATCTGTCATGTCATGTCATGGATAACAGTAGCGTTGGTCCAGCGATG
CTCTTATTGGCCACCCGGGTTGAAGCCTGTACGCCATTACTCACTCTCGGTTGGTCAAAG
CGTGTTCGCCCGGAAGAGTTACCCATCGTTGAATGATGATACTTGGCTCAAGCACTG
ATGGATACCAGGTATCCAACACTGAAGGGCTGACGAACATGATGAGTGGACGATTGATCTGA
GGAAACTCAACATGGGTCTGCCTTGCTCAAGGGCTTTGGTAAATTATAACAAAGGGGA
CATACAACGGGTGAAGATGTAGCTATCAAATACTTGAGCGGCCAGAGAACAGCCCAGAAA
AGGCACAGTTCATGGNANCAACAGTTCAAGAGGNGTCTATGCTGCTAATTGAGC
ACCCCAAACATTGTGAGNNNATTGNNGCATGNNNNNNNNAATNNNGTNNGNATANNGAC
TNANTACNNNAANGNNNNCANNNNNAGTTTNNACTANNNNACNNNACNNNNNNNN
NNCNNTNNANNNACNNNNNNNGNNNNNTNNCTAGGNNNTGNNNNNNNN

Clona 17 Proteína ribosomal de la familia L1p/L10e

NNNNNNNNNNNNNTCNNATACGATGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCAA
CGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGGAGACTCGCACTCTTCTTCTTGTACCCAG
AAAGAAAGAGAGCTCCAACAATGGCTGCTGCGCTACTCACTCCTCTCATGCTAGCATA
CGCCGCCGCATCCACTCGTCCCAGGACCTTACCCCTACTCCATCTCTTCTCTTGC
AGCTCCAGACCCAACCACCTTGAGCTCCCGCTTCTCTCCTGGGGTCCAGGGACCGGA
GATGTGCTGCTATTGACAGAGCTCCAACCACAAGTTATTGTCTCCGCGTGGCGCTGA
GGCTGACCTCGACACGGAGGAGGACCTGGAGCAGACCGCCACCGCCGTCCTGATCCGCC
AAGCCTAAGAAAGGAAAGCCGTTGGTCTCAAGAGAGATAGAACAGGTCTAAGAGGT
TTTGGAAATCCAAAGCTAAGGAAACCAAAAGGAGTATGATGTCACACTGCTATCTC
TTGCTTAAACAAACTGCCAACACAAGGTTGTTGAGTCTGTTGAAGGCCATTCCGTCTC
AACATCGATCCTAAGTACAATGACCAGCAGCTGCGCAACGGTGAGCCTGCTAAGGAA
CTGGCCAGACTGTTAGTCGCTGTTGCACAAGGTGAGAAGGTTGATGAAGCCAAAAG
TGCAGGGGCAGATATTGTGGCAGTGATGATTAAATCGAACAGATTAAGGAGGCTTCATG
GAGTTGACAAGCTGATTGCATCCCCGGATATGATGGTCAAGGGTTGCTGGNNCTGGGAAA
GATTCTGGACCACGGGGGCTATGCCAAATCCNANGCTGGNACAGTCACAGCGAAAC
ATTCCCCAGNNATTGAAGAGTTCAAGAAAGGGGAAAGTTGAANTCAGAGCAGANAAA
NNNNNNNNNCACATTCCATTGGAAANNNTTNNCNGAGGNANCTNNCATNAACNTT
NNNNNGCAGCAGNNNANNCCNNNNNGACNNNNNNNNNNCTNAAGNNNGNNNTNNNN
NNNNNNNNNNNTNNCNCCNNNAANNG

Clona 17 Proteína que contiene un dominio integral de membrana Yip1

TNNNNNNNNNNNNNNNNNACCNNTNACNATGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGT
GGNNTCAAACGCAGAGTGGCATTACGCCGGGGAAATCAAAGCTTGACCTAAATCCGT
TTCCCGGGAAAAATAAATCAACAAACCACCGGAATCTCAATATCTCTCCGGTGAAGA
AAAATGTCGACAACGATACGATTCCGTTTATCAATCATCTCAATCAGACATTGACGAG
ATTGAGAATATGATGAACGACAGTTCAATCAGGTCCCAGAACCGTGCCTGCTCGAC
CACCGAGTCCGATCCGTCGATTCCGTTCATCCTCACCGTTCAATCCAATCT
CCCACCGCTCCACCCTCGTCTCCTCCACTCAGAAGGTGATGCCTGTTCCAGCTCCT
CCACCACTCCGTCAGCAGGTAACGAAGGNAACAAGAGTATTGGAGGTAGCGGATTGGAT
CTCCGCCAATACATTGACGGAGCCTGTTGGGATACTGTGAAGCGTGTGTCACGGAT
CGTGAGTAATTGAAGCTTGTGGTGTCTTAAGAAGNCTGAAGTATTGCCNGGCATTGCACTACTTG
AGCTGGGGCAGTGATCCTCACACTAAATGTGCTGCTTCTNGGGACATATAATCTTTT
TCCAAAGGCTAAGNCCTTAGGCTACTGTCTATTGCCGNTANGNACGNTGNAGNAGT
GATCTGCATGTTGAAAAGACAATGTGATACTTGAAAGATGGTCCGTTGTGNCATGNGACTT
CTTGNCTNGGAGCTTCTTGGGGCTGTTATCCTTCCATGGAGCGCCGNCANTGAAAC
CCCGAGAAAGAAAAGNNCTTCGCAACTCTANCCGGACCAT

Clona 19 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

GNGNNNNNNNNNNNNNCNCNTACGATGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTAT
CAACGCAGAGTGGCATTACGCCGGGGAAAGATAACATGAGAATGTTAGTTCTCGCACTC
CCACCGGACCTGTCTCCGCCGTAGATTCATCACCAAATCCAAACCTCTCCTTCTCTC
TCCCGATTGATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCTCGCTCGCCTC
GCTCTCTCTAACCCCGACGGAAGCGTCAACTCAAACCCCTCACCTCAGCTCTCAAATCC
CTTCTCAGGAGATGAAACAGTTCTGTTGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTGAT
TCAATTGATAAACCGTCATCTACTTCATCTTAACATTACCAAATGGGTGCGTGGCT
TTACTTGCGGGTGGTGTGTTAGCTCTGCTTATCTCTGCCATTGGAGATTAGCC
ATGGTTCCCTGTTCTCTGATACTCTCCACACAGCTGACCCTTCATTGCGGGATG
GTTCTGAGTGCTTATTCTTGGGGGTTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGGAAAG
TCTAAAGCTGTGGTTGCAGCTGCGAAATCTGGATTGTCGGAACCTCCGCTTGGATTATCA
TTAGGTCAGCTCATCAGGTACATTCCGGCATATAGCTTGTGGTACAATGGGAAG
TACTGCTGTTACTTATAGGATGGAGAGCATTGTTATTGAGCTGCTCCTGAGAGTCC
AAGAAGAAAGANNNTACGTATCGGAAGGGTAGTGCATTGAGCTATTGAGTTGCTTACT
TCATTGATAAGACGATGGTAAGGAGCATCCATGAATATTGGTGGTNGNAGGTTGAGA
TTTAAGTATGCACAACAAAAATGTAATGACTTTGTCACAAGTCACAACCCGCTAACCA
GATCAATNTAAATATGTGNNNGAGAAGTCCANGNNCAAGTGTANNNTCGATANTAGT
TGCAGNNNNNAGNNNNNNNAAGNNNAGTGGANAANATGNNTNGNNNNNAGTNN
ANNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNAANNNNNNNNAANCNNNNNNNNNTN
NNN

Clona 30 DRT100 (At3g12610)

NNNNNNNNNNNGNNNTNNCCNNNCGATGTNNAGTATTACGTCTGGATCCAAGCAGTGGTA
TCAACGCAGAGTGGCATTACGGCCGGACTCTATATCAAACATTCTTTAAAAATGAGA
AAGTTGTTGGCATGCCGTTAGTCATTACTCGCCGTCGTTTCATTCGTCATCTCCG
TCGTCAGATGCTCTCCTAAAGATCAGACGGCTCTCAATGCTTCAGTCGTCAGTGAG
CGAACCAAACCTCGGTATCTCAACACTTGGTCTGAAAACACTGATTGTTGCAAGGAATGG
TACGGTATCAGCTGCGATCCTGATTGGGTGGGTCACTGATATTCTCTCCGGGGAGAAT
CTGAAGACGCCATTTCAAAAGGCAGGCCGGTCCGGTTATATGTCGGTTCGATTGATCC
AGCAGTTGTGACTTAACCGCACTCACTTCCCTCGTTCTGCCGACTGGAAAGGAATCAC
GGAGAGATTCCCTCGTGATTACTCCCTAGCTTCGCTCCGTATCCTGATCTGCCGGCA
ACAAGATCACCGGGGAGATTCCCGGAAATCGGCAAACACTCTCGAAACTCGTGTAAA
CCTCGCCNAGAATCAAATGTCCGGCGAGATTCCGGCGTCACTGACGTCACTCATCGAGTTG
AAAGCATCTTGAATTGACGGAAATGGAATCACCGCGTGATCTCGGCCGATTCGGATCG
TTGAAGATGTTGAGCANAGTTTACTGGGCCGAAACGAACTAAACCGGGTCANTCCN
GAANTCGATCTCGGGTATGGAANGGNTAGCGGNATN

Clona 31 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNGNNNTANCCATACGATGTTCCNGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTAT
CAACGCAGAGTGGCATTACGGCCGGGAAGATAACATGAGAATGTTAGTTCTCGCACTC
CCACCGGACCTGTCTCCGCCGTCAGATTCATCACCAAATCCAAACCTCTCCTTCTCTC
TCCCAGATTCTGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCGCGTCGTCTC
GCTCTCTCTAACCCGACGGAAGCGTCAACTCAAACCTCAACCTCAGCTCTCAAATCC
CTTCTTCAGGAGATGAAACAGTTCTGGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTGAT
TCAATTGATAAACCGTCATCTACTCATCTTCTAACATTACCAAATGGGTCGTGTGGCT
TTACTTGGGGTGGTGATGTTTAGCTCTGCTTATCTTCTCTGCCATTGGAGATTAGCC
ATGGTTCCCTGTTTCTCTTGATACTCTCACAGCTGACCCTTCATTGCGGGATG
GTTCTGAGTGCCTATTCTGGGGGTTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGGAAAG
TCTAAAGCTGTGGTGAGCTGCGAAATCTGGATTGTCGGAACCTCCGCTTGGAAATTATCA
TTAGGTCACTTCATCAGGTACATTCCGGCATATAGCTTGTGGTACAATGGGAAG
TACTGCTGTTTACTTATAGGATGGAGAGCATTGTTATTCACTGCTCCTGCAGAGT
CCAAGAANAAAGATGGATACGTATCGGAAGGGTAGTGGCATTGAGCTATTGAGTTGC
TTTACTTCATTGATAAGACGATGGAGGAAGGGANTNTNCATGGANTAATTNGTCGG
TTGGAAGGTTGANATTTAAGTATGCCACAAACAANANATGGNAAATNGTACCTTGTT
CACAANGTCCACCANNCCGCTTAAACAGAATCANTATTAANTTATGNGGNGGGTTGAGNAA
GTTCCCNANGGAANNAAGGTGTNANTATCNNNTATNAGTNNNNNNGNNCCNAGGNGA
NGGAAGGNAAAAGCCTATNNNNNTGNANNNNNTGATTTNNNNCCTCBBBBBNCNAAAC
NCAAATTAAANNNNANGGNANANGNANCGCTNNANANNNNNT

Clona 31 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNNNNNANNATACGATGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCAAC
GCAGAGTGGCCATTACGCCGGGAAGATAACAATGAGAATGTTAGTTCTTCGCACTCCCAC
CGGACCTGTCTCCGCCGTGAGATTCATCACCAAATCCAAACCTCTCCTTCTCTCCTCC
GATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCCGCGTCGTCTCGCTC
TCTCTAACCCGACGGAAGCGTCAACTCAAAACCTCAACCTCAGCTCTCAAATCCCTTC
TTCAGGAGATGAAACAGTTCTGGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTGATTCAA
TTCGATAAACCGTCATCTACTTCATCTTAACATTACCAAATGGGGCGTGTTGGCTTAC
TTGCGGGTGGTGTGATGTTAGCTCTGTTATCTCTGCCATTGGAGATTAGCCATGG
TTTCCCTGTTTCTCTTGTGATACTCTCCACACAGCTGACCCTTCATTGCGGGATGGTT
CTGAGTGCTTATTCTGGGGGTTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGGAAAGTCTA
AAGCTGTGGTTGCAGCTCGAAATCTTGGATTGTCGGAACCTCCGCTTGGATTATCATTAG
GTCAGCTTCATCAGGTACATTCCGGCATATAGCTTGTGTTGGTACAATGGGAAGTACT
GCTGTTTACTTATAGGATGGAGAGCATTGTTATTCACTGTGCTCCTGCAGAGTCCAAGA
ANAAAGATGATACGTATCGGAAGGGTAGTGCATTGAGCTATTGAGTTGCTTACTTCATT
GATAAGACGATGGTGAAGGAGCATCCATGAATATTGGNCGNTNGNAGGTTGAGATTAA
AGTATGCACAACAAAAATGTAATGTACTTTGTCACAAAGTCACAAACCGCTAACAGAT
CATATAAATATGTTGTGNTGAGAAAGTTCAGGNACNCAAGNNGTAATATCGATAATANN
NGCNANNGNNNNNGNNGNNGGANGGAAAGCNGATGAGANATGATTNTNTCAAGNNC
AAACNNTAANNNGNNNNNNNNNNNNNTANNNANANANNNNANNNNNNNNNNNNNN
NNCGNGNNNNNNNNNTNNNGGGCENN

Clona 35 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNNCNTANCATACGATGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCA
ACGCAGAGTGGCCATTACGCCGGGGACAAGATAACAATGAGAATGTTAGTTCTTCGCACT
CCCACCGGACCTGTCTCCGCCGTGAGATTCATCACCAAATCCAAACCTCTCCTTCTCTT
CTCCCGATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCCGCGTCGTCTC
CGCTCTCTAACCCGACGGAAGCGTCAACTCAAAACCTCAACCTCAGCTCTCAAATC
CCTTATTCAAGGAGATGAAACAGTTCTGGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTGA
TTCAATTGATAAACCGTCATCTACTTCATCTTCTAACATTACCAAATGGGGCGTGTTGGC
TTTACTTGCAGGGTGGTGTGATGTTAGCTCTGCTTATCTCTGCCATTGGAGATTAGC
CATGGTTTCCCTGTTCTCTTGATACTCTCCACACAGCTGACCCTTCATTGCGGGAT
GGTTCTGAGTGCTTATTCTGGGGGTTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGGAAA
GTCTAAAGCTGTGGTTGCAGCTCGAAATCTGGATTGTCGGAACCTCGCTTGGATTATC
ATTAGGTCACTCAGGTACATTCCGGCATATAGCTTGTGTTGGTACAATGGGAA
GTACTGCTGTTTACTTATAGGATGGAGAGCATTGTTATTCACTGCTTCCNTACAGAGT
CCNAAGAAGAAAGATGATACGTATCGGAAGGGTAGTGCATTGAGCTATTGAGTTGCTT
ACTTCATTGATAAAANACGATGGTGAATGNAGNNNTCGCGTGAATATTGNGTCGGGTTGGAG
GTTGAGAATTAAAGTATGNCACAACAAAATGTAATGTANCTTGGTCACAAGTCACNA
CCCGNCTNANNAGANTCATATAATNATGGTNGTGTGGANGAANGTTCGCAGGGANCCA
AGNGTAANNNTCGGATATAGTNNNNNNGGNNNGNCCNNNGNAAGGNAGGAAAGNNNTGAA
TGANAANAANGNNNTTGTGTCNNCAAGNNNANNAANNAANCAAGNANNAGNNTANAANNT
CNCANNNNNNNN

Clona 35.2 ARA-3 (At3g46060)

NNNNNNNNNNNNNNNTACCCATACGATGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTA
TCAACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGGGAACTGGCGATTCTCTCCGATTCAATGGCTGC
CCTTCGCTCTGATTCTCGATTACATCGGTTCTCTCTCCGATTCAATGGCTGC
TCCACCTGCTAGAGCCAGAGCTGATTACGATTATCTCATTAAGCTTCTTTGATTGGAGAT
AGCGGTGTTGGTAAAAGTTGTCTTCTACGTTCTGATGGATCTTCACCACTAGCT
TCATTACCACCATGGCATTGACTTAAGATAAGAACGATTGAGCTGACGGTAAACGTAT
CAAGCTTCAGATTGGGATACCGCTGGTCAAGAGCGGTTCCGACTATCACCACTGCTTAT
TACCGTGGGCAATGGCATTGCTGGTGTATGATGTCACAGACGAGTCATCCGTCAACA
GCATTAGGAACTGGATTCTGAATATCGAACAGCATGCTCGATAATGTTAACAGATCTT
GGTAGGAAACAAGGCTGACATGGATGAAAGCAAGAGGGCAGTACCTACAGCAAAGGGTCAG
GCTCTGCTGATGAGTACGGAATTAAGTTCTCGAAACAAGTGCCAAGACAAACCTAAACG
TGGAAAGAAGTTTCTCAATAGGGAGGGACATTAAGCAGAGGCTTCAGACACCGACTC
GAGGGCAGAGCCTGCAACGATCAAGATAAGCCAAACGGACCAAGCAGCTGGAGCAGGGCA
GGCCACACAGAAATCTGCATGCTGGAACTTAAAAAAAGTTAAAAGTGAAGNTTAAGT
CGAAAAAAAGTTTGGGGGTGAAAGTGAANANNTAAGNNNTATCNGTTGGGTGCTTATGT
AATTTTTTTGTTTATGCCAACAAATTCTGGANTCNNNCTTCTAAATTGTCCTTCCT
ATTGNACGAAANGTTNAANCANNNTGGTATTTTCTTNCTATTACTGNATTTTA
TGGANCNNNNCTGNAATTGNTNATNNNGNNCATCACTCNTCNCNANNANNNTNNNNCT
GGNNNNNTAACCNNA

Clona 31 Proteína que contiene un dominio tipo rodanasa (At2g42220)

NNNNNNNNNNNNNTNNCATACGATGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCAA
CGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGGACGAGTTTTCTAGAGACCTCTGCTGCAATGG
TGGGGATCATAAGCCCTAGCCCTACGGCTCTTATTCACCAGTAATGTCGGTGGAGGCG
ACTGAAAGCAGTGAACCTGGCGGGAAAGAGTGTCTCCGGAACGTTATCCGCCGGAGAACG
TTGAGAATTGCTCGGAGCTGAAATTGCTGAATGCAAGAAGCAAAACAGTTAATAGCTG
AAGAAGGTTACTCGGTGGATGTAAGAGACAAGACTCAATTGAGAGAGCTCATATAAA
ATCTTGCTCCCATTCTCTCTTCAACACGAAAGACAACGATATTGGCACGATCATA
AAGAGGACAGTGCACAACAATTCTCGGGCTCTTGGTTACCTTCACGAAAGTGA
ATCCGGAATTCTTAAATCTGTTAGAAACGAGTTCTCAAGACAGCAAACCTTACTTGT
TTGCCAAGAAGGTCTCAGATCTGCAGCTGGCTAGTAGATTGGAGGAAGCAGGTTACGAA
AACATTGCTTGTAAACATCAGGCTACAATCTGTAACACCAGGGACATTGAATCCGTCG
GTTCCACTGAGTTGCAGAATGCAGGCAAAGCAGGGCTTATCACAATTCAAGGCAAGATCTC
AGCAGTCTAGGGACAGTACTCGTCTGCTTATTGTTACAGTTCTCCGGACCAA
GCAGAGAAGCTTCCACAAGCTAACAGACAAGACAAAGAAAACAATTGAGGCAGACA
TGTGTTCACTTCTGCCCTGTTGAATGTTGATGCTTAAGANAAAATTCAAAATATT
AAAATTCCCAAGTAGTTACTAAAAAGATTATATATGGTATTGAGAAAAGNTGNA
TNACNNNNGAANNNNCNMCNNNNNANGAANNNNNANANNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNNNNTGANNNTGAAANNTTGCNNNAGNNTTATCNNNNNCCNNCGANCNCNCGNANNNN
NNNNNNNNNANNNNNTGNNNNNNNNNNNNNNNNNNCCNANNNTNCNNNNNNNTNNN
NNN

Clona 37 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNNNCATACCCATACGATGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATC
AACGCAGAGTGGCCATTACGCCGGGAAGATAACAATGAGAATGTTAGTTCTCGCACTCC
CACCGGACCTGTCTCCGCCGTGAGATTACACCAAATCCAAACCTCTCCTTCTCTTCT
CCCGATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCGCGTCGTCTCG
CTCTCTCTAACCCGACGGAAGCGTCAACTCAAAACCTCAACCTCAGCTCTCAAATCCC
TTCTTCAGGAGATGAAACAGTTTCGTGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTGATT
CAATTGATAAACCGTCATCTACTTCATCTTAACATTACCAAATGGGGTGTGGCTT
TACTTGGGGGTGGTGTGTTAGCTCTGCTTATCTCTGCCATTGGAGATTAGCCA
TGGTTCCCTGTTTCTCTTGTACTCTCCACACAGCTGACCCTTCATTGCGGGATGG
TTTCTGAGTGCTTATTCTGGGGGTTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGGAAAGT
CTAAAGCTGTGGTTGAGCTGCGAAATCTGGATTGTCGGAACCTCCGCTTGGAAATTATCAT
TAGGTCACTTCATCAGGTACATTCCGGCATATAGCTTGTGGTACAATGGGAAGT
ACTGCTGTTTACTTATAGGATGGAGAGCATTGTTATTCACTGTCAGCTTGTCTGCAGAGTCCA
AGAAGAAAAGATGATACGTATCGGAAGGGTAGTGCATTGAGCTATTGAGTTGCTTACTTC
ATTGATAAGACGATGGTGAAGGANNNTNNNNNGANNNNTNGGTGGTTGGAGGTTGA
GATTTAAAGTATGCACAACAAAATGTAATGTACTTTGTACAAGTCACAACCGCTAACAA
GATCATATAATATGTGTGNNNNNAGNTCNNNGGANNAAGTGTAAATNTCGATATAGTT
GCAGNNNNCCAGNGNNNNNGGNAAGCNATGNNTGANANNTGNNTTNGNTNNNNNGTCN
NNNNTAANNNGNNNNNANNNANNNTNNNAAAAAANNNAANNNNNNNNNNANNNCNNTN
NNNGNGNNNNNNNTCCNNNNNTNN

Clona 38 NPQ4 (At1g44575)

NNNNNNNNNNNTNNNNNCTNANGTNAGNTACGCTGGATGCAATGAATGGTAGCAACG
CAGAGTGGCCATTACGCCGGACAACGCAAACACATCACTGATCCTCTCATCCTCA
GAAAGAATGGCTCAAACCATGCTGCTTACTTCAGCGTCACCGCCGGCATTGGAGGA
ACAAGAGCCCTTGGCTCAGCCAAAGTTCACCATCTCTCTCTGGAAACTCTCCGGT
TGCACCTACCATAGGAGACAATCATTGCTCTCGCTCTTCAAACCCAAAACCAA
GCTGCTCCTAAAAGGTTGAGAAGCGAAGAGCAAGGTTGAGGATGGCATCTTGGAACGT
CTGGTGGGATTGGTTCACAAAGCGAATGAGCTATTGTTGGTGTGCTATGATCGG
TTTCGCTGCATCGTTGCTGGTGAGGCGTTGACGGAAAAGGGATATTAGCTCAGGCTGAA
TCTGGAGACAGGGATACCGATTACGAAGCNNANGCATTGCTCTCTCATCTGTT
ACTCTGTTGGGAGCCATTGGAGCTCGGAGACAGAGGAAATTGTCGACNATCCTCCA
CCGGGCTCNAGAAAAGCCGCTTCCCTCCGGAAAAGACGTCCGATCTGGCCTCGGTCTCAN
GAAACAAGGTCCNTGTTGGGTCACNANNCGAACGANNTATTNTANAGAGANTGGAC
ACANTGNANANTANCATTCACTGATATGANANATTAGTTACCGGAAANGAGCNTGTAN
CTCAAGNTCAACATTGAGANCGGGTATACCAATTNNNGATGAACTAANCAGACTTGTCTCN
NTAAAGCGATGCTTCNTCGTCTCAGTTAACCTGNGANNGAAANNNCNTNC
NNGNGATGATGGTGAGGAAAGCTNAAGTNANNGTNGTNCTTANATTNNACNTNGANAN
NNNNNGNNGACNTTANGNNTCCAGNNGATTGANNCCNNNGGNANNNNNGNANNNNCNN
NAANNNGATGNNNANGNCATGANNTNCCNNNNNNNNNNNTNGAAATTTCTNNNNNTCA
NNNNNGNAANNNNNNNGNNNNNGNANNNNCNNNNNCNNNNCATCAGNCNNNNCCNN
NNNNNNNNNNNANNNNNTGNNNCNNNANNNNNGNNNCNNNNNNNATCNNNNNNCAN
N

Clona 39 LHCA2 (At3g61470)

NNNNNNNNNNNNCNTNNNNNTACGATGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCA
ACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGAACACACGTCGAGAATAATGGCATCATCTTTCTTCTTAACACACT
CTGAGTCTGAAGGTCAACAACGTCGAGAATAATGGCATCATCTTTCTTCTTCTTCTGC
CATCGCTGCCATTCTTCTCCAAGTTTTGGGTGGAAGAAAAGTGAAGGCTGAAGAAGAAG
TTGACTGTTCCAGCTGTGTCAGGCCAGATGCGTCGGTGCGCGCGTCGAGCTGATCCAG
ATAGACCAATCTGGTCCCGGAAAGCACTCCTCCAGAGTGGTAGACGGTAGCCTCCCTGG
TGACTTCGGATTGATCCTCTTGGTCTTCATCGGACCCGGACAGTCTAAAATGGAACGTA
CAAGCCGAGATAGTCCACTGCCGATGGGCTATGCTAGGAGCCGGATATTCACTCCAG
AGTCCTAACGAAGATCGGAATCCTCAACACTCCGTATGGTACACGGCGGGAGAGCAAGA
GTATTCACGGACAAACCACACTCTTGTGTTGAGCTATTTGATGGATGGCAGAA
GGACGTAGATGGCGATATCATCAAGCCGGTAGCGTCAACACTGACCCAGTCTCCCAA
ACAACAAACTGACGGGACAGACGTTGGTTACCCAGGTGGTTATGGTTCGACCCGGTTGG
TTGGGATCCGGTAGCCGGCTAAGCTCAAGGAGTTGAGGACCAAGGAGATCAAGAACGGA
AGGTTGGCTATGTTGGCAGTGATGGGTGCTGGTCCAACACATCTACACTGGCACTGGTC
CTATTGATAACCTTTTGCACATCTGCTGATCCTGGTACGCCAACATCTCGCTGCT
TTTCACACCCCAAGTGAGACAACGAAAAAGGGTTNTGGGGANGNGAATGCGTTGTGT
GTGATCATGTTGTACAAATATCATTTGAANTNNAANNNNNNGTACTTATANNAANT
TGTGGNNCNAANGNCAAATTANNNNTCCCCGTAN

Clona 41 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNNNCNTACNCATACGATGTTNNAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTAT
CAACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGAAGATAACATGAGAATGTTAGTTCTCGCACTC
CCACCGGACCTGTCTCCGCCGTAGATTCATCACAAATCCAAACCTCTCCTTCTCTC
TCCC GATT CATGGCTCCTCCCTGCACAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCGCGTCGTCC
GCTCTCTCTAACCCCGACGGAAGCGTCAACTCAAAACCTCAACCTCAGCTCTCAAATCC
CTTCTCAGGAGATGAAACAGTTCTGTTGAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTGAT
TCAATTGATAAACCGTCATCTACTTCTAACATTACCAATGGGTCGTGTGGCT
TTACTTGCGGGTGGTGATGTTTAGCTCTGCTTATCTTCTCTGCCATTGGAGATTAGCC
ATGGTTCCCTGTTTCTCTGATACTCTCCACACAGCTGACCTTCATTGCGGGATG
GTTTCTGAGTGCCTATTCTGGGGGTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGGAAAG
TCTAAAGCTGTGGTGAGCTGCGAAAATCTGGATTGTCGGAACCTCGCTTGGAAATTATC
ATTAGGTCAGCTCATCAGGTACATTCCGGCATATAGCTTGTGTTGGTACAATGGGG
AAAGTACTGCTGTTACTTATAGGGATGGGAGAGCANTGTTATTCACTGNGCTCCTGC
AGAGTCCNAAGAAGAAAGATGATA CGGTAA TCGGNAAGGGTAGTGCATTCCNAGGCTATT
TGGAGTTGNCTACTTCTATTGATAANACGATGGTGAAGGGAGNNNTCNGATGGAANTA
TTTCGGTCGGGTGGGANATTAAAGTNATGGCACANACAAAAATGTAAAAT
NGTANCTTTGGTCACAAGTTCACCNACCCGGCTTAACCAGAACATNATTAAAATTAN
TGTGNGGGTTGAAGAAANGTTNGCGAGGAACGCNGATGTTANATNANTCCGNATNNT
AGTTTGACGNNNNNGNNCCATTGGNAAGNNNNNGAAATANGNCCANNTGNATTGNANNA
ANNAATGAAATTGNNNTCCTNNNAANGNNNNNNNNNTNAAAANCNTNNNNANGN
GGNAAGNNTNNNCNN
NANNANNGCNNNNNNNNNNNANGNTTNGNCANNNNN

Clona 38 NPQ4 (At1g44575)

NNNNNNNNNNNNNCNTACCCATACGNTGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCAAC
GCAGAGTGGCATTACGGCCGGGACAAACACAAAACATCACTGATCCTCTCATCCTCAGAAA
GAATGGCTCAAACCATGCTGCTTACTTCAGGCGTCACCGCCGCCATTGGAAACTCTCCGGTGACTACCCTA
CTTGGCTCAGCCAAAGTCACCATCTCTCTCTGGAAACTCTCCGGTGACTACCCTA
GGAGACAAATCATTGTTCTCTCGCTCTTCAAACCCAAAACCAAAGCTGCTCCTAAAAGGTTG
AGAAGCCGAAGAGCAAGGGTGAGGATGGCATCTTGAACGTCTGGGGATTGGTTCACAAAGG
CGAATGAGCTATTGTTGGTGTGCTATGATCGGTTCGCTGCATGTTGCTGGTGAGGCGT
TGACGGAAAAGGGATATTAGCTCAGCTGAATCTGGAGACAGGGATACCGATTACGAAGCAGAGC
CATTGCTTCTCTTCACTTGTCACTCTGGGGAGCCATTGGAGACAGAGGAA
AATTGTCGACGATCCTCCCACCGGGCTCGAGAAAGCCGTATTCCCTCCCGCAAAACGTCCGAT
CTGCCCTCGGTCTCAAAGAACAAAGGTCATTGTTGGGTCACGAAGGCGAACGAGTTATTGCTAG
GAAGATTGGCACAGTTGGGAATAGCATTTCACTGATAGGAGAGATTATTACCGGGAAAGGAGCAT
TAGCTCAACTCAACATTGAGACCGTATAACCAATTCAAGATATCGAACCACTTGTCTCTAAACG
TTGCTTCTTCTTCTCGCTGCCATTAATCTGNNAATGGAAAATTCACTACCGATGATGGTGAAG
AAAGCTAAATTATCATGTTAAATTAGTAGAGAGTGTGACCNNTCTCCATGNTNGAGA
NAAAAGAAANNNNAGTTAAAATTNNNNAAACNTNINATCCTTGNTTTAACNTNNNNNATT
CTGNATNNNNAAANANNNNNAANAAAANNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NNNNNNNNNNNNNTNNNNNNNGANNTCGANNNCANNG

Clona 38 TIP2;2 (At4g17340)

NNNNNNNNNNNCATNNNNNTACGATGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCA
ACGCAGAGTGGCATTACGGCCGGGACAAATAGAAATAACTGTAATCAACCAAAGTC
AAAAACAGAGTTATTGTCGGATCAAATGGTGAAGATTGAGATAGGAAGTGTGGGTGA
CTCCTTAGTGTAGCATCTTAAGGCTACTGTCTGAATTATCGCAACTCTCTCTT
GTGTTGCTGGCGTTGGCTCTGCTCTGCTTGGCAAGCTCACATCCGATGCAGCCTTGG
ACCCCGCTGGTCTGTCGCTGTCGCTGTGGCTCACGCCCTTGCCTTTCGTTGGTGTTC
CATAGCCGCCACATCTCCGGCGACACCTAACCCCGCCGTGACACTCGGTCTGCCGTC
GGTGGCAACATCACAGTAATAACCGTTCTTTACTGGATTGCTCAATGCCTGGCTCCA
TCGTCGCGTGTCTCCTCGTCTCGTTACCAATGGCGAGAGCGTACCGACTCATGGAGT
AGCGGCCGGTTAGGAGCTATTGAAGGAGTAGTGTGAGATTGTGGTACCTTGCTCTG
GTCTACACAGTCTACGCCACAGCGGCTGATCCAAAGAAAGGTTCACTCGGGACCATTGCTC
CAATTGCTATCGGTTCATCGTTGGTGCACATCCTCGCAGCGGGCCCTTAGCGGTGG
TTCCATGAACCCGGCCAGGTCTTGGACAGCTGTTGTCAGTGGTACCTCTCAGATA
TGGATCTACTGNNTGGGTCCACTAGTCGGGGTGCATTGCTGGACTCATACGGAGACG
TCTTCATCGGATCCTACGCTCCANCTCCCACCAAGAAAGCTACCCCTGATCAATCCTATA
GCGCTTAAATTGCTTGGNNTTGTGTTGTATGAAAATGTTGGNCCCTCGTTCT
TTCCCAAAAATGNANTGATTNGNAATGTNNNAANANNNTCAAANNNGNACTTTGTGTNN
NNATAANNANNANTGNNNNTATTTTCNGANNNAANANAAAAAANANNNTGTCNN
NNNNNGNNNTNCNNNANNNNNNNNNNNNNNNNNNNGNNTNNNGAATACCCGGTCCGNNNNCNTN
NCNNANANN

Clona 38 HAD (At3g48420)

NNNNNNNNNNNATACATNGACGAGTTCTCGCTGACGCTGGCTTATGTCGAAGGACTCTGG
GAGAGTGTAACGGCGCCGGGCCGACCGGTATTATTGGGTGGGTGATTAGGGATGGAG
AGAGAGAAAGAGGGAACATCGACTGTGGTATGGGTGAAAGGGATNTTCCTTGCTGGAAT
TTTCAAAATTCTCTTCAATTCAATCTAAGTTACCATCTTCATTCCAAT
GCGGCACCTGCAAAGGCGGTGAAGTTGCGATTCAATGAAAGTCCCTGAGAGCAAAACCAA
TGGTATACAGATCATCTCGCTCCGTTGGAGTCACCTGCTCTGCTCATCTTCTGACGAC
TCTCCCTCTGCTCTTCAATTGCGATGGCGTCTTGGTATACCGAGAAGGACGGT
CACAGGATCTCCTCAACGACACTTCAAAGAGAGAGATTGAATGTTACGTGGATGTTG
ATTTATACGGCGAGTTACTTAAAATCGGTGGTAAAGAAAGGATGACTGCGTATTTAA
CAGGGTTGGTGGCCAGAGAAAGCTCTAAAGATGAAGCAGAGAGGAAAGAGTTCATAGCT
GGACTTCACAAGCAGAACGACTGAGCTTTCATGGTTCTTATCGAGAAAAAGCTGCTTCCGC
TTCGACCCGGTGGTCAAAGTTGGTATCAAGCTTAACAAACGGAGTCAAAGTAGCTGT
GTGCAGTACTTCAAATGAGAACGGCGTATGATCAATCAGGTTCTGCTATAGTTCATGCT
TGCTTGGACCAGAACGAGCANAGAAAATCAAGATATTGAGCAGGAGACGTANTCCCCAAAAA
GAAACCTGGTCCAGCCATCTACAACCTAGCAGCNNGAAACCCNTGGAGTTGATCCCCTCA
AAATGTGTANNTGGTTAACACAGCGCGATTGNNNTAACAGCTGGCAANAGCTGCCGG
NAATGGACCTTGGTATAGNTTANNAATGAGTGGNATANNCCNNCTGGATGGAANNATTNC
NAANAAACGCNNNTGCNNNNTTCGNCTGGCATTNNNNNACCCNTNCNNNANGNNNNNT
TNNACTNNNNNNATTCTGTNNNNNNNCTNCCNGNNNANNNNNNNNNNNNNN
NNNNNNNNNNNAANNCNANNNTTGNAAGNNAANNANNANT

Clona 45 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

GNNNNNNNNNNNCNTNNNATCGNATGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATC
AACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGGACAAGATAACATGAGAATGTTAGTTCTTCGCAC
TCCCACCGGACCTGTCTCCGCCGTCAATTACATCACCAAATCCAAACCTCTCCTTCT
TCTCCCGATTATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCCGCGTGTCC
TCGCTCTCTAACCCGACGGAAGCGTCAACTCAAACCTCAACCTCAGCTCTCAAAT
CCCTTCTTCAGGAGATGAAACAGTTTGTGGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTG
ATTCAATTGATAAACCGTCATCTACTTCATCTTCAACATTACCAAATGGGGTCGTGTTG
CTTACTTGCAGGGTGGTATGTTAGCTCTGCTTATCTTCTGCTTGCATTGGAGATTAG
CCATGGTTCCCTGTTTCTCTGATACTCTCACACAGCTGACCCTTCATTGCGGGA
TGGTTCTGAGTGTCTTCTGGGGGTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGAA
AGTCTAAAGCTGTGGTGCAGCTCGAAATCTTGGATTGTCGGAACCTCGCTTGGATTAT
CATTAGGTCACTCAGGTACATTCCGGCATAGCTTGTGGTACAATGGGA
AGTACTGCTGTTACTTATAGGATGGAGAGCATTGTTATTCACTGTGCTCCTACAGAGT
CCAAGAAGAAAGATGATACTCGGAAGGGTAGTGCATTGAGCTATTGAGTTGCTTA
CTTCATTGATAAGACGATGGTGAANNNNNNNATGAAATATTGCGTGGTGGNGGT
TGAGATTTAAAGTATGCACAACAAAAATGTAATGTTACTTGTCAAAAGTCACAACCCG
NTAACAGATCATATAAATATGTGTGTTGAGAANNCCAGGNCAAGTGTAAATATCGATA
TAGTTGCAGTNNNNAGNGNNNGAGAAAAGCAATGGATGANANNATGATTNNNCTCMAN
NGNCNAAAACNNNTAANNNNNNNNNNNTCNATNAANANNNNNANNANNNN
ANNANNNTNNNCNCGNNNNNNNNNNN

Clona 46 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

GNNNNNNNNNNNNCNTACCNATACGATGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTA
TCAACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGAAGATAACAATGAGAATGTTAGTTCTTCGCACT
CCCACCGGACCTGTCTCCGCCGTAGATTCATCACAAATCAAACCTTCTCCTTCTCTT
CTCCCCGATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCGCGTCGTCT
CGCTCTCTCTAACCCGACGGAAGCGTCAACTCAAACACCCTAACCTCAGCTCTCAAATC
CCTTCTTCAGGAGATGAAACAGTTCTGGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTGA
TTCAATTGATAAAACCGTCATCTACTTCATCTTCTAACATTACCAAATGGGGCGTGTGGC
TTTACTTGCAGGGTGGTGTAGTTAGCTCTGCTTATCTTCTTGCCATTGGAGATTAGC
CATGGTTTCCCTGTTTCTCTTGATACTCTCCACACAGCTGACCCCTTCATTGCGGGAT
GGTTTCTGAGTGCTTATTCTGGGGGTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGGAAA
GTCTAAAGCTGTGGTTGCAGCTGCGAAATCTGGATTGTCGGAACCTCGCTTGAATTATC
ATTAGGTCAGCTTCATCAGGTACATTCCGGCATATAGCTTGTGTTGGGNACAAATGGGA
AGTACTGCTGTTTACTTATAGGATGGAGAGCATTGTTATTCACTGTGCTCCTGCANAGT
CCAAGAAAAGATGATACGTATCGGGAAAGGGTAGTGCATTNNNAGCTATTGAGTTGC
TTACTTCATTGATAAGAACAAATGGNGAAAGGAGCATCCCATGAAATATTGCGTCNGGTT
GGANNTTGAGATTTAAGTATGCACAACAAAAATGTAATTGNACTTTGTCCAAGTCNC
NAACCGGCTTAACNGAATCGNTNATAAAATANTGNTGGGGTTGAANAAGTCCNAGGGA
CCNCAAGNTGTNANTATCCGANTANNNGNTGNCCAGNGGGGCCAGCNTGNNANGACAG
NNNANNNAANGAANGAAAGAAAGAAANNGAATTNNNTCTNNAANNTNNNNNNCAATNNAAT
NNNNGNNNNACANNNNNNCCTNANNNNNNNNNACANNANGNANGNANNNNNN
AACNNNTNNNNNGNNNGNNGTNCCNTACNNNNCNN

Clona 49 TIP2 (At3g26520)

GNNNNNNNNNCATACCCATACGATGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCAA
CGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGAACCAATCACTCCTCTAATCAAAGCTT
TTAACCTCAGCCGTTAAATCTTCTCCGATCATGCCGACAGAAACATGCCATTGGTGGA
GTCCAAGAAGAGGTCTATCACCCCAACGCACTAGGGCGCGCTCGTGAGTTATCTGA
CTTGATCTCGTCTCGCCGGCTCAGGCTCCGAATTGCTTCAACAAGATCACTGACAA
TGGAGCAACCACCTCCGGCCTCGCGCTGCCCTAGCTCATGCTTCCGGTCTCTT
GTCGCTGTCTGTTGGCGCTAACATTCCGGTGGCCACGTTAACCTGCCGTTACCTCG
GTGTCTTACTCGGTGGTAACATCACTCTCCTCCGTGGTATTCTACTGGATTGCTCAGCT
TCTGGCTCCGTCGCCGCTGTTCTCCTAGCTTGCCACCGGTGGCGAGCCAATTCCA
GCGTTGGTCTCTCTGCCGGAGTCGGATCATTAAACGCTCTCGTGAGATCGTGTGATGA
CCTCGGGCTCGTCTACACCGTACGCCACAGCCGTTGACCCAAAGAACGGTAGTCTCGG
AACATCGCACCAATGCCATAGGTTCTCGTGAGCTAACATCCTCGCCGGTGGAGCT
TTCAGCGGAGCTCCATGAACCCAGCCGTTGCTTCGGACCAGCCGTCGAAGCTGGACGT
GGACCAACCACTGGGTTACTGNGCTGGTCTTATTGGTGGACTGCCGGATTAT
CTACGACTTGTCTCATCGATGAAATGCCACGAGCAATTGCCTACCAACCGATTACTGA
AGACGTCAAANTCAACGTTGTTAATCTGATGAATTTCGTGNNNNGCTTTTAATT
NCATCGTAANNNNNNCTNGNCCGNNNNTCATTTTAGATGANNNNNNNTANTNGATN
GATCATTATNNNNCTGGGNCCNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN
NN

Clona 50 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNCNTNNNATCGATGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCAA
CGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGAAGATACAATGAGAATGTTAGTTCTCGCACTCCCA
CCGGACCTGTCTCCGCCGTAGATTCATCACCAAATCCAAACCTCTCCTTCTCTCCTCC
CGATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCCGTCGTCCCGCT
CTCTCTAACCCGACGGAAGCGTCAACTCAAACCTCAACCTCAGCTCTCAAATCCCTT
CTTCAGGAGATGAAACAGTTTGTGGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTGATTCA
ATTGATAAACCGTCATCTACTTCATCTTAACATTACCAAATGGGGCGTGTGGCTTTA
CTTGCGGGTGGTGTAGTTAGCTGCTTATCTTCTGCCCATTGGGAGATTAGCCATG
GTTTCCCTGTTTCTCTGATACTCTCACACAGCTGACCCCTTCATTGCGGGATGGTT
TCTGAGTGTCTATTCTGGGGGTATGCGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGGAAAGTCT
AAAGCTGTGGTGCAGCTGCGAAATCTTGATTGTCGGAACCTCGCTTGAATTATCATTAA
GGTCAGCTTCATCAGGTACATTCCGGCATATAGCTTGTGTTGGTGACAATGGGAAGTAC
TGCTGTTTACTTATAGGATGGAGAGCATTGTTATTCACTGTCGTTCTGCAGAGTCCAAG
AAGAAAGATGATACTGATCGGAAGGGTAGTGCATTGAGCTATTGAGTTGCTTACTTCAT
TGATAAGACNATGGTAAGNGNNGNTTNCGTAAATATTGGNCGGTNGNANGTTGGAG
ATTTAAGTATGCACAACAAAAATGNAATGTACNTTGTACAAAGTTCACAAACCCGCTT
AANCAGATTCAATTAAAATAATGTGTGNNAAGAAAGGTNCCANGGAACCAANGTGNAA
TATCGATAATAGNTGGCANNNGNNCNANNNNNAANNGAAAAGCAAATGGATNGAGAAN
NNTGAANNTNNNNNNNAAGNNNAACNNNNAAANNNNAGNNNNNNAAACTCTNNAN
NN
TNNNNNNNNGCNCNN

Clona 52 GAUT1 (At3g61130)

GNNNNNNNNNNNCNTACCNTACGATGTTCCAGNTTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCA
ACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGCGCATGAGAAACTCAGAGCCATGGGTCAAGTCTTG
GCTAAAGCTAAGATGCAGTTATATGACTGCAAGCTGGTTACTGGAAAGCTGAGAGCAATGC
TTCAGACTGCCAGAACAGTGGAGCTAAAGAAGCAGAGTACTTTCTGGCTCAGTT
AGCAGAAAAACCATTCCAATCCTATCCATTGCCTATCAATGCGCTGACTATCGATTAC
TATCTCTGTCTCCGGAGAAAAGAAAATTCCCTGGAGTGAAAACCTAGAAAACCTAATC
TTTATCATTATGCCCTTTCCGACAATGTATTAGCTGCATCAGTAGTTGTTAACTCAAC
CATCATGAATGCCAAGGATCCTCTAACGATGTTTACCTTGTACGGATAAAACTCAAT
TTCGGAGCAATGAACATGTGGTCTCCTAAACCCACCCGAAAGGCAACCATACTGTGG
AAAACGTCGATGAGTTAAGTGGCTCAATTCTACTGTCCTGTCCTCGTCAGCTGA
ATCTGCAGCAATGAGAGAGTACTATTTAAAGCAGACCATCCAACCTCAGGCTTCAAT
CTAAAATACAGAAACCAAAGTATCTATCCATGTTGAATCATTGAGATTCTACCTCCCTG
AGGTTTATCCCAAGCTGAACAAAATCCTCTCCTGGACGATGACATCATTGTTCAAGAAAGA
CTTGACTCCACTCTGGGAAGTTAACCTGAACGGCAAAGTCACGGTGCANGTCGAAAACCT
GTGGGGAAAGTTCCACAGATTGACAAGTTATCTCAACTTTTCAATCCCTCACATTGC
GANGGAACCTTCNATCCAAAATGCTTGTGGATGGGCTTATGGAAATGAAACNTGNTTCN
ACCTANAGGNNNNNNNAAGAAGAGAGANNNTCCACTGGNTATATACCCANNNNNNNNAAA
ANCATGNANTGANAACNGGACACTTANTNNNNCTAGGNNNCATTNNNNNNNGNAATNAN
NAACNNNTNCNTANNNGNNNNNNNNCCCTAAANNNNNNGTNNNTNNNCNGGNNNN
NGNNNNNNNTNNNNCNNNNNNNNNN

Clona 52.2 XTH15 (At4g14130)

NNNNNNNNNNNCATACCATACGATGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCAAC
GCAGAGTGGCCATTACGCCGGGATCTCACACAAAACACAAAGCTCTCATCTTCTTTA
GTTTCCAAACTACCCCCACAACCTTCATTCTATCAACCAAACCCAAATGGGTCCAAGTT
CGAGCCTCACCAACCACATCGTGGCGACTGTTCTTCTTGTGACATTGTTCGGTTCGGCCTACGC
AAGCAACTTCTCGACGAGTTGACCTCACTGGGGTGACCACAGAGGAAAATCTCAAC
GGAGGAAATATGCTGTCTTGTGCTGGACCAGGTTCCGGGTCAAGGTTCAAATCCAAA
AAGAGTATTGTCGGTCGGATCGATATGCAGCTCAAACCTTGTGCCGGAAACTCGGCCGG
CACCGTCACTGCTTACTACTTGTCTTCACAAGGAGAACACATGACGAGATAGACTTGAG
TTTCTAGGTAACGAGACAGGAAGCCTATGTTCTCACACCAATGTCCTTCCAAAGAGT
CAACCCATGAGGATCTACTCTAGCCTGTGAAATGCAGACGATTGGGCCACGAGAGGTGGTC
TAGTCAAGACTGACTGGTCCAAGGCTCCTTCACAGCTTACTACAGAGGATTCAACGCTGC
GGCTTGCACAGCCTCTCAGGATGTGACCTAAATTCAAGAGTTCTTGGTATGGTAAA
TTGCAAGTGGCAACCGAGCTCAATGCTTATGGCAGGAGGACTCAGATGGGTTCAGAAAT
ACTTCATGATCTATAATTATTGCTCTGATCTCAAAGGTTCCCTCGTGNATTCCCTCCAGA
ATGCAAGAAGTCCAGAGTCTGATGAACACATATTANCCTCATTTCTCTGCTGNTTGAT
GCAATTCTAAATTCCCTCTGTNATTCCCATTNGTACATTGNCAAGNATCANNNNNATTNC
CTGNNNCCAANNNNNNAAAANANNANNNNNNTGTCNGNCNNNNCCNNNN
NNNNNNNNNNNTNGAANNCAANNNNNCGAATNNNNNNANCNCNNNNCATGNNNNNN
NNNANNNNNNCNNTNNNNNNNNNNNNNNNTNNNNNNACNNNAANNNG

Clona 35 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNNNCATNNNATACGATGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATC
AACGCAGAGTGGCCATTACGCCGGGAAAGATAACATGAGAATGTTAGTTCTCGCACTCC
CACCGGACCTGTCTCCGCCGTCAAGATTACACCAAACCTTCCTCCTTCTCTTCT
CCCGATTCTGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCGCGTGTCC
CTCTCTCTAACCCGACGGAAGCGTCAACTCAAACCCCTAACCTCAGCTCTCAAATCCC
TTCTTCAGGAGATGAAACAGTTTGTGGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTGATT
CAATTGATAAACCGTCATCTACTTCATCTTAACATTACCAAATGGGGTGTGGCTT
TACTTGCAGGGTGGTGTGTTAGCTCTGCTTATCTCTGCTGCCATTGGGAGATTAGCCA
TGGTTCCCTGTTCTCTGATACTCTCCACACAGCTGACCCTTCATTGCGGGATGG
TTTCTGAGTGCTTATTCTGGGGGNTATGCGGAGGAAGGACGAGGAAATGAAGGGAAAG
TCTAAAGCTGTGGTTGCAGCCTGCNAAAACCTGGATTGCCGGAACCTCGCTTGAATTATC
ATTAGGTCACTCAGGTCAACATTCCGGCATAGCTTGTGGNGACAATTGGA
AATACTGCTGNTTACTTNATAAGATGAAANNATTGATATTGAGNGCT

Clona 54 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNNNTACCCATACGATGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCA
ACGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGAAGATAACAATGAGAATGTTAGTTCTTCGCACTCCC
ACCGGACCTGTCTCCGCCGTAGATTCATACCAAATCCAAACCTTCTCCTTCTCTCTC
CCGATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCCGCGTCGTCTCGC
TCTCTCTAACCCCGACGGAAGCGTCAACTCAAAACCTCAACCTCAGCTCTCAAATCCCT
TCTTCAGGAGATGAAACAGTTCTGTGGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTGATT
AATTGATAAAACCGTCATCTACTTCATCTTCTAACATTACCAAATGGGGCGTGTGGCTTT
ACTTGCAGGGTGGTGTGATGTTTAGCTCTGCTTATCTCTGCCATTGGGAGATTAGCCAT
GGTTTCCCTGTTTTCTCTTGATACTCTCCACACAGCTGACCCTTCATTGCGGGATGGT
TTCTGAGTGCTTATTCCTGGGGGTTATCGGGAGGAAGGACGAGGAATGAAGGGAAAGTC
TAAAGCTGTGGTTGCAGCTGCAGAAATCTGGATTGTCGGAACCTCGCTTGAATTATCATT
AGGTCACTTCATCAGGTACATTCCGGCATATAGCTTGTGTTGGTACAATGGGAAGTA
CTGCTGTTTACTTATAGGATGGAGAGCATTGTTATTCACTGAGTGCTTCTGCAGAGTCAA
GAAGAAAGATGATACTGAGGGTAGTGCATTGAGCTATTGAGTTGCTTACTTCA
TTGATAAGACGATGGTGAAGGAGCNTCCATGAATATTGGTGGTGGAGGTTGAGATT
AAAGTATGCACAAACAAAAATGTAATGTACTTGTACAAAGTCACAACCCGCTAACAG
ATCATATAAATAATGTGTGTTGAGAAAGTTCAGGGACCNAAGTGTAAATATCGATATANT
NGCAGNGNNNAGNNNNNNNNNGAAAGNNAATGATGANAGATGANTTGTCTCANGTAAA
NNNNNNNNNNNNNNNNNGNANNNTANNNNNANNANNNNNNNNNNNNNANANCNNNT
NNTCNNGNNNNNNNNNNNTNNNNN

Clona 55 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNNNNCNTNCATACGATGTTCCAGATTACGCTGGATCCAAGCAGTGGTATCAA
CGCAGAGTGGCCATTACGGCCGGGAAGATAACAATGAGAATGTTAGTTCTTCGCACTCCC
CCGGACCTGTCTCCGCCGTAGATTCATACCAAATCCAAACCTTCTCCTTCTCTCTC
CGATTCATGGCTCCTCCCTGCACCAAACACTCACCGGAGTCGTCCCCCGCGTCGTCTCGCT
CTCTCTAACCCCGACGGAAGCGTCAACTCAAAACCTCAACCTCAGCTCTCAAATCCCT
ATTCAAGGAGATGAAACAGTTCTGTGGGTCAAGATAATGTTCTCTCGAGGGCGTGATTCA
ATTGATAAAACCGTCATCTACTTCATCTTCTAACATTACCAAATGGGGCGTGTGGCTTTA
CTTGCAGGGTGGTGTGATGTTTAGCTCTGCTTATCTTCTCTGCATTGGGAGATTAGCCATG
GTTTCCCTGTTTTCTCTTGATACTCTCACACAGCTGACCCTTCATTGCGGGATGGGT
TTCTGAGTGCTTATTCCTGGGGGTTATCGGGAGGAAGGACGAGGAATGAAAGGGAAAG
TNTAAAGCTGGGGTGCNNCNGN

Clona 56 Proteína desconocida (At1g44920) DUF3054

NNNNNNNNNNGGNNNNNNNCNNNNNNNCGTTGTCGATGCNNCTCGACANACGTTAAGTC
GAAAATTCACAGACAAGGCCATTCCCTCCTGTCTGAATTTCGACATGTTAGTCTTCG
CACTCCCACCACGACCTGTCTCCACCGTCAGATTCATCACCAAATCCCTCCTCCTT
CTCTTCTCCGATTCATGGCTCCTCCCTGCCCTAACACTCACCNATAATCATCCCCGCGTC
ATCCTCTCTCTCATTCCCCAACTAACGCTGCCGCTCCCATCCCTCACCCCTCAGCTTCTC
ATTCCCCTCTCGAGANATGACTTGTTCATTTCGACTAAACGNTCCTCTCNAATCG
ACAACGCTAACGCCAAAATTACCGACAAGGTCGCTCCCTGTCTGAATTTCGACTTAA
CGTTGTCGATGCCATCGACAACGTTAACGTCGAAAATTCAAGACAAGGCAGTAATTCTTGT
CTTGAATTTCGACTTAACGTTCTCGATAACCGACAACGTTAACGTCGAAAATTCAAGAC
AAGGNATTCAATTCCCTGTCTGAATTTCGACTTAACGTTGTCGATGCCATCGACAACGTT
AACGTCGAAAATTCAAGACAAGGAAGTCCTCCTGTCTGAATTTCGACTTAACGTTGTC
GATGCTATCGACAACGTTAACGTCGAAAATTCAAGACAAGGAAGTCATTCTGTCTGAAT
TTTCGACTTAACGTTGTCGATANCATCGACAACGTTAACGTCGAAAATTCAAGACAAGGAAG
TAATTCCCTGTCTGAATTTCGACTTAACGTTGTCGATGCNATCGACAACGTTAACGTCG
AAATTCAAGACAAGGAANNNATTCCCTGTCTGAATTTCGACTTAACGTTGTCGATGCC
ATCGACAACGTTAACGTCGAAAATTCAAGACAAGGGNAGNCATNNCCCTGTCNTGAATTNN
TCGANCTTAACGTTGNCGANNCCATCGACAACGTTNAGTCGANAATTTCANACAAGNN
NNTNNNNNCCNGNNCTNNAATTNTNCGACNTAACNNNGNCATNGNCATCCGACAACCN
NNNANGNCCGAAAANNNNNANNNNNNNNNNNNNNNNNATTNNNANNNTNNNNNNNNNC
NANNNNNCCNATNNNNNNNCNNNNNNNGN