



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA



① Número de publicación: **2 342 246**

② Número de solicitud: 200703413

⑤ Int. Cl.:

A01H 5/00 (2006.01)

C12N 9/10 (2006.01)

C12N 15/29 (2006.01)

C12N 15/82 (2006.01)

⑫

ADICIÓN A LA PATENTE DE INVENCION

B1

⑫ Fecha de presentación: **21.12.2007**

⑬ Fecha de publicación de la solicitud: **02.07.2010**

Fecha de la concesión: **27.04.2011**

⑮ Fecha de anuncio de la concesión: **10.05.2011**

⑯ Fecha de publicación del folleto de la patente:
10.05.2011

⑰ Número de solicitud de la patente principal:
P 200400257

⑲ Titular/es: **Universidad Pública de Navarra
OTRI-Edificio Rectorado
Campus de Arrosadía, s/n
31006 Pamplona, Navarra, ES
Consejo Superior de Investigaciones Científicas**

⑳ Inventor/es: **Pozueta Romero, Javier;
Alonso Casajús, Nora;
Muñoz Pérez, Francisco José y
Baroja Fernández, Miren Edurne**

㉑ Agente: **Illescas Taboada, Manuel**

㉒ Título: **Plantas transgénicas con alto rendimiento en peso seco y almidón cuyos órganos de reserva presentan elevada textura, elevado contenido en almidón y elevado rendimiento en peso seco.**

㉓ Resumen:

Plantas transgénicas con alto rendimiento en peso seco y almidón cuyos órganos de reserva presentan elevada textura, elevado contenido en almidón y elevado rendimiento en peso seco. La presente invención proporciona plantas transgénicas con alto rendimiento en peso seco y almidón cuyos órganos de reserva presentan elevada textura, elevado contenido en almidón y elevado rendimiento en peso seco.

ES 2 342 246 B1

Aviso: Se puede realizar consulta prevista por el art. 37.3.8 LP.

DESCRIPCIÓN

Plantas transgénicas con alto rendimiento en peso seco y almidón cuyos órganos de reserva presentan elevada textura, elevado contenido en almidón y elevado rendimiento en peso seco.

5 **Campo de la invención**

La presente invención puede englobarse dentro del campo de la ingeniería genética y la fisiología vegetal. Concretamente, la presente invención proporciona plantas transgénicas con alto rendimiento en peso seco y almidón cuyos órganos de reserva presentan elevada textura, elevado contenido en almidón y elevado rendimiento en peso seco.

10 **Estado de la técnica anterior**

El almidón constituye la forma principal de almacenamiento de carbohidratos en plantas. Se acumula en grandes cantidades en órganos tales como semillas (trigo, cebada, maíz, guisante, etc.) y tubérculos (patata y batata entre otros) y es un constituyente fundamental de la dieta del ser humano. Por otro lado, el almidón es utilizado frecuentemente en las industrias papeleras, cosmética, farmacéutica y alimentaria, y también se utiliza como componente fundamental para la fabricación de plásticos biodegradables y pinturas de bajo impacto medioambiental. Además, últimamente ha aumentado la demanda de plantas productoras de este polímero como consecuencia del creciente uso del bioetanol, obtenible a partir del almidón, como combustible. Constituidos por moléculas de glucosa unidas covalentemente, el estudio de los procesos implicados en la síntesis de este polisacárido constituye un tema prioritario en diversos ámbitos de la producción industrial.

El ADPG es el precursor universal de la biosíntesis del almidón en plantas y está ampliamente asumido que su producción está exclusivamente controlada por el enzima ADPG pirofosforilasa (AGPasa) o ADPG sintasa (EC 2.7.7.27) (Okita, T. W. (1992) Is there an alternative pathway for starch synthesis? *Plant Physiol.* 100, 560-56; Müller-Röber, B., Sonnwald, U. Willmitzer, L. (1992) Inhibition of the ADP-glucose pyrophosphorylase in transgenic potatoes leads to sugar-storing tubers and influences tuber formation and expression of tuber storage protein genes. *EMBO J.* 11, 1229-1238; Stark, D.M., Timmerman, K.P., Barry, G.F., Preiss, J., Kishore, G.M. (1992) Regulation of the amount of starch in plant tissues by ADPglucose pyrophosphorylase. *Science* 258, 287-282; Neuhaus, E.H., Häusler, R.E., Sonnwald, U. (2005) No time to shift the paradigm on the metabolic pathway to transitory starch in leaves. *Trends Plant Sci.* 10, 154-156). Las diferentes aplicaciones del almidón producido en una planta están basadas principalmente en el balance de amilosa y amilopectina, el cual determina la estructura del gránulo de almidón, así como su viscosidad en suspensiones acuosas. Tal proporción de amilosa y amilopectina depende, entre otras razones, de la concentración de ADPG en la célula vegetal (Clarke, B.R., Denyer, K., Jenner, C.F., Smith, A.M. (1999) The relationship between the rate of starch synthesis, the adenosine 5'-diphosphoglucose concentration and the amylose content of starch in developing pea embryos. *Planta* 209, 324-329).

La SS (EC 2.4.1.13, SS) (UDP-glucose:D-fructose-2-glucosyl transferase) es una enzima reversible que cataliza la producción de UDPG y fructosa a partir de la sacarosa y UDP. Aunque, tal y como se ilustra en la Fig. 1A, clásicamente se ha atribuido a la SS el papel de producir el UDPG cuyo procesamiento metabólico dé lugar a la producción eventual de almidón en tejidos heterotróficos tales como endospermos y tubérculos (Zrenner, R., Salanoubat, M., Willmitzer, L., Sonnwald, U. (1995) Evidence for the crucial role of sucrose synthase for sink strength using transgenic potato plants. *Plant J.* 7, 97-107; Baroja-Fernández, E., Muñoz, F.J., Saikusa, T., Rodríguez-López, M., Akazawa, T., Pozueta-Romero, J. (2003) Sucrose synthase catalyzes the de novo production of ADPglucose linked to starch biosynthesis in heterotrophic tissues of plants. *Plant Cell Physiol.* 44, 500-509; Pozueta-Romero, J., Muñoz, F.J., Rodríguez-López, M., Baroja-Fernández, E., Akazawa, T. (agosto 2003) New waves in the starch field. *Lett. Plant Cell Physiol.* 24-32), existen referencias sobre la potencialidad del enzima de utilizar *in vitro* otros nucleótidos difosfato para la producción de los correspondientes azúcares-nucleótido (Murata, T., Sugiyama, T., Minamikawa, T., Akazawa, T. (1966) Enzymic mechanism of starch synthesis in ripening rice grains. Mechanism of the sucrose-starch conversion. *Arch. Biochem. Biophys.* 113, 34-44; Delmer, D. P. (1972) The purification and properties of sucrose synthase from etiolated *Phaseolus aureus* seedlings. *J. Biol. Chem.* 247, 3822-3828;). Aunque de cuestionada relevancia fisiológica (Okita, T. W. (1992) Is there an alternative pathway for starch synthesis? *Plant Physiol.* 100, 560-56; Müller-Röber, B., Sonnwald, U. Willmitzer, L. (1992) Inhibition of the ADP-glucose pyrophosphorylase in transgenic potatoes leads to sugar-storing tubers and influences tuber formation and expression of tuber storage protein genes. *EMBO J.* 11, 1229-1238), se ha sugerido que la SS está capacitada para producir directamente ADPG utilizable para la producción de almidón tanto en tejidos heterotróficos como tejidos foto-sintéticos (Figs. 1B y 2B) (Pozueta-Romero, J., Perata, P., Akazawa, T. (1999) Sucrose-starch conversion in heterotrophic tissues of plants. *Crit. Rev. Plant Sci.* 18, 489-525; Baroja-Fernández, E., Muñoz, F.J., Akazawa, T., Pozueta-Romero, J. (2001) Reappraisal of the currently prevailing model of starch biosynthesis in photosynthetic tissues: a proposal involving the cytosolic production of ADP-glucose by sucrose synthase and occurrence of cyclic turnover of starch in the chloroplast. *Plant Cell Physiol.* 42, 1311-1320; Baroja-Fernández, E., Muñoz, F.J., Saikusa, T., Rodríguez-López, M., Akazawa, T., Pozueta-Romero, J. (2003) Sucrose synthase catalyzes the de novo production of ADPglucose linked to starch biosynthesis in heterotrophic tissues of plants. *Plant Cell Physiol.* 44, 500-509; Baroja-Fernández, E., Muñoz, F.J., Zanduetta-Criado, A., Morán-Zorzano, M.T., Viale, A.M., Alonso-Casajús, N., Pozueta-Romero, J. (2004) Most of ADPglucose linked to starch biosynthesis occurs outside the chloroplast in source leaves. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 101, 13080-13085; Muñoz, F.J., Baroja-Fernández, E., Morán-Zorzano, M.T., Viale, A.M., Etxeberria, E., Alonso-Casajús, N., Pozueta-Romero, J. (2005) Sucrose synthase controls the intracellular levels of ADPglucose linked to transitory starch biosynthesis in source leaves.

Plant Cell Physiol. 46, 1366-1376). De acuerdo a esta hipótesis (basada única y circunstancialmente en evidencias de tipo bioquímico), la SS sería responsable de la síntesis de un pool importante de moléculas de ADPG necesarias para la biosíntesis del almidón. Tal hipótesis sin embargo no ha sido demostrada experimentalmente mediante ingeniería genética o técnicas de mejora tradicional de cultivos, y no es consistente con las innumerables pruebas de tipo genético y molecular que indican que la AGPasa es la única fuente de ADPG en plantas (Okita, T. W. (1992) Is there an alternative pathway for starch synthesis? *Plant Physiol.* 100, 560-56; Müller-Röber, B., Sonnewald, U. Willmitzer, L. (1992) Inhibition of the ADP-glucose pyrophosphorylase in transgenic potatoes leads to sugar-storing tubers and influences tuber formation and expression of tuber storage protein genes. *EMBO J.* 11, 1229-1238; Neuhaus, E.H., Häusler, R.E., Sonnewald, U. (2005) No time to shift the paradigm on the metabolic pathway to transitory starch in leaves. *Trends Plant Sci.* en prensa).

Azúcares-nucleótidos tales como el UDPG o el ADPG se producen para su comercialización a partir de reacciones pirofosforilásicas catalizadas por enzimas tales como la UDPG pirofosforilasa (UGPasa) y la ADPG pirofosforilasa (AGPasa), respectivamente, basadas en la utilización de una sustancia de alto coste económico denominada glucosa-1-fosfato (G1P). Una alternativa a esta práctica de producción de azúcares-nucleótidos se basa en la utilización de SS cuyo desarrollo se ha visto impedido en gran medida por las limitaciones de *Escherichia coli* para expresar y procesar de manera eficiente un gran número de proteínas eucariotas. Tal limitación ha impulsado a algunos investigadores a producir SS recombinante haciendo uso de factorías biológicas de tipo eucariota tales como las levaduras (Zervosen, A., Römer, U., Elling L. (1998) Application of recombinant sucrose synthase-large scale synthesis of ADP-glucose. *J. Mol. Catalysis B: Enzymatic* 5, 25-28; Römer, U., Schrader, H., Günther, N., Nettelstroth, N., Frommer, W.B., Elling, L. (2004) Expression, purification and characterization of recombinant sucrose synthase I from *Solanum tuberosum* L. For carbohydrate engineering. *J. Biotechnology* 107, 135-149). Alternativamente, la SS destinada a la producción de azúcares-nucleótidos ha tenido que ser purificada mediante costosos procesos de purificación de proteínas a partir de extractos vegetales (patente DE4221595 (1993), Purified sucrose synthase enzyme useful for production of nucleotide-activated sugars or oligosaccharides). Tal SS obtenida desde extractos vegetales tiene el inconveniente de que presenta una predilección por el UDP y muy baja afinidad por el ADP (Pressey R (1969) Potato sucrose synthase: purification, properties, and changes in activity associated with maturation. *Plant Physiol.* 44, 759-764; Nguyen-Quock B., Kriwitzky, M., Huber, S. C., Lecharny, A. (1990) Sucrose synthase in developing maize leaves. *Plant Physiol.* 94, 516-523; Morell, M., Copeland, L. (1985) Sucrose synthase of soybean nodules. *Plant Physiol.* 78, 149-154). Recientemente se ha logrado producir SS recombinante a partir de cultivos de *E. coli* (Nakai, T., Tonouchi, N., Tsuchida, T., Mori, H., Sakai, F., Hayashi, T. (1997) "Expression and characterization of sucrose synthase from mung bean seedlings in *Escherichia coli*" *Biosci. Biotech. Biochem.* 61, 1500-1503; Nakai, T., Konishi, T., Zhang, Z.-Q., Chollet, R., Tonouchi, N., Tsuchida, T., Yoshinaga, F., Mori, H., Sakai, F., Hayashi, T. (1997) "An increase in apparent affinity for sucrose of mung bean sucrose synthase is caused by *in vitro* phosphorylation or directed mutagenesis of Ser11" *Plant Cell Physiol.* 39, 1337-1341; Barratt, D.H.P., Barber, L., Kruger, N.J., Smith, A.M., Wang, T.L., Martin, C. (2001) Multiple, distinct isoforms of sucrose synthase in pea. *Plant Physiol.* 127, 655-664; Christopher, B., William, B., Robert, H. "Bacterial sucrose synthase compositions and methods of use" Patente WO9803637). Sin embargo, la producción de SS en este sistema procarriota estaba asociada a problemas tales como (1) la cantidad de SS producida era muy baja (30 microgramos/gramo de bacteria, Nakai, T., Tonouchi, N., Tsuchida, T., Mori, H., Sakai, F., Hayashi, T. (1997) "Expression and characterization of sucrose synthase from mung bean seedlings in *Escherichia coli*" *Biosci. Biotech. Biochem.* 61, 1500-1503; Li, C.R., Zhang, X.B., Hew, C.S. (2003) "Cloning, characterization and expression analysis of a sucrose synthase gene from tropical epiphytic orchid *Oncidium Goldiana*". *Physiol. Plantarum* 118, 352-360), (2) la cantidad de SS activa obtenida era muy baja o nula (0.05-1.5 unidades/mg (Nakai, T., Tonouchi, N., Tsuchida, T., Mori, H., Sakai, F., Hayashi, T. (1997) "Expression and characterization of sucrose synthase from mung bean seedlings in *Escherichia coli*" *Biosci. Biotech. Biochem.* 61, 1500-1503; Li, C.R., Zhang, X.B., Hew, C.S. (2003) Cloning, characterization and expression analysis of a sucrose synthase gene from tropical epiphytic orchid *Oncidium Goldiana*. *Physiol. Plantarum* 118, 352-360); 5.6 U/mg (Römer, U., Schrader, H., Günther, N., Nettelstroth, N., Frommer, W.B., Elling, L. (2004) Expression, purification and characterization of recombinant sucrose synthase I from *Solanum tuberosum* L. For carbohydrate engineering. *J. Biotechnology* 107, 135-149), (3) la SS recombinante debía ser purificada por métodos convencionales de purificación de proteínas tales como cromatografía, electroforesis, isoelectroenfoque, etc. que, combinados, resultan costosos y no garantizan la purificación de la proteína en estado homogéneo y (4) la mayor parte de la SS es enviada a cuerpos de inclusión o bien se acumulaba en forma de agregados inactivos como resultado de la incapacidad de la maquinaria de la bacteria de plegar correctamente la proteína (Miroux, B., Walker, J.E. (1996) "Over-production of proteins in *Escherichia coli*: mutant hosts that allow synthesis of some membrane proteins and globular proteins at high levels" *J. Mol. Biol.* 260, 289-298).

La presente invención describe el desarrollo de un sistema basado en la utilización de una cepa apropiada de *E. coli* y en el uso de un vector de expresión adecuado que permita la producción a gran escala y purificación rápida y fácil de distintas versiones de SS recombinante en su forma activa. Algunas de estas versiones presentan una afinidad por ADP muy superior a las obtenidas desde extractos vegetales y pueden ser empleadas tanto para la producción de UDPG como ADPG a partir de sustancias de bajo coste económico tales como la sacarosa, el UDP o el ADP.

Las técnicas cromatográficas constituyen una poderosa herramienta de determinación de contenido de sacarosa en muestras complejas tales como extractos vegetales, sueros, orina, zumos, vinos, frutos y alimentos (D'Aoust, M-A., Yelle, S, Nguyen-Quoc, B. (1999) Antisense inhibition of tomato fruit sucrose synthase decreases fruit setting and the sucrose unloading capacity of young fruit. *Plant Cell* 11, 2407-2418; Tang, G-Q., Sturm, A. (1999) Antisense repression of sucrose synthase in carrot affects growth rather than sucrose partitioning. *Plant Mol. Biol.* 41, 465-479; Frias, J., Price, K.R., Fenwich, G.R., Hedley, C.L., Sorensen, H., Vidal-Valverde, C. (1996) *J. Chromatogr. A* 719, 213-219).

Tales técnicas requieren personal técnico altamente especializado y están asociadas a una alta inversión económica en equipamientos. Lamentablemente, métodos alternativos basados en la hidrólisis de la molécula de sacarosa por acción de la enzima invertasa y posterior determinación espectrofotométrica o fluorométrica de las moléculas de glucosa y/o fructosa (Sweetlove, L.J., Burrell, M.M., ap Rees, T. (1996) Starch metabolism in tubers of transgenic potato with increased ADPglucose pyrophosphorylase. *Biochem. J.* 320, 493-498; Stitt, M., Lilley, R.M., Gerhardt, R., Heldt, H.W. (1989) Metabolite levels in specific cells and subcellular compartments of plant leaves. *Methods Enzymol.* 174, 518-552; Holmes, E.W. (1997) Coupled enzymatic assay for the determination of sucrose. *Anal. Biochem.* 244, 103-109; *Methods of Analysis* (1996) Code of Practice for Evaluation of Fruit and Vegetable Juiciness. Association of the Industry of Juices and Nectars from Fruits and Vegetables of the European Economic Community) están sujetos a limitaciones de tipo técnico tales como la sustracción de las medidas correspondientes a la glucosa y/o fructosa endógenas existentes en la muestra. La abundancia de la glucosa y/o fructosa en la muestra puede aportar un ruido de fondo tal que impida la determinación fiable y exacta de sacarosa. En la gran mayoría de los casos es preciso realizar controles exhaustivos antes de emitir un dato fiable sobre el verdadero contenido de sacarosa de una muestra (Worrell, A.C, Bruneau, J.-M., Summerfelt, K., Boersig, M., Voelker, T.A. (1991) Expression of a maize sucrose phosphate synthase in tomato alters leaf carbohydrate partitioning. *Plant Cell* 3, 1121-1130). Kits de determinación de sacarosa basados en la utilización de la invertasa están disponibles en compañías tales como Sigma, Biopharm GmbH y Megazyme. Alternativamente se ha desarrollado un método automatizado de determinación de la sacarosa basado en la determinación de la glucosa-1-fosfato liberada por la acción de la sacarosa fosforilasa de origen bacteriano (Vinet, B., Panzini, B., Boucher, M., Massicotte, J. (1998) Automated enzymatic assay for the determination of sucrose in serum and urine and its use as a marker of gastric damage. *Clin. Chem.* 44, 2369-2371). La presente invención describe el desarrollo de un método alternativo simple, fiable y poco costoso para la determinación de la sacarosa en una muestra basado en la utilización de la SS y enzimas acopladores que hidrolizan el ADPG o el UDPG.

Las reflexiones acerca de los factores que gobiernan los niveles intracelulares de ADPG han girado fundamentalmente en torno a la regulación del enzima sintetizador, la AGPasa (Preiss, (1988) Biosynthesis of starch and its regulation. *The Biochemistry of Plants*. Vol. 14, Academic Press, New York, pp. 182-249; Pozueta-Romero, J., Perata, P., Akazawa, T. (1999) Sucrose-starch conversion in heterotrophic tissues. *Crit. Rev. Plant. Sci.* 18, 489-525). De hecho, gran parte de las patentes y publicaciones científicas relacionadas con la obtención de ADPG y con la obtención de plantas productoras de almidones de interés industrial, giran en torno a la utilización de la AGPasa (Stark, D.M., Timmerman, K.P., Barry, G.F., Preiss, J., Kishore, G.M. (1992) Regulation of the amount of starch in plant tissues by ADPglucose pyrophosphorylase. *Science* 258, 287-282; Slaterry, C.J., Kavakli, H., Okita, T.W. (2000) Engineering starch for increased quantity and quality. *Trends Plant Sci* 5, 291-298). Sin embargo, pendiente de ser confirmado por evidencias de tipo genético/molecular, recientes aportaciones científicas de tipo bioquímico indican que, tal y como se ilustra en las Figs. 1B y 2B, la SS podría estar implicada en la síntesis directa de ADPG necesario para la biosíntesis del almidón (Baroja-Fernández, E., Muñoz, F.J., Saikusa, T., Rodríguez-López, M., Akazawa, T., Pozueta-Romero, J. (2003) Sucrose synthase catalyzes the de novo production of ADPglucose linked to starch biosynthesis in heterotrophic tissues of plants. *Plant Cell Physiol.* 44, 500-509). Esta hipótesis es especialmente conflictiva, teniendo en cuenta que (a) jamás se ha vinculado la SS con la producción de almidón en hojas, (b) es preciso la existencia de un translocador de ADPG en las membranas de los plastidios que conecte el pool citosólico del ADPG producido por SS con la almidón sintasa existente en el interior del plastidio y (c) la implicación de la SS como fuente productora de ADPG riñe frontalmente con multitud de pruebas de tipo bioquímico/genético/molecular que aparentemente muestran que la AGPasa es la única fuente de ADPG (Okita, T. W. (1992) Is there an alternative pathway for starch synthesis? *Plant Physiol.* 100, 560-56; Müller-Röber, B., Sonnewald, U. Willmitzer, L. (1992) Inhibition of the ADP-glucose pyrophosphorylase in transgenic potatoes leads to sugar-storing tubers and influences tuber formation and expression of tuber storage protein genes. *EMBO J.* 11, 1229-1238; Stark, D.M., Timmerman, K.P., Barry, G.F., Preiss, J., Kishore, G.M. (1992) Regulation of the amount of starch in plant tissues by ADPglucose pyrophosphorylase. *Science* 258, 287-282; Neuhaus, E.H., Häusler, R.E., Sonnewald, U. (2005) No time to shift the paradigm on the metabolic pathway to transitory starch in leaves. *Trends Plant Sci.* en prensa). Quizás por todo ello jamás hasta ahora se hayan diseñado plantas que sobre-expresan SS para la producción de altos niveles de almidón.

Sin embargo, este trabajo describe por primera vez la producción de plantas transgénicas que sobre-expresan SS para incrementar su producción de ADPG y almidón. Por otro lado demostramos que plantas deficitarias en almidón como resultado de la ausencia de AGPasa poseen niveles normales de ADPG. Con todo ello se demuestra que, tal y como se ilustra en las Figs. 1B y 2B, la SS está implicada en la síntesis directa del ADPG necesario para la biosíntesis del almidón y es responsable de la síntesis de la mayor parte del ADPG acumulado en la célula vegetal. Además, sorprendentemente, la sobre-expresión de SS en las plantas transgénicas obtenidas en la presente invención consigue que dichas plantas presenten alto rendimiento en peso seco y almidón. Por otro lado, extraordinariamente, los órganos de reserva como por ejemplo raíces, semillas o tubérculos de dichas plantas transgénicas presentaron elevado rendimiento en almidón y peso seco (rendimientos superiores a los observados en las plantas silvestres tal y como se expone en la Tabla 3). Además, los tubérculos de dichas plantas transgénicas presentaron una textura superior a las plantas silvestres tal y como se cita en la Tabla 3.

Aunque basados en el planteamiento ilustrado en la Fig. 1A según el cual la SS está implicada en la síntesis del UDPG (no ADPG) en tejidos de reserva, varios trabajos han descrito la producción de plantas con reducido contenido de almidón como consecuencia de la reducción de la actividad SS (Chourey, P.S., Nelson, O.E. (1976) The enzymatic deficiency conditioned by the shrunken-1 mutations in maize. *Biochem. Genet.* 14, 1041-1055; Zrenner, R., Salanoubat, M., Willmitzer, L., Sonnewald, U. (1995) Evidence for the crucial role of sucrose synthase for sink strength using transgenic potato plants. *Plant J.* 7, 97-107; Tang, G.-Q., Sturm, A. (1999) Antisense repression of su-

crose synthase in carrot (*Daucus carota* L.) affects growth rather than sucrose partitioning. *Plant Mol. Biol.* 41, 465-479). En este sentido, no existen evidencias experimentales de que la sobre-expresión de la SS pueda utilizarse para la producción de plantas con alto contenido en almidón como resultado del incremento de los niveles de ADPG acorde a los esquemas metabólicos representados en las Figs. 1B y 2B. Por el contrario, basados en la capacidad de la SS de producir la molécula precursora de la biosíntesis de polisacáridos de pared celular (la UDPG) se han publicado y patentado trabajos en los que se describe la producción de plantas de algodón con alto contenido en fibra o cereales con alto contenido en celulosas como resultado de la sobre-expresión de la SS (Timothy, H J., Xiamomu N., Kanwar-pal, S “Manipulation of sucrose synthase genes to improve stalk and grain quality” Patente WO02067662; Robert, F., Danny, L, Yong-Ling, R. “Modification of sucrose synthase gene expression in plant tissue and uses therefor” Patente WO0245485; Christopher, B., William, B., Robert, H. “Bacterial sucrose synthase compositions and methods of use” Patente WO9803637).

Un objeto de la invención es, en primer lugar, la puesta a punto y optimización de un método de producción de grandes cantidades de SS recombinante soluble, fácilmente purificable y de alta actividad específica basado en la utilización de una cepa de *E. coli* apropiada y en la utilización de un vector de expresión que permite la obtención de la SS con una cola de histidinas. Otro objeto de la invención es el procedimiento seguido para la elaboración de dispositivos o kits de determinación de sacarosa basados en el empleo del producto enzimático con actividad SS acoplado a enzimas que metabolizan el ADPG o el UDPG. Otro objetivo es la optimización de la producción de azúcares-nucleótidos tales como el ADPG o el UDPG a partir de versiones de la SS especialmente diseñadas a tal efecto. Finalmente, la sobre-expresión de SS en las plantas transgénicas obtenidas en la presente invención consigue que dichas plantas tengan alto rendimiento en peso seco, que sus hojas y tejidos de reserva acumulen altos niveles de ADPG y almidón. Además, sorprendentemente, los órganos de reserva como por ejemplo raíces, semillas o tubérculos de dichas plantas transgénicas presentaron elevado rendimiento en almidón y peso seco (rendimientos superiores a los observados en las plantas silvestres tal y como se expone en la Tabla 3). Por otro lado, los tubérculos de dichas plantas transgénicas presentaron una textura superior a las plantas silvestres tal y como se cita en la Tabla 3.

Descripción de la invención

Breve descripción de la invención

La presente invención describe un procedimiento de producción eficiente de grandes cantidades SS recombinante soluble en su forma activa, mediante expresión del gen que codifica para la SS en una cepa de *Escherichia coli*. El vector de expresión utilizado permite que la SS recombinante producida posea una cola de histidinas que facilita su purificación de manera rápida. Asimismo se describen secuencias de versiones mutadas del gen de la SS que codifican para isoformas de la SS adecuadas para la producción de ADPG. Haciendo uso de las versiones “silvestre” y “mutada” de SS recombinante, se describe un método eficiente de producción de ADPG y UDPG. También se describe la utilización de la SS para la producción de dispositivos de ensayo de determinación de sacarosa. Por último la presente invención describe la obtención de las plantas transgénicas con alto rendimiento en peso seco y almidón. Además, extraordinariamente, los órganos de reserva como por ejemplo raíces, semillas o tubérculos de dichas plantas transgénicas presentaron elevado rendimiento en almidón y peso seco (rendimientos superiores a los observados en las plantas silvestres tal y como se expone en la Tabla 3). Además, los tubérculos de dichas plantas transgénicas presentaron una textura superior a las plantas silvestres tal y como se cita en la Tabla 3.

Tal y como se cita en la presente invención, el órgano de reserva de la planta puede seleccionarse del grupo comprendido por: tubérculos, semillas, bulbos, cormos, rizomas o raíces tuberosas.

Además, aunque los ejemplos se refieran a tubérculos, los efectos técnicos mostrados en la presente invención son extrapolables a otros tipos de órganos de reserva arriba mencionados.

Por otro lado, aunque los ejemplos se refieran a plantas de patata, los resultados técnicos derivados, objeto de la presente invención, serían extrapolables a plantas de tabaco, tomate, arroz, cebada, trigo o maíz.

Descripción de las figuras

Figura 1. Mecanismos de biosíntesis de almidón en órganos heterotróficos. (A) Mecanismo “clásico” según el cual la SS está implicada en la producción de UDPG, el cual es eventualmente convertido en almidón tras la acción combinada de la UDPG pirofosforilasa (UGPase), fosfoglucomutasa (PGM) citosólica, fosfoglucomutasa plastidial, ADPG pirofosforilasa (AGPase) y almidón sintasa. (B) Mecanismo “alternativo” según el cual SS está implicada en la producción directa de ADPG en el citosol. El ADPG es transportado posteriormente al amiloplasto por acción de un translocador. Una vez en el interior del amiloplasto, la almidón sintasa utiliza el ADPG para producir almidón.

Figura 2. Mecanismos de biosíntesis de almidón en hojas. (A) Mecanismo “clásico” según el cual todo el proceso de biosíntesis del almidón tiene lugar en el interior del cloroplasto. Según esta visión, el metabolismo del almidón y la sacarosa no están conectados. Además, la SS no interviene en el proceso gluconeogénico. (B) Mecanismo “alternativo” de biosíntesis del almidón según el cual la SS está implicada en la síntesis directa de ADPG en el citosol. El ADPG es posteriormente transportado al interior del plastidio donde la almidón sintasa lo utiliza como sustrato para la reacción de síntesis del almidón.

ES 2 342 246 B1

Figura 3. Etapas de construcción del plásmido de expresión pET-SS a partir de pET-28a(+) y pSS.

Figura 4. Etapas de construcción del plásmido de expresión pBIN35S-SS-NOS a partir de pBIN20 y p35S-SS-NOS.

Figura 5. Etapas de construcción del plásmido de expresión pRBCS-SS-NOS a partir de pGEMT-RBCSprom, p35S-SS-NOS y pBIN20.

Figura 6. Expresión de pET-SS en diferentes cepas de *Escherichia coli*. (A) Actividad SS (en miliunidades (mU) por miligramo de proteína bacteriana) en extractos bacterianos transformados con pET o con pET-SS. La reacción tuvo lugar en la dirección de degradación de sacarosa y producción de ADPG. El cocktail de reacción contenía 50 mM HEPES (pH 7.0), 1 mM EDTA, 20% polietilenglicol, 1 mM MgCl₂, 15 mM de KCl y 2 mM de ADP. La reacción tuvo lugar durante 10 minutos a 37°C. (B) SDS-PAGE de extractos proteicos de las diferentes cepas de *E. coli* transformadas con pET y con pET-SS. Con un asterisco se indica la posición de la SSX recombinante.

Figura 7. Determinación de la sacarosa en diferentes estadios de desarrollo de endospermos de cebada haciendo uso del kit basado en las reacciones acopladas de la SS, la ADPG (UDPG) pirofosfatasa, la PGM y la G6PDH. Los resultados fueron idénticos a los obtenidos paralelamente mediante (a) la utilización de un kit basado en las reacciones acopladas de SS y la UDPG deshidrogenasa y (b) la utilización de cromatografía de alta presión (HPLC) con detección amperométrica en un sistema DX-500 Dionex ajustado a una columna Carbo-Pac PA1.

Eje de abcisas: Días tras floración

Eje de ordenadas: Contenido en sacarosa ($\mu\text{mol/gFW}$).

Figura 8. Actividad SS en hojas de plantas de patata silvestres (WT) y plantas de patata que sobreexpresan SSX tras integrar en su genoma las construcciones 35S-SS-NOS (por acción de la cepa de *Agrobacterium tumefaciens* CECT:5851) o RBCS-SS-NOS. La actividad está referida en miliunidades (mU) por gramo de peso fresco. La unidad se define como la cantidad de SS necesaria para producir un micromol de ADPG por minuto.

Figura 9. Contenido de almidón en hojas de plantas de patata silvestres (WT) y plantas de patata que sobreexpresan SSX tras integrar en su genoma las construcciones 35S-SS-NOS (por acción de la cepa de *Agrobacterium tumefaciens* CECT:5851) o RBCS-SS-NOS.

Figura 10. Contenido de ADPG en hojas de plantas de patata silvestres (WT) y plantas de patata que sobreexpresan SSX tras integrar en su genoma las construcciones 35S-SS-NOS (por acción de la cepa de *Agrobacterium tumefaciens* CECT:5851) o RBCS-SS-NOS.

Figura 11. Acumulación transitoria de (A) almidón y (B) ADPG durante un fotoperíodo de 8 horas de luz y 16 horas de obscuridad en hojas de plantas WT (●), 35S-SS-NOS (■) y RBCS-SS-NOS (▲).

Figura 12. Actividad SS en tubérculos de plantas de patata silvestres (WT) y plantas de patata que sobreexpresan SSX tras integrar en su genoma la construcción 35S-SS-NOS (por acción de la cepa de *Agrobacterium tumefaciens* CECT:5851). La actividad está referida en miliunidades (mU) por gramo de peso fresco. La unidad se define como la cantidad de SS necesaria para producir un micromol de ADPG por minuto.

Figura 13. Contenido de almidón (referido a peso fresco) en tubérculos de plantas de patata silvestres (WT) y plantas de patata que sobre-expresan SSX tras integrar en su genoma la construcción 35S-SS-NOS (por acción de la cepa de *Agrobacterium tumefaciens* CECT:5851).

Figura 14. Contenido de ADPG referido a peso fresco en tubérculos de plantas de patata silvestres (WT) y controles de regeneración y plantas de patata que sobreexpresan SSX tras integrar en su genoma la construcción 35S-SS-NOS (por acción de la cepa de *Agrobacterium tumefaciens* CECT:5851).

Figura 15. Contenido de (A) almidón y (B) ADPG en hojas de *Arabidopsis thaliana* TL25 deficitarias en AGPasa

Figura 16. Contenido de (A) almidón y (B) ADPG en hojas de patata AGP62 y AGP85 deficitarias en AGPasa

Figura 17. Actividad SS en tubérculos de plantas de patata control (WT) y plantas de patata que sobre-expresan SS (35S-SS-NOS). Las actividades se representan en miliunidades por peso fresco, siendo la unidad la cantidad de enzima necesaria para convertir un micromol de sacarosa en ADPG y fructosa.

Figura 18. Cantidad de ADPG en tubérculos de plantas de patata control (WT) y plantas de patata que sobre-expresan SS. La cantidad de ADPG está referida en forma de nanogramos de ADPG por gramo de peso fresco.

Figura 19. Cantidad de almidón en tubérculos de plantas de patata control (WT) y plantas de patata que sobre-expresan SS. La cantidad de almidón está referida en forma de microgramos de glucosa por gramo de peso fresco.

Descripción detallada de la invención*Ampliación de un cDNA que codifica para una SS*

5 Conocida la secuencia nucleotídica de Sacarosa sintasa silvestre SS4 (Fu, H., Park, W.D. (1995) Sink- and vascular-associated sucrose synthase functions are encoded by different gene classes in potato. *Plant Cell* 7, 1369-1385) se crearon dos cebadores específicos correspondientes a los extremos 5' y 3' del gen. Haciendo uso de estos cebadores se amplificó por métodos convencionales de PCR un fragmento de DNA de 2418 pares de bases, designado con SSX, a partir de una genoteca de cDNA de hoja de patata. Tal fragmento de PCR se introdujo en el plásmido pSK Bluescript (Stratagene) dando lugar a la construcción pSS (Fig. 3A) la cual fue amplificada en la bacteria hospedadora XL1 Blue.

Obtención de SS recombinante activa a partir de una cepa especial de E. coli

15 pSS fue digerido con los enzimas de restricción NcoI y NotI. El fragmento liberado (que contiene al cDNA que codifica para SS, SSX) fue clonado en los mismos sitios de restricción del plásmido de expresión pET-28a(+) (Novagen) (Fig. 3B) el cual posee una secuencia nucleotídica en la región polylinker que codifica para una secuencia rica en histidinas, la cual queda fusionada con la proteína recombinante. El plásmido resultante (designado con el nombre de pET-SS, Fig. 3C) fue introducido por electroporación en varias cepas de *E. coli*. La cepa de *E. coli* BLR(DE3) (Novagen) transformada con pET-SS fue depositada en la Colección Española de Cultivos tipo el 29 de octubre de 2003, sita en el Edificio de Investigación de la Universidad de Valencia, Campus de Burjassot, Burjassot 46100 (Valencia, España) con el n° de depósito CECT:5850. Las bacterias fueron incubadas a 20°C en medio LB. La sobre-expresión de SSX tuvo lugar mediante la adición de 1 mM isopropyl- β -D-thiogalactopyranoside (IPTG) en 100 ml de cultivo celular crecido a 20°C. Tras seis horas de cultivo inducido se recogieron las bacterias y se resuspendieron en 4 ml de "binding buffer" (Novagen, His-bind purification kits), se sonicaron y se centrifugaron a 40.000 g durante veinte minutos. El sobrenadante que contiene la SS recombinante con una secuencia amonocídica rica en residuos de histidinas en el extremo N-terminal se hizo pasar a través por una columna de afinidad del kit de purificación de proteínas "His-bind" de Novagen. Siguiendo las instrucciones del kit se eluyó SS con 6 ml del tampón de elución recomendado, en el que se había incluido 200 mM de imidazol en lugar de 1 molar. Tras la elución la proteína fue sometida rápidamente a una diálisis para retirar cualquier traza de imidazol que inactive irreversiblemente a la SS.

Producción de una isoforma de SS optimizada para la producción de ADPG

Haciendo uso de cebadores adecuados y utilizando pSS como molde, se diseñó la versión mutada SS5, dando lugar a la construcción pSS5. Para ello, se hizo uso del kit QuikChange Site-Directed Mutagenesis (Stratagene). pSS5 fue digerido con NcoI y NotI. El fragmento liberado (que contiene a SS5) se clonó en los mismos sitios de restricción del plásmido de expresión pET-28a(+) dando lugar a pET-SS5, el cual se introdujo por electroporación en *E. coli* BLR (DE3). La cepa de *E. coli* XL1 Blue transformada con pSS5 fue depositada en la colección Española de Cultivos Tipo el 29 de octubre de 2003, sita en el Edificio de Investigación de la Universidad de Valencia, Campus de Burjassot, Burjassot 46100 (Valencia, España), con el n° de depósito CECT:5849.

Obtención de plantas transgénicas que sobreexpresan SS4

En la presente invención SS ha sido sobre-expresada (a) constitutivamente, (b) específicamente en hojas y (c) específicamente en órganos de reserva tales como tubérculos.

Para la producción de plantas que sobre-expresen SS de manera constitutiva, se crearon construcciones gobernadas por la acción del promotor constitutivo 35S del virus del mosaico del tabaco. La introducción secuencial en pSS del promotor 35S y del terminador NOS en las regiones 5' y 3' de SSX, dio lugar a la producción del plásmido p35S-SS-NOS cuyo mapa de restricción se representa en la Fig. 4B.

Para poder transferir esta construcción al genoma de las plantas vía *Agrobacterium tumefaciens*, es preciso que previamente sea clonada en un plásmido binario. Para ello, p35S-SS-NOS fue digerido secuencialmente con los enzimas NotI, T4 DNA polimerasa y HindIII y se clonó dentro del plásmido binario pBIN20 (Fig. 4A) Hennegan, K.P., Danna, K.J. (1998) pBIN20: An improved binary vector for *Agrobacterium*-mediated transformation. *Plant Mol. Biol. Rep.* 16, 129-131) que previamente había sido digerido secuencialmente con los enzimas EcoRI, T4 DNA polimerasa y HindIII. El plásmido así obtenido se designó con el nombre de pBIN35S-SS-NOS (Fig. 4C).

Para sobre-expresar SS específicamente en hojas iluminadas se amplificó por PCR la región promotora del gen que codifica para la subunidad pequeña de la RUBISCO de tabaco (Barnes, S.A., Knight, J.S., Gray, J.C. (1994) Alteration of the amount of the chloroplast phosphate translocator in transgenic tobacco affects the distribution of assimilate between starch and sugar. *Plant Physiol.* 106, 1123-1129) y se introdujo en el vector pGEMT-easy (Promega), dando lugar a pGEMT-RBCS_{prom} (Fig. 5A). Esta construcción fue digerida con HindIII y NcoI y el fragmento liberado fue clonado en los sitios de restricción correspondientes de p35S-SS-NOS, dando lugar a pRBCS-SS-NOS (Fig. 5B). Esta construcción fue digerida secuencialmente con HindIII, T4 DNA polimerasa y NotI. El fragmento liberado fue clonado en pBIN20 digerido secuencialmente con HindIII, T4 DNA polimerasa y EcoRI. La construcción resultante se designó con el nombre de pBINRBCS-SS-NOS (Fig. 5C).

ES 2 342 246 B1

Tras amplificarse en *E. coli* (XL1 Blue), tanto pBIN35S-SS-NOS como pBINRBCS-SS-NOS se introdujeron en *A. tumefaciens* C58:GV2260 (Debleare, R., Bytebier, B., de Greve, H., Debroeck, F., Schell, J., van Montagu, M., Leemans, J. (1985) "Efficient octopine Ti plasmid-derived vectors of Agrobacterium mediated gene transfer to plants" Nucl. Acids Res. 13, 4777-4788) el cual fue utilizado para transformar especies tales como tomate (*Lycopersicon sculentum*), tabaco (*Nicotiana tabacum*), patata (*Solanum tuberosum*) y arroz de acuerdo a técnicas convencionales (Horsch, R.B., Fry, J.E., Hoffmann, N.L., Eichholtz, D., Rogers, S.G., Fraley, R.T. (1985) "A simple and general method for transferring genes into plants" Science 277, 1229-1231; Pozueta-Romero, J., Houlné, G., Schantz, R., Chamarro, J. (2001) "Enhanced regeneration of tomato and pepper seedling explants for Agrobacterium-mediated transformation" Plant Cell Tiss. Org. Cult. 67, 173-180; Hiei, Y., Ohta, S. Komari, T., Kumashiro, T. (1994) "Efficient transformation of rice (*Oryza sativa* L.) mediated by Agrobacterium and sequence analysis of the boundaries of the T-DNA". Plant J. 6, 271-282). La cepa de *A. tumefaciens* C58:GV2260 transformada con pBIN35S-SS-NOS fue depositada en la Colección Española de Cultivos tipo el 29 de octubre de 2003, sita en el Edificio de Investigación de la Universidad de Valencia, Campus de Burjasot, Burjasot 46100 (Valencia, España), con el n° de depósito CECT:5851.

15 *Cultivo y procesamiento de plantas transgénicas que sobre-expresan SS*

Se utilizaron plantas control no transformadas y las líneas 5, 6, 7, 10 y 12 de plantas de patata que sobre-expresan SS constitutivamente como resultado de la integración en su genoma de la construcción 35S-SS-NOS. Las plantas fueron cultivadas entre Mayo y Septiembre de 2006 en una parcela del término 25 de Sartaguda (Navarra, España). Las plantas fueron distribuidas al azar en parcelas de 50 metros cuadrados, haciendo uso de 30 plantas por línea. La separación entre carriles fue de 90 cm. La separación entre planta y planta de un mismo carril fue de 35 cm. Las medidas de almidón, 30 azúcares solubles y actividades enzimáticas tuvieron lugar según se describe en (Muñoz, F.J., Baroja-Fernández, E., Morán-Zorzano, M.T., Viale, A.M., Etxeberria, E., Alonso-Casajús, N. and Pozueta-Romero, J (2005) Sucrose synthase controls both intracellular ADPglucose levels and 35 transitory starch biosynthesis in source leaves. Plant Cell Physiol. 46, 1366-1376). Las medidas de textura se llevaron a cabo haciendo uso de un texturómetro TA-XT2Í según las instrucciones del fabricante.

30 *Elaboración de dispositivos (kits) de ensayo para determinación de sacarosa*

Uno de los kits diseñados para la determinación de sacarosa, ilustrado en el siguiente Esquema I de reacciones enzimáticas implicadas en el kit de determinación espectrofotométrica/fluorimétrica de sacarosa basado en la transformación de la sacarosa en un azúcar-nucleótido y posterior transformación de éste en glucosa-1-fosfato, glucosa-6-fosfato y NAD(P)H.

El kit está basado en la acción de la SS sobre la molécula de sacarosa en presencia de un nucleótido difosfato (ej. UDP o el ADP), liberando cantidades equimolares de fructosa y el azúcar-nucleótido correspondiente. Si el azúcar-nucleótido resultante de la reacción es UDPG, éste se somete a la acción de enzimas hidrolíticas del UDPG tales como la UDPG pirofosfatasa de tipo Nudix (EC 3.6.1.45) (Yagi, T., Baroja-Fernández, E., Yamamoto, R., Muñoz, F.J., Akazawa, T., Pozueta-Romero, J. (2003) Cloning, expression and characterization of a mammalian Nudix hydrolase-like enzyme that cleaves the pyrophosphate bond of UDP-glucose. Biochem. J. 370, 409-415) o la UDPG hidrolasa (Burns, D.M., Beacham, I.R. (1986) Nucleotide sequence and transcriptional analysis of the *E. coli* ushA gene, encoding periplasmic UDP-sugar hydrolase (5'-nucleotidase): regulation of the ushA gene, and the signal sequence of its encoded protein product. Nucl. Acids Res. 14, 4325-4342). La G1P liberada por acción de estos enzimas hidrolíticos es transformada por acción de la fosfoglucomutasa (PGM), rindiendo glucosa-6-fosfato (G6P), que a su vez puede hacerse reaccionar acopladamente con NAD(P)+ por acción del enzima G6P deshidrogenasa (G6PDH), obteniéndose 6-fosfogluconato y NAD(P)H, fácilmente determinable por fluorimetría y por espectrofotometría a 340 nm. A su vez, el NAD(P)H liberado puede acoplarse a la acción de la FMN-oxidoreductasa/luciferasa, rindiendo luz que es cuantificada espectrofotométricamente.

Alternativamente, y tal y como se ilustra en el esquema II, el UDPG producido puede acoplarse con la UDPG deshidrogenasa (EC 1.1.1.22) que, en presencia de NAD, da lugar a cantidades equimolares de UDP-glucuronato y NADH determinable por fluorimetría o por espectrofotometría a 340 nm. A su vez, el NADH liberado puede acoplarse a la acción de la FMN-oxidoreductasa/luciferasa, rindiendo luz que es cuantificada espectrofotométricamente.

Si el producto de la reacción catalizada por la SS es ADPG, éste se somete a la acción de enzimas hidrolíticas del ADPG tales como la ADPG pirofosfatasa bacteriana (EC 3.6.1.21) (Moreno-Bruna, B., Baroja-Fernández, E., Muñoz, F.J., Bastarrica-Berasategui, A., Zanduetta-Criado, A., Rodríguez-López, M., Lasa, I., Akazawa, T., Pozueta-Romero, J. (2001) Adenosine diphosphate sugar pyrophosphatase prevents glycogen biosynthesis in *Escherichia coli*. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 98, 8128-8132). La G1P liberada es transformada por acción de la fosfoglucomutasa, rindiendo glucosa-6-fosfato (G6P), que a su vez puede hacerse reaccionar acopladamente con NAD(P)+ por acción del enzima G6P deshidrogenasa, obteniéndose 6-fosfogluconato y NAD(P)H, fácilmente determinable por fluorimetría o espectrofotometría a 340 nm.

En cualquier caso, los esquemas de reacciones enzimáticas acopladas a la producción de un azúcar-nucleótido por mediación de la SS, son perfectamente susceptibles de ser aplicados a la detección amperométrica.

Ejemplos de realización de la invención

Se describen a continuación ejemplos en los que se muestra detalladamente el procedimiento de clonaje de un cDNA que codifica para una isoforma de SS de patata en un vector de expresión adecuado y en una cepa de *E. coli* optimizada para la producción y acúmulo del enzima en su forma activa. Otros ejemplos muestran la utilización de la SS recombinante para la producción de kits (dispositivos de ensayo) de determinación de sacarosa en muestras vegetales, suero, orina, zumos, néctares, bebidas refrescantes, etc.. Otro ejemplo muestra la utilización de versiones de SS optimizadas para la producción a gran escala de azúcares-nucleótidos tales como UDPG y ADPG. Por último otro ejemplo muestra la obtención de plantas con alto contenido en sacarosa, ADPG y almidón como resultado de la alta actividad productora de ADPG en plantas que sobreexpresan la SS.

Ejemplo 1

Expresión en Escherichia coli BLR (DE3) de una SS recombinante con una cola de histidinas, fácilmente purificable y de alta actividad específica

El conocimiento de la secuencia nucleotídica del gen SS4 que codifica para una isoforma de SS de patata permitió la creación de dos cebadores específicos cuyas secuencias son, en sentido 5' - 3', SEQ ID NO: 1 y SEQ ID NO: 2. Haciendo uso de estos cebadores se amplificó por métodos convencionales de PCR un fragmento de DNA, designado como SSX, a partir de una genoteca de cDNA de tubérculo de patata, que se introdujo en un plásmido pSK Bluescript (Stratagene) el cual fue amplificado en la bacteria hospedadora XL1 Blue. La secuencia nucleotídica de SSX es SEQ ID NO: 3 que es ligeramente diferente a SS4 (número de acceso en GenBank U24087). La secuencia aminoacídica deducida de SEQ ID NO: 3 es ligeramente diferente a SS4 y por ello se designa con el nombre de SSX. La secuencia aminoacídica deducida tras la expresión de SEQ ID NO: 3 en el plásmido pET-28a(+) es SEQ ID NO: 4, la cual incluye una secuencia de 38 aminoácidos rica en histidinas fusionada con el extremo amino-terminal de la secuencia aminoacídica deducida de SEQ ID NO: 3.

La inducción de la producción de SSX en bacterias BL21(DE3) transformadas con pET-SS tuvo lugar al añadir 1 mM IPTG. Tras seis horas adicionales de cultivo a 37°C, se observó que las bacterias transformadas con pET-SS acumulaban una proteína en forma agregada cuyo tamaño se corresponde al de la SS. Sin embargo, tales bacterias no tenían actividad SS. Tal fracaso en la expresión de una forma activa de SS es atribuible a los problemas que posee *E. coli* en el correcto plegado de algunas proteínas eucariotas de alto peso molecular (Miroux, B., Walker, J.E. (1996) "Over-production of proteins in *Escherichia coli*: mutant hosts that allow synthesis of some membrane proteins and globular proteins at high levels" *J. Mol. Biol.* 260, 289-298). Con el fin de superar este problema, se investigó la capacidad de producción de SS activa en otras cepas bacterianas y a una temperatura de 20°C. En todas ellas la inducción de la producción de SSX tuvo lugar al añadir 1 mM de IPTG. Tras 6 horas de incubación adicional, las bacterias fueron sonicadas y centrifugadas. El sobrenadante resultante fue analizado para la actividad SS. En estas condiciones, tal y como se ilustra en la Fig. 6, la cepa BLR(DE3) resultó ser la más eficiente desde el punto de vista de la producción de SS activa y soluble. La cepa de *E. coli* BLR(DE3) (Novagen) transformada con pET-SS fue depositada en la Colección Española de Cultivos tipo el 29 de octubre de 2003, con el nº de depósito CECT:5850. La contribución de la SSX recombinante en el pool proteico total de CECT:5850 es de aproximadamente un 20%, frente a la muy escasa productividad de SS recombinante (30 microgramos por gramo de bacteria) descrita en la literatura (Nakai, T., Tonouchi, N., Tsuchida, T., Mori, H., Sakai, F., Hayashi, T. (1997) "Expression and characterization of sucrose synthase from mung bean seedlings in *Escherichia coli*" *Biosci. Biotech. Biochem.* 61, 1500-1503; Li, C.R., Zhang, X.B., Hew, C.S. (2003) Cloning, characterization and expression analysis of a sucrose synthase gene from tropical epiphytic orchid *Oncidium Goldiana*. *Physiol. Plantarum* 118, 352-360). El sobrenadante se hizo pasar a través de la columna de afinidad "His-Bind" (Novagen) en la que se queda retenida específicamente la proteína recombinante poseedora de una cola de histidinas. Tras eluir y dializar la SS purificada, ésta fue incubada con 50 mM HEPES, pH 7.0/1 mM EDTA/20% polyethylenglycol/1 mM MgCl₂/15 mM KCl/2 mM UDP. La actividad específica, estimada en términos de producción de UDPG, era de 80 unidades/mg de proteína, muy superior a la actividad de 0.05-5 unidades/mg de SS recombinante descrita en la literatura (Nakai, T., Tonouchi, N., Tsuchida, T., Mori, H., Sakai, F., Hayashi, T. (1997) "Expression and characterization of sucrose synthase from mung bean seedlings in *Escherichia coli*" *Biosci. Biotech. Biochem.* 61, 1500-1503; Li, C.R., Zhang, X.B., Hew, C.S. (2003) Cloning, characterization and expression analysis of a sucrose synthase gene from tropical epiphytic orchid *Oncidium Goldiana*. *Physiol. Plantarum* 118, 352-360; Römer, U., Schrader, H., Günther, N., Nettelstroth, N., Frommer, W.B., Elling, L. (2004) Expression, purification and characterization of recombinant sucrose synthase I from *Solanum tuberosum* L. For carbohydrate engineering. *J. Biotechnology* 107, 135-149) y superior a 3 unidades/mg correspondiente a la SS purificada desde extractos vegetales (Pressey R (1969) Potato sucrose synthase: purification, properties, and changes in activity associated with maturation. *Plant Physiol.* 44, 759-764). La unidad se define como la cantidad de enzima que cataliza la producción de un micromol de UDPG por minuto. La afinidad por UDP en presencia de 500 mM sacarosa fue de Km(UDP)= 0.25 mM, mientras que la Km por sacarosa fue de 30 mM en presencia de 1 mM UDP. Esta afinidad por sacarosa en presencia de UDP es significativamente superior a la mostrada por la SS recombinante obtenida en levaduras (Km= 95 mM, Römer, U., Schrader, H., Günther, N., Nettelstroth, N., Frommer, W.B., Elling, L. (2004) Expression, purification and characterization of recombinant sucrose synthase I from *Solanum tuberosum* L. For carbohydrate engineering. *J. Biotechnology* 107, 135-149).

ES 2 342 246 B1

Ejemplo 2

Producción de UDPG y ADPG a gran escala a partir de la utilización de SS recombinante de E. coli

5 La producción económica y eficiente de 3 gramos de UDPG de alta pureza tuvo lugar tras la incubación durante 12 horas a 37°C de 100 mililitros de una solución con 1 M sacarosa, 50 mM HEPES, pH 7.0/1 mM EDTA/20% polyethylenglycol/1 mM MgCl₂/15 mM KCl/100 mM UDP y 30 unidades de SS recombinante de patata obtenida tras la expresión de pET-SS en BLR(DE3) y posterior purificación. La reacción finalizó tras calentar la solución a 100°C durante 90 segundos y posterior centrifugación a 10.000 g durante 10 minutos. El sobrenadante se aplicó a un cromatógrafo HPLC (Waters Associate's) a escala preparativa y el UDPG se purificó según se describe en la literatura (Rodríguez-López, M., Baroja-Fernández, E., Zandueta-Criado, A., Pozueta-Romero, J. (2000) Adenosine diphosphate glucose pyrophosphatase: a plastidial phosphodiesterase that prevents starch biosynthesis. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 97, 8705-8710).

15 La producción de ADPG requirió la generación de una forma mutada de SS con una afinidad por el ADP mucho mayor que la descrita para la SS extraída desde tejidos vegetales (Pressey R (1969) Potato sucrose synthase: purification, properties, and changes in activity associated with maturation. Plant Physiol. 44, 759-764; Nguyen-Quock B., Krivitzky, M., Huber, S. C., Lechary, A. (1990) Sucrose synthase in developing maize leaves. Plant Physiol. 94, 516-523; Morell, M., Copeland, L. (1985) Sucrose synthase of soybean nodules. Plant Physiol. 78, 149-154).

20 Tal isoforma, designada como SS5 se obtuvo mediante mutagénesis puntual de SSX haciendo uso del kit Quick-Change Site-directed Mutagenesis (Stratagene) y utilizando secuencialmente las siguientes parejas de cebadores cuyas secuencias son [SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 6], [SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 8] y [SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 10]. La secuencia nucleotídica obtenida, designada como SS5, es SEQ ID NO: 11. Los cambios en la secuencia aminoacídica de SS5 (SS 5) respecto a SS4-SS 4-(existente en bancos de datos) se ilustran a continuación en la Tabla 1 sombreados. La secuencia aminoacídica deducida tras la expresión de SEQ ID NO: 11 en el plásmido pET-28a(+) es SEQ ID NO: 12, la cual incluye una secuencia de 38 aminoácidos rica en histidinas fusionada con el extremo amino-terminal de la secuencia aminoacídica deducida de SEQ ID NO: 11.

30 En la Tabla 1 se incluye dicha secuencia de 38 aminoácidos rica en histidinas fusionada a la parte amino-terminal de SS5.

35 La SS5 recombinante obtenida tras la expresión de pET-SS5 tuvo una V_{max} de 80 unidades/mg de proteína y 65 unidades/mg de proteína en presencia de UDP y ADP, respectivamente. Las afinidades por UDP y ADP en presencia de 500 mM sacarosa resultaron ser similares (K_m= 0.2 mM tanto para ADP como para UDP), mientras que la K_m por sacarosa fue de 30 mM y 100 mM en presencia de concentraciones saturantes de UDP y ADP, respectivamente. Estos parámetros cinéticos son muy diferentes a los descritos para la SS extraída desde tubérculo de patata y otros órganos de otras especies, según los cuales la V_{max} del enzima es 10 veces superior en presencia de UDP que en presencia de ADP (Pressey R (1969) Potato sucrose synthase: purification, properties, and changes in activity associated with maturation. Plant Physiol. 44, 759-764; Morell, M., Copeland, L. (1985) Sucrose synthase of soybean nodules. Plant Physiol. 78, 149-154; Nguyen-Quoc, B., Krivitzky, M., Huber, S.C., Lechary, A. (1990) Sucrose synthase in developing maize leaves. Plant Physiol. 94, 516-523). La cepa de *E. coli* XL1 Blue transformada con pSS5 fue depositada en la colección Española de Cultivos Tipo con el n° de depósito CECT:5849.

45 La producción económica y eficiente de 3 gramos de ADPG de alta pureza tuvo lugar tras la incubación durante 12 horas a 37°C de 100 mililitros de una solución con 1 M sacarosa, 50 mM HEPES, pH 7.0/1 mM EDTA/20% polyethylenglycol/1 mM MgCl₂/15 mM KCl/100 mM ADP y 30 unidades de SS recombinante de patata obtenida tras la expresión de pET-SS5 en BLR(DE3) y posterior purificación en una columna His-bind. La reacción finalizó tras calentar la solución a 100°C durante 90 segundos y posterior centrifugación a 10.000 g durante 10 minutos. El sobrenadante se aplicó a un cromatógrafo HPLC (Waters Associate's) a escala preparativa para la purificación del ADPG.

Ejemplo 3

Elaboración de kits enzimáticos de determinación de sacarosa

60 Para la determinación de sacarosa se elaboraron los siguientes cocktails de reacción con los siguientes elementos y cantidades/concentraciones finales:

1. Kits basados en la utilización de enzimas hidrolíticos de azúcares-nucleótidos

- a. 2 unidades de SS (recombinante o no)
- 65 b. 2 mM de ADP o UDP (según se produzca ADPG o UDPG, respectivamente)
- c. 2 unidades de ADPG pirofosfatasa o 2 unidades de UDPG pirofosfatasa (según se incluya en el cocktail de reacción ADP o UDP, respectivamente)

ES 2 342 246 B1

- d. 2 unidades de PGM
- e. 2 unidades de G6PDH
- 5 f. 0.5 mM de NAD(P)
- g. tampón de reacción: 50 mM HEPES, pH 7.0/1 mM EDTA/20% polyethylenglycol/1 mM MgCl₂/15 mM KCl
- 10 h. muestra problema previamente filtrada

2. Kit basado en la utilización de la UDPG deshidrogenasa

- 15 a. 2 unidades de SS (recombinante o no)
- b. 2 mM de UDP
- c. 2 unidades de UDPG deshidrogenasa
- 20 d. 0.5 mM de NAD
- e. tampón de reacción: 50 mM HEPES, pH 7.0/1 mM EDTA/20% polyethylenglycol/1 mM MgCl₂/15 mM KCl
- 25 f. muestra problema previamente filtrada.

La determinación de la cantidad de sacarosa presente en la muestra problema se basa en la determinación fluorométrica o espectrofotométrica a 340 nm del NAD(P)H producido según las reacciones acopladas ilustradas en los esquemas I y II. Para la determinación del contenido de sacarosa en semillas de cebada con diferentes grados de desarrollo (Figura 7), las reacciones tuvieron lugar en pocillos de 300 microlitros de una placa de Elisa durante 3 minutos a 37°C. El volumen de muestra problema fue de 20 microlitros, mientras que el volumen del cocktail resultante de la combinación de los reactivos a-g (kit #1) y a-e (kit #2) fue de 280 microlitros. Los blancos contenían todos los componentes del cocktail excepto la SS. La medición tuvo lugar en un espectrofotómetro MultiSkan. Los valores obtenidos, tanto por el kit de tipo "1" como por el kit de tipo "2" resultaron ser comparables a los determinados haciendo uso de técnicas cromatográficas descritas en la introducción (Baroja-Fernández, E., Muñoz, F.J., Saikusa, T., Rodríguez-López, M., Akazawa, T., Pozueta-Romero, J. (2003) Sucrose synthase catalyzes the de novo production of ADPglucose linked to starch biosynthesis in heterotrophic tissues of plants. *Plant Cell Physiol.* 44, 500-509).

40

Ejemplo 4

Obtención de plantas transgénicas que sobreexpresan SS

45 Las Figuras 8-10 ilustran los resultados obtenidos en hojas de plantas de patata que sobreexpresan la SS tanto de manera constitutiva (35S-SS-NOS), como de manera específica (RBCS-SS-NOS).

Tal y como se ilustra en la Fig. 8, la actividad SS en las hojas de cualquiera de estas plantas es 2-10 veces superior a la existente en el mismo órgano de una planta silvestre (WT). Tales hojas presentaron las siguientes características:

50

1. Clara correlación entre la actividad SS productora de ADPG (Fig. 8) y niveles de almidón (Fig. 9) y ADPG (Fig. 10). Tal característica se observó no solamente en hojas, sino también en tejidos de reserva tales como tubérculos y semillas (ver después).
- 55 2. Alto contenido en almidón (Fig. 9) respecto a hojas de plantas silvestres. Así por ejemplo, el contenido en almidón de una hoja de planta de patata "silvestre" crecida en un fotoperíodo de 8 horas luz/16 horas oscuridad y a 20°C es de 5 micromoles/gramo de peso fresco, mientras que en una hoja de una planta transgénica que sobreexpresa la SS es de 8 micromoles/gramo peso fresco. Las diferencias entre plantas silvestres y transgénicas se acentúan cuando el fotoperíodo es largo, de tal modo que las hojas de una planta que sobreexpresa SS contiene 4 veces más almidón que las de una silvestre.
- 60 3. Alto contenido en ADPG respecto al mismo tejido u órgano de la planta no transformada (Fig. 10). El contenido promedio de una hoja de planta de patata silvestre crecida en un fotoperíodo de 8 horas luz/16 horas oscuridad y a 20°C es de 0.35 nanomoles/gramo de peso fresco, mientras que las hojas de las plantas que sobreexpresan SS pueden tener un contenido de 2.5 nanomoles/gramo de peso fresco.
- 65

4. Tanto el ADPG como el almidón se acumulan de manera transitoria a lo largo del fotoperíodo (Fig. 11). La tasa de acúmulo de ambas sustancias guarda una correlación positiva con la actividad SS, indicando que, contrariamente a lo que el modelo “clásico” de biosíntesis de almidón sugiere (Fig. 2A) y confirmando las tesis del modelo “alternativo” ilustrado en la Fig. 2B, la SS juega un papel fundamental en la producción de ADPG y en la conexión del metabolismo de la sacarosa con el metabolismo del almidón.

5. Niveles normales de azúcares solubles tales como glucosa y fructosa. Sin embargo, los niveles de glucose-6-P y sacarosa en hojas transgénicas son superiores a los observados en las hojas de patata silvestres. La Tabla 2 muestra los niveles de metabolitos (reflejados en nmol/g peso fresco) en hojas de plantas control (WT) y 35S-SS-NOS source leaves. Valores significativamente diferentes a los observados en WT se indican en negrita.

6. La morfología externa de las plantas que sobreexpresan SS no es aberrante, tras ser comparada con la de las plantas no transformadas.

Las Figuras 12-14 ilustran los resultados obtenidos en tubérculos de patata que sobreexpresan la SS de manera constitutiva (35S-SS-NOS). Tales resultados son esencialmente idénticos a los observados en tubérculos que sobreexpresan la SS bajo el control de un promotor específico de tubérculo (promotor del gen de la patatina).

Tal y como se ilustra en la Fig. 12, la actividad SS en los tubérculos de cualquiera de estas plantas es superior a la existente en el mismo órgano de una planta silvestre. Tales tubérculos presentaron las siguientes características:

1. Clara correlación entre la actividad SS productora de ADPG (Fig. 12) y niveles de almidón (Fig. 13) y ADPG (Fig. 14).

2. Alto contenido en almidón (Fig. 13) respecto a tubérculos de plantas no transformadas. Así por ejemplo, el contenido en almidón de tubérculo de planta “silvestre” es de 300 micromoles/gramo de peso fresco, mientras que en tubérculo que sobreexpresa la SS es de 450-600 micromoles/gramo peso fresco.

3. Alto contenido en ADPG respecto a tubérculos de plantas silvestres (Fig. 14). El contenido promedio de un tubérculo silvestre es de 5 nanomoles/gramo de peso fresco, mientras que los tubérculos que sobreexpresan SS pueden tener un contenido de 7-9 nanomoles/gramo de peso fresco.

Los resultados obtenidos en semillas de arroz, maíz, cebada y trigo, hojas de tomate y tabaco, así como en frutos de tomate, son cualitativamente similares a los mostrados en las Figuras 8-14. En todo caso se dio un incremento del contenido de almidón.

La producción de plantas con alto contenido en ADPG y almidón tras sobre-expresar SS es un resultado totalmente inesperado según la percepción actual de la biosíntesis del almidón (ilustrado en las Figs. 1A y 2A) y quizás ello explica por qué no se han diseñado hasta ahora plantas que sobre-expresen SS como estrategia de incremento de producción de almidón. Los resultados obtenidos a partir de este trabajo sugieren que la SS, pero no la AGPasa, es la fuente fundamental de ADPG que se acumula en las plantas. Según los modelos aún vigentes, la AGPasa es la única fuente de ADPG. Sorprendentemente sin embargo, los niveles de ADPG jamás han sido investigados en plantas deficitarias en AGPasa. Para explorar la relevancia de nuestra invención hemos analizado por primera vez los niveles de ADPG y almidón en plantas de Arabidopsis y patata con reducida actividad AGPasa. Tal y como se ilustra en la Fig. 15A, los niveles de almidón en plantas TL25 de arabidopsis deficitarias en AGPasa (Lin, T.P., Caspar, T., Somerville, C.R., Preiss, J. (1988) Isolation and characterization of a starchless mutant of *Arabidopsis thaliana* lacking ADPglucose pyrophosphorylase activity. *Plant Physiol.* 88, 1131-1135) son reducidos respecto a los observados en las plantas WT. Sin embargo, los niveles de ADPG son normales (Fig. 15B). Por otro lado, los niveles de almidón en plantas AGP62 y AGP85 de patata (Müller-Röber, B., Sonnwald, U., Willmitzer, L. (1992) Inhibition of the ADPglucose pyrophosphorylase in transgenic potatoes leads to sugar-storing tubers and influences tuber formation and expression of tuber storage protein genes. *EMBO J.* 11, 1229-1238) son reducidos con respecto a los observados en hojas de plantas silvestres (Fig. 16A). Sin embargo, los niveles de ADPG son totalmente normales (Fig. 16B). En conjunto, todas estas observaciones (a) demuestran que SS, pero no AGPasa, es la fuente principal de ADPG en plantas y (b) contrastan la relevancia de nuestra invención tras demostrar que la sobreexpresión de SS da lugar a plantas con alto contenido en almidón.

Ejemplo 5

Producción en campo de plantas transgénicas de patata con alta actividad SS que poseen altos rendimientos de peso seco y almidón y que producen tubérculos con elevada textura, elevado contenido en almidón y elevado contenido en peso seco

Las Figuras 17-19 ilustran los resultados obtenidos en tubérculos de plantas 35S-SS-NOS de patata cultivadas en campo que sobre-expresan SS de manera constitutiva. Tales resultados son esencialmente idénticos a los observados en tubérculos que sobre-expresan SS bajo el control de un promotor específico de tubérculo (promotor del gen de la patatina).

ES 2 342 246 B1

La morfología externa de las plantas que sobreexpresan SS no es aberrante, tras ser comparada con la de las plantas no transformadas. Tal y como se ilustra en la Fig. 17, la actividad SS en los tubérculos de cualquiera de estas plantas es 1.5-2 veces superior a la existente en el mismo órgano de una planta silvestre. Además, tales tubérculos presentaron un incremento de 35%-80% en el contenido en ADPG (Figura 18) y de un 40%-55% en el contenido en almidón (Figura 19). Así por ejemplo, el contenido en almidón de tubérculo de las plantas control es de aproximadamente 450 micromoles de glucosa/gramo de peso fresco, mientras que en los tubérculos de las plantas que sobreexpresan SS es de 600-670 micromoles de glucosa/gramo de peso fresco. Por otro lado, el contenido promedio de ADPG de un tubérculo control es de 4.5 nanomoles/gramo de peso fresco, mientras que los tubérculos que sobreexpresan SS pueden tener un contenido de ADPG de 5.5-8 nanomoles/gramo de peso fresco. Al igual que ocurre con el almidón, el aumento de la actividad SS da lugar a tubérculos con una mayor textura que los tubérculos control (Tabla 3). La Tabla 3 muestra parámetros cualitativos (textura) y cuantitativos (peso fresco, peso seco y contenido en almidón) de tubérculos de plantas control y plantas que sobre-expresan SS. Los resultados recogen la media y desviación típica de 90 plantas diferentes por línea. Los valores significativamente diferentes a los registrados en plantas control se indican en negrita.

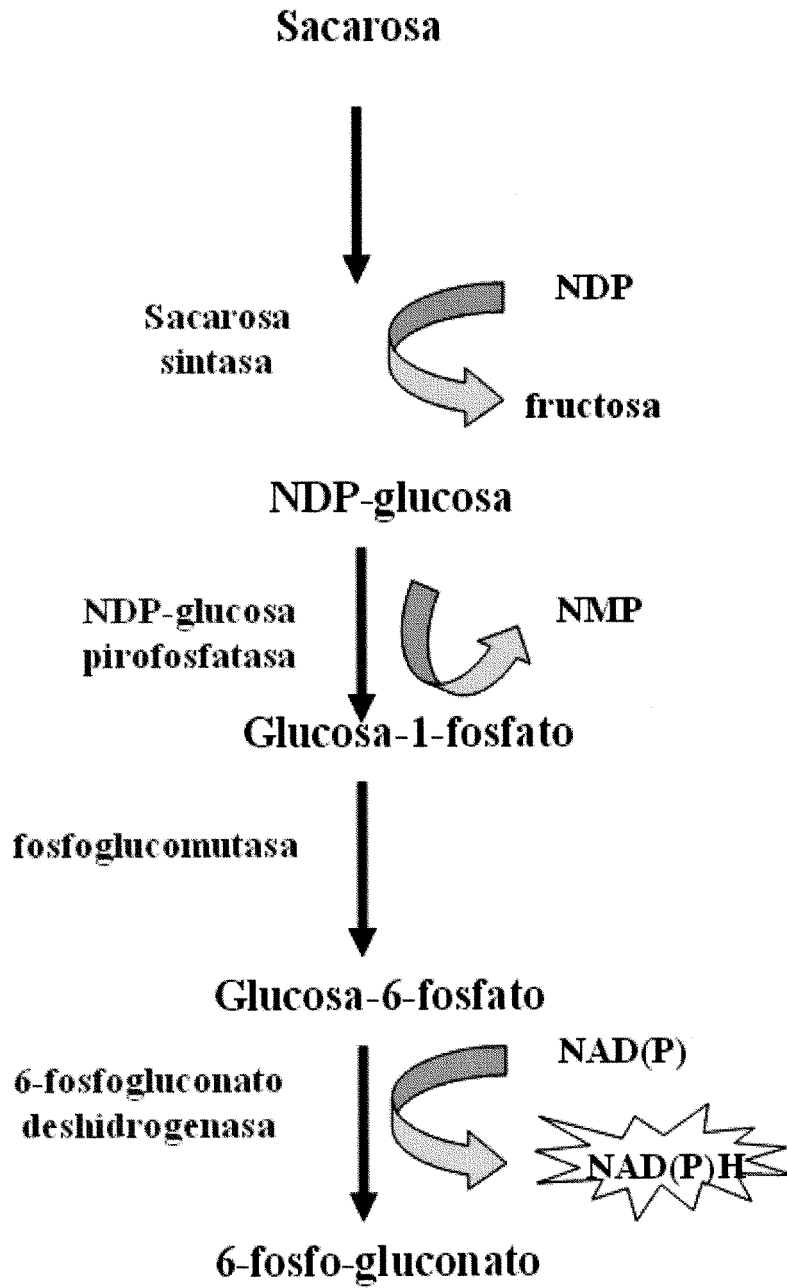
Los datos de productividad por unidad de superficie indican que, si bien la productividad en Kg de peso fresco por hectárea no se ve alterada por la sobre-expresión de SS (tanto las plantas control como las transgénicas producen entre 54 y 62 toneladas de tubérculos por hectárea), tanto el peso seco como el almidón se ven significativamente incrementados por la sobre-expresión de SS (Tabla 3). Así, en la campaña de 2006 el peso seco de tubérculos producido por hectárea por las plantas control fue de 9606 ± 543 kilogramos, mientras que el peso seco de 5 líneas que sobre-expresan SS varió entre $10,248 \pm 579$ y $12,078 \pm 1,046$ kilogramos por hectárea. Por otro lado, el almidón de tubérculos producido por hectárea por las plantas control fue de $4,468 \pm 181$, mientras que el almidón de tubérculos que sobre-expresan SS varió entre $6,022 \pm 20 179$ y $7,466 \pm 180$ kilogramos por hectárea.

Los datos de productividad (tanto de peso seco como de almidón) por planta son consistentes con los obtenidos por unidad de superficie. Así, una planta control produce 191.7 ± 22.13 gramos de peso seco por planta, mientras que las plantas que sobre-expresan SS producen entre 222.6 ± 14.18 y 264.6 ± 41.76 gramos de peso seco por planta. Por otro lado, mientras que una planta control produce 134.0 ± 7.78 gramos de almidón por planta, las plantas que sobreexpresan SS producen entre 180.7 ± 7.67 y 224.0 ± 7.70 gramos de almidón por planta.

(Esquema pasa a página siguiente)

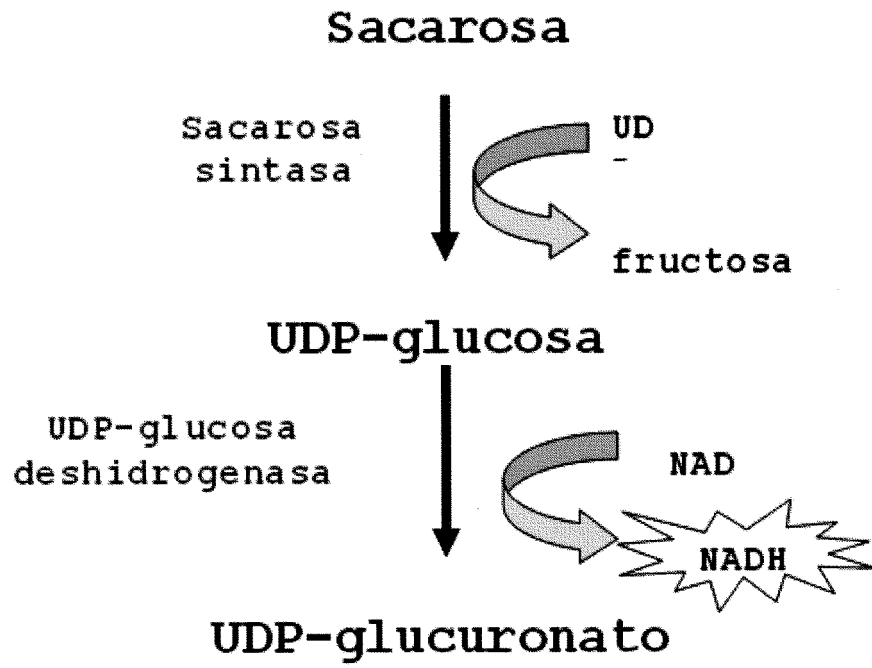
Esquema I

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65



Esquema II

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65



ES 2 342 246 B1

TABLA 1

5	Q	-----Q-----	Su3y 4 ^c
	1	MGSSNNHHHHSSGLVPRGSHMASHTGGQQN	Su3y 5
	2	-----MAERVLTRVHSLRERVDATLAAHR	Su3y 4
	31	GRGSEFMAERVLTRVHSLRERVDATLAAHR	Su3y 5
10	25	NEILLPLLSRIESHGKGI LKPHSELLAEFDAI	Su3y 4
	61	NEILLPLLSRIESHGKGI LKPHSELLAEFDAI	Su3y 5
	55	RQDDKKNKLNHAFEE LLKSTQEAI VLP P WV	Su3y 4
	91	RQDDKKNKLNHAFEE PLKSTQEAI VLP P WV	Su3y 5
	85	ALAIRLRPGVWEYIRVNVNALVVEELSVPE	Su3y 4
	121	ALAIRLRPGVWEYIRVNVNALVVEELSVPE	Su3y 5
15	115	YLPFKEEELVDGASNGNPFVLELDFEPPTASFP	Su3y 4
	151	YLPFKEEELVDGASNGNPFVLELDFEPPTASFP	Su3y 5
	145	PKPTLTKSIGNGVEFLNRHLSAKMFDKES	Su3y 4
	181	PKPTLTKSIGNGVEFLNRHLSAKMFDKES	Su3y 5
20	175	MTPLLLEFLRAHHYKGTMMMLNDRIQNSNTL	Su3y 4
	211	MTPLLLEFLRAHHYKGTMMMLNDRIQNSNTL	Su3y 5
	205	QNVLRKAAEYLIHMLPPEPYPPEHKKFQEI	Su3y 4
	241	QNVLRKAAEYLIHMLPPEPYPPEHKKFQEI	Su3y 5
	235	GLEKGWGDTAERVLEMVCM LLDLLEAPDSC	Su3y 4
	271	GLEKGWGDTAERVLEMVCM LLDLLEAPDSC	Su3y 5
25	265	TLEKPLGRIPMVFN VILSPHGYFAQENVL	Su3y 4
	301	TLEKPLGRIPMVFN VILSPHGYFAQENVL	Su3y 5
	295	GYPDTGGQVVYILDQVPALEREHLKRIKEQ	Su3y 4
	331	GYPDTGGQVVYILDQVPALEREHLKRIKEQ	Su3y 5
	325	GLDIIPRILIVTRLLPDAVGTTCCGRIEKV	Su3y 4
	361	GLDIIPRILIVTRLLPDAVGTTCCGRIEKV	Su3y 5
30	355	YGAEHSHILRVPPRTEKGI VRKWI SRPEVW	Su3y 4
	391	YGAEHSHILRVPPRTEKGI VRKWI SRPEVW	Su3y 5
	385	PYMETPIEDVAKEISAE LQAKPDL IIGNYS	Su3y 4
	421	PYMETPIEDVAKEISAE LQAKPDL IIGNYS	Su3y 5 ^c
35	415	EGNLAASLLAHKLGVTQCTIAHALEKTKYP	Su3y 4
	451	EGNLAASLLAHKLGVTQCTIAHALEKTKYP	Su3y 5
	445	DSDIYWKKKPFDEKYHFPSSQPTADLIAMNHTD	Su3y 4
	481	DSDIYWKKKPFDEKYHFPSSQPTADLIAMNHTD	Su3y 5
	475	FIIITSTFQEIAGSKD TVGQYESHMAFTMPG	Su3y 4
	511	FIIITSTFQEIAGSKD TVGQYESHMAFTMPG	Su3y 5
40	505	LYRVVHG INVFPDPKPNIVSPGADINLYFSY	Su3y 4
	541	LYRVVHG INVFPDPKPNIVSPGADINLYFSY	Su3y 5
	535	SETEKRLTAPHPEIDELLYSDVENDEHL CV	Su3y 4
	571	SETEKRLTAPHPEIDELLYSDVENDEHL CV	Su3y 5
	565	LKDRTKPILPFTMARLDRVKNLTGLVEWYAK	Su3y 4
45	601	LKDRTKPILPFTMARLDRVKNLTGLVEWYAK	Su3y 5
	595	NPRLRGLVNLVVG GDRRKESKDLEEQ AEM	Su3y 4
	631	NPRLRGLVNLVVG GDRRKESKDLEEQ AEM	Su3y 5
	625	KKMYELIETHNLNGQFRWISSQMN RV RNGE	Su3y 4
	661	KKMYELIETHNLNGQFRWISSQMN RV RNGE	Su3y 5
50	655	LYRYIADTKGAFVQPAFYEA PGLTVVEAMT	Su3y 4
	691	LYRYIADTKGAFVQPAFYEA PGLTVVEAMT	Su3y 5
	685	CGLPTPATNHGGPAEII VHGKSGPHIDPYH	Su3y 4
	721	CGLPTPATNHGGPAEII VHGKSGPHIDPYH	Su3y 5
	715	GEQAADLLADFPPEKCKKDP SHWETISM GGL	Su3y 4
	751	GEQAADLLADFPPEKCKKDP SHWETISM DGL	Su3y 5
55	745	KRIEEKYTWQIYSES LLTLAAVYGF WKHVS	Su3y 4
	781	KRIEEKYTWQIYSES LLTLAAVYGF WKHVS	Su3y 5
	775	KLDRL EIRRYLEM P YALKYRKMAEAVPLAA	Su3y 4
	811	KLDRL EIRRYLEM P YALKYRKMAEAVPLAA	Su3y 5
60	805	E	Su3y 4
	841	E	Su3y 5

ES 2 342 246 B1

TABLA 2

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
55
60
65

	Control	35S-SS-NOS					
	WT	6	5	12	3	4	7
<u>Glucosa</u>	848 ± 31	922 ± 29	860 ± 30	933 ± 29	881 ± 56	895 ± 32	871 ± 60
<u>Fructosa</u>	996 ± 43	1,035 ± 67	1,094 ± 17	1,022 ± 10	1067 ± 58	1078 ± 63	817 ± 41
<u>Sacarosa</u>	1,012 ± 27	1,529 ± 48	1,402 ± 68	1,642 ± 58	1,307 ± 35	1,317 ± 35	1,391 ± 70
<u>Glucosa-6-P</u>	244 ± 28	309 ± 15	280 ± 25	271 ± 27	355 ± 23	298 ± 12	315 ± 9.8
<u>Glucosa-1-P</u>	22.7 ± 1.9	15.5 ± 2.1	10.3 ± 1.1	9.9 ± 1.2	9.5 ± 1.5	15.2 ± 1.9	11.4 ± 1.8

ES 2 342 246 B1

TABLA 3

	Planta silvestre	Plantas transgénicas (35S-SS-NOS)				
		12	6	5	10	7
Textura del tubérculo (Newtons)	247.8 ± 4.23	311.4 ± 9.22	286.4 ± 10.21	285.7 ± 12.77	305.3 ± 10.78	294.9 ± 9.90
DW del tubérculo (% FW)	17.7 ± 0.20	18.8 ± 0.33	19.0 ± 0.22	19.0 ± 0.31	19.2 ± 0.33	18.9 ± 0.19
Almidón del tubérculo (% FW)	8.1	12.6	12.5	11.8	11.25	11.5
FW del tubérculo (g/planta)	1,083 ± 125	1,271 ± 105	1,394 ± 220	1,293 ± 156	1,318 ± 92	1,178 ± 77
DW del tubérculo (g/planta)	191.7 ± 22.13	238.9 ± 19.74	264.6 ± 41.76	252.1 ± 30.42	253.1 ± 17.66	222.6 ± 14.18
Almidón del tubérculo (g/planta)	134.0 ± 7.78	198.9 ± 24.63	224.0 ± 7.70	212.2 ± 3.45	194.6 ± 19.02	180.7 ± 7.67
FW del tubérculo (kg/Hectárea)	54,271 ± 8,929	54,292 ± 10,464	62,295 ± 8,324	60,368 ± 9,284	58,662 ± 6,055	54,222 ± 5,031
DW del tubérculo (kg/Hectárea)	9,606 ± 543	10,078 ± 1,046	11,824 ± 1,141	11,772 ± 1,136	11,263 ± 1,087	10,248 ± 579
Almidón del tubérculo (kg/Hectárea)	4,468 181	6,630 ± 575	7,466 ± 180	7,072 ± 81	6,485 ± 444	6,022 ± 179

DW= peso seco
FW= peso fresco

REIVINDICACIONES

5 1. Plantas transgénicas con alta actividad SS **caracterizadas** por haber sido transformadas con una construcción
génica que codifica para la enzima SS y por presentar rendimientos en peso seco y en almidón, superiores a los
observados en las correspondientes plantas silvestres.

10 2. Plantas transgénicas según la reivindicación 1 **caracterizadas** por que se han transformado con la construcción
génica 35S-SS-NOS.

10 3. Plantas transgénicas, según la reivindicación 2, **caracterizadas** porque sus órganos de reserva presentan un
rendimiento en almidón y en peso seco y adicionalmente, una textura, superiores a los observados en los mismos
órganos de las correspondientes plantas silvestres.

15 4. Plantas transgénicas, según la reivindicación 2, **caracterizadas** porque la textura de los tubérculos de las mismas
es superior a 252 Newtons.

20 5. Plantas transgénicas, según la reivindicación 2, **caracterizadas** porque la textura de los tubérculos de las mismas
está entre 272 y 321 Newtons.

20 6. Plantas transgénicas, según la reivindicación 2, **caracterizadas** porque el rendimiento en peso seco de los
tubérculos de las mismas es superior a 214 g/planta.

25 7. Plantas transgénicas, según la reivindicación 2, **caracterizadas** porque el rendimiento en peso seco de los
tubérculos de las mismas está entre 208 y 307 g/planta.

8. Plantas transgénicas, según la reivindicación 2, **caracterizadas** porque el rendimiento en almidón de los tubér-
culos de las mismas es superior a 142 g/planta.

30 9. Plantas transgénicas, según la reivindicación 2, **caracterizadas** porque el rendimiento en almidón de los tubér-
culos de las mismas se encuentra entre 173 y 232 g/planta.

35 10. Plantas transgénicas, según cualquiera de las reivindicaciones anteriores, **caracterizadas** por seleccionarse
preferentemente entre plantas de tabaco, patata, tomate, arroz, cebada, trigo o maíz.

40

45

50

55

60

65

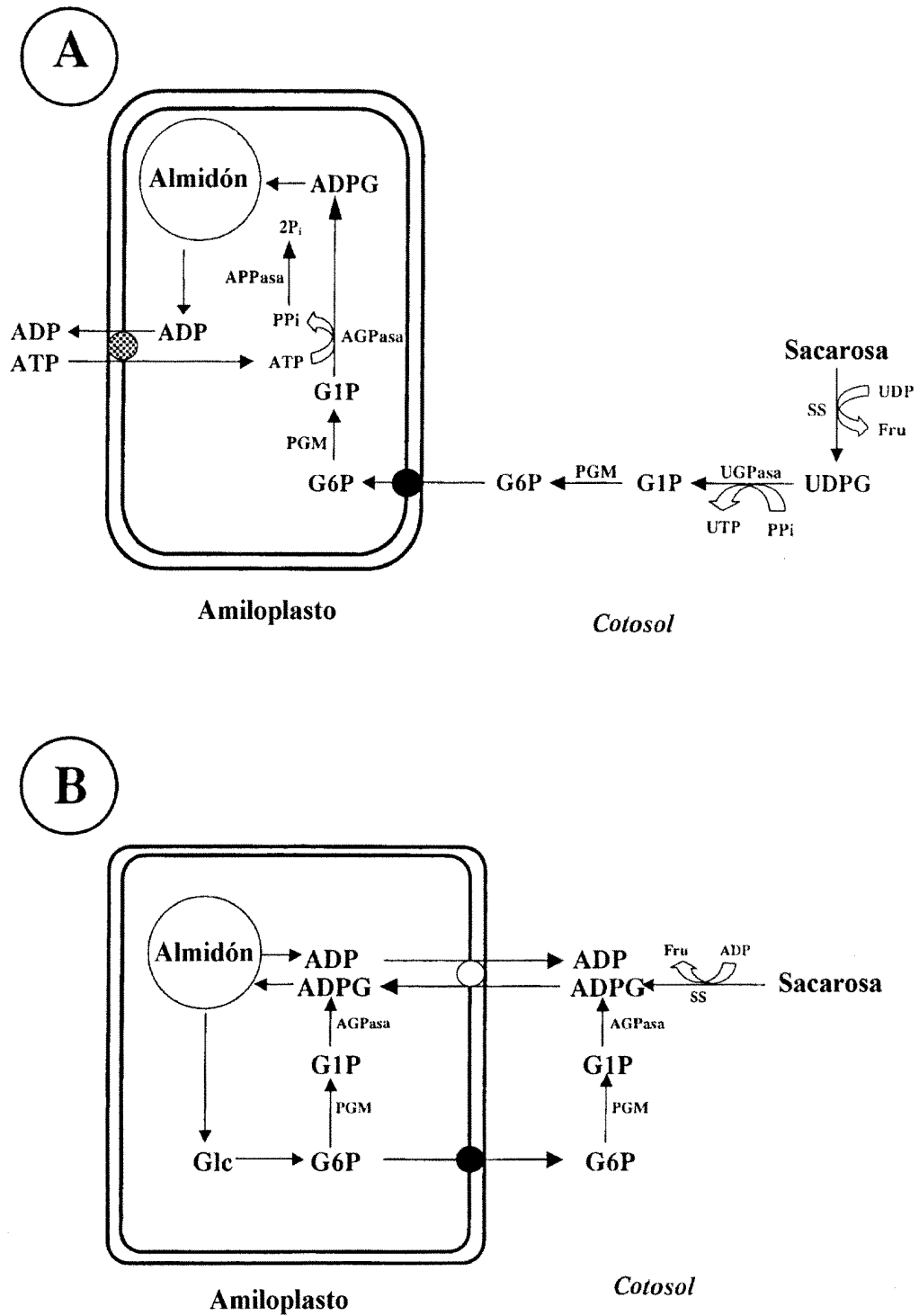


Fig. 1

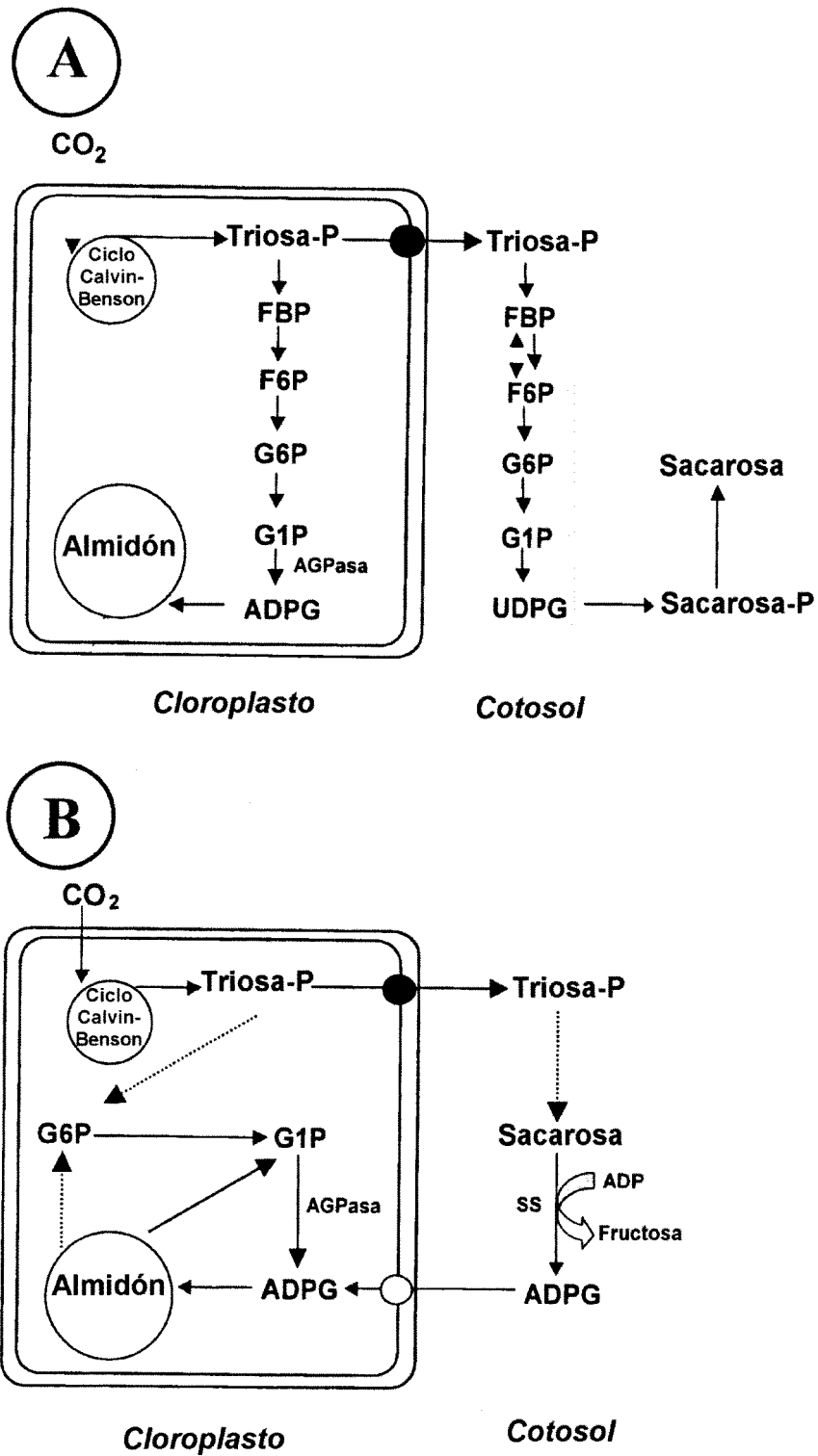


Fig. 2

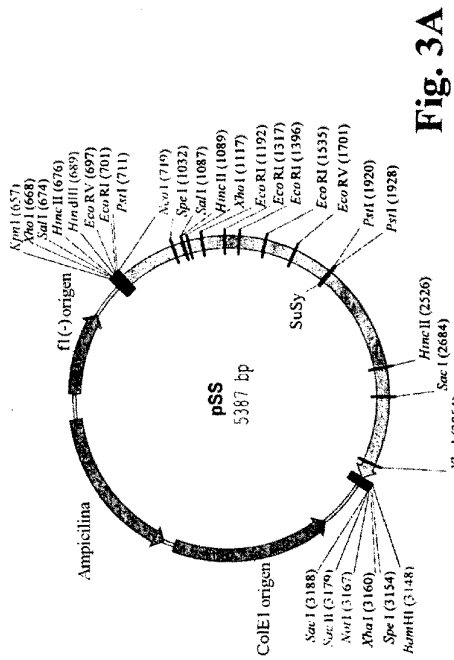


Fig. 3A

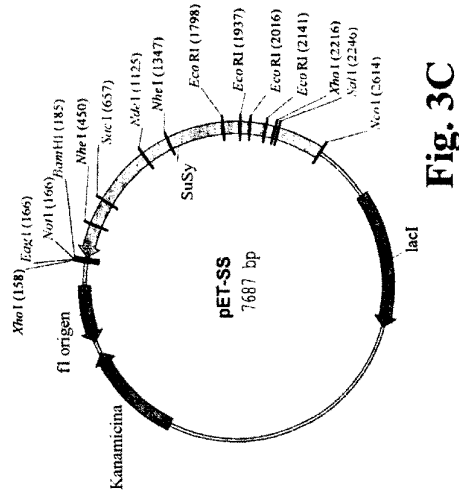
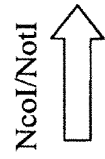


Fig. 3C

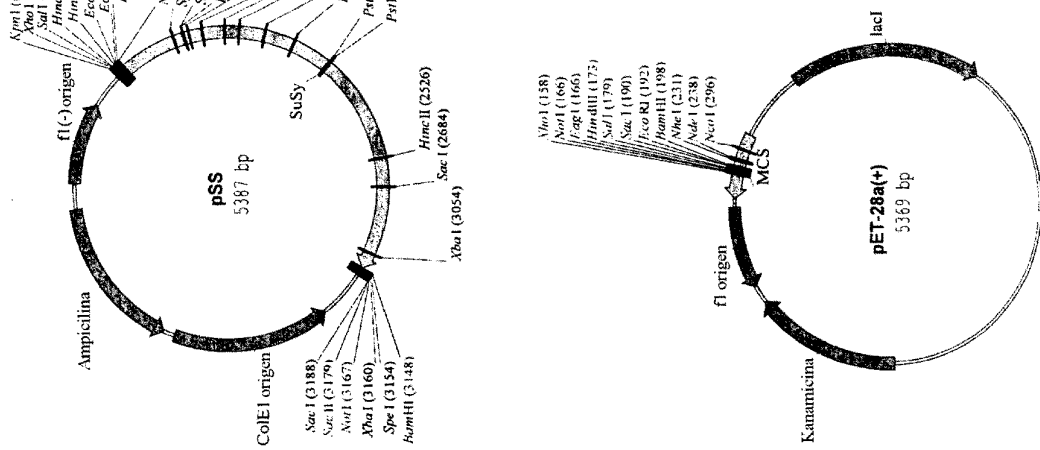


Fig. 3B

Fig. 3

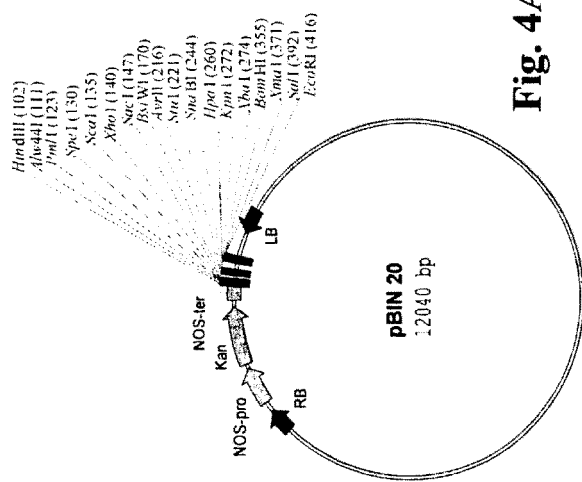


Fig. 4A

HindIII/EcoRI romo

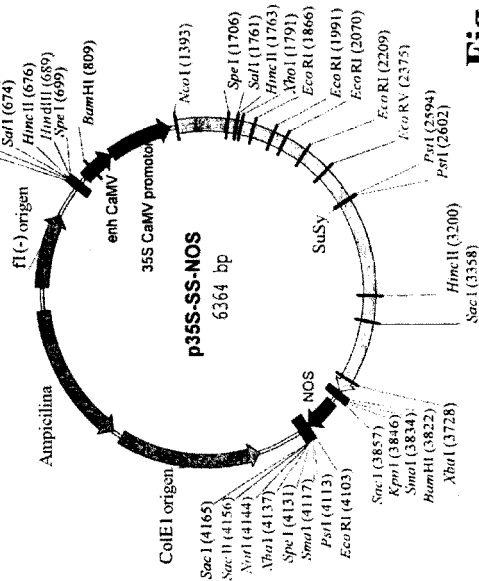


Fig. 4B

HindIII/NotI romo

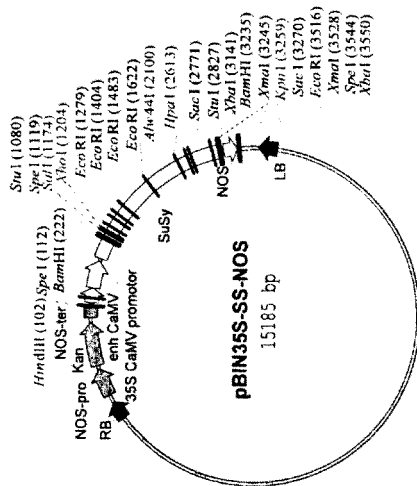


Fig. 4C

Fig. 4

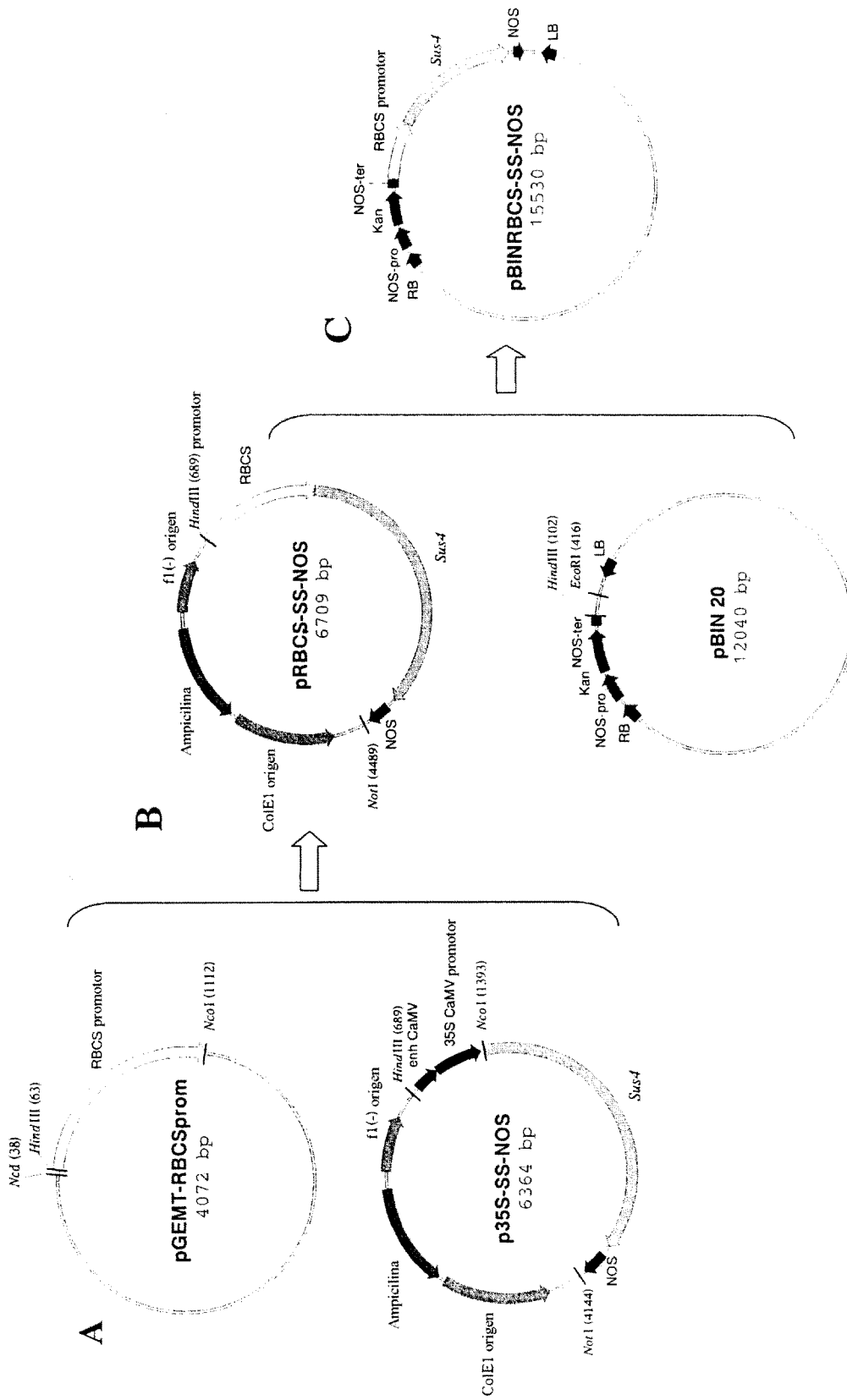


Fig. 5

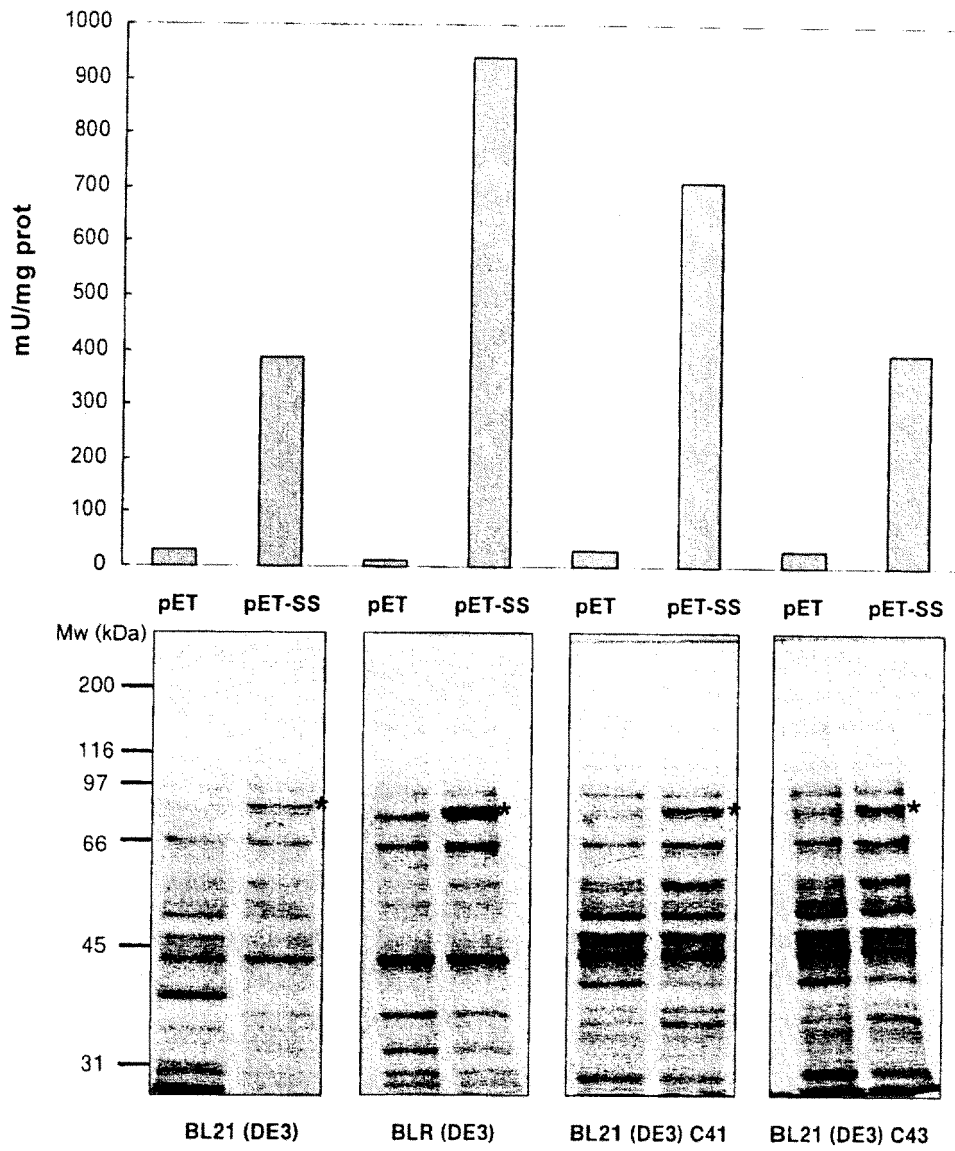


Fig. 6

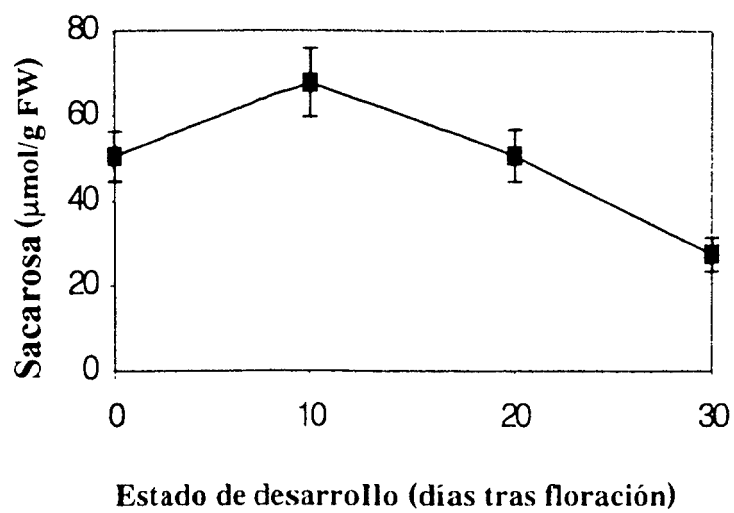


Fig. 7

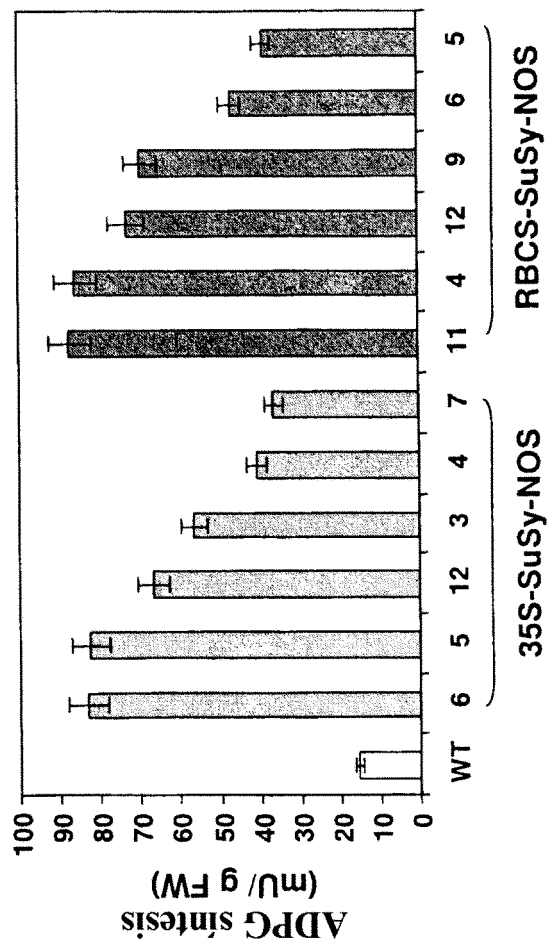


Fig. 8

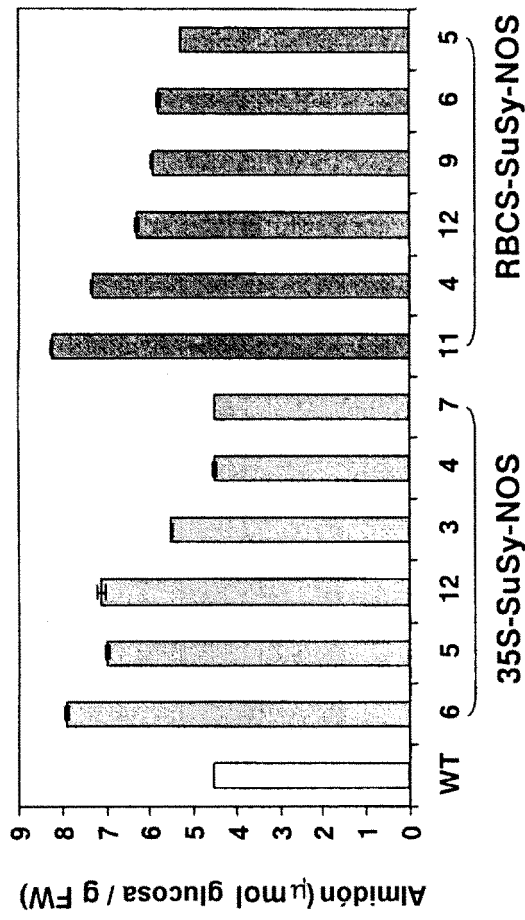


Fig. 9

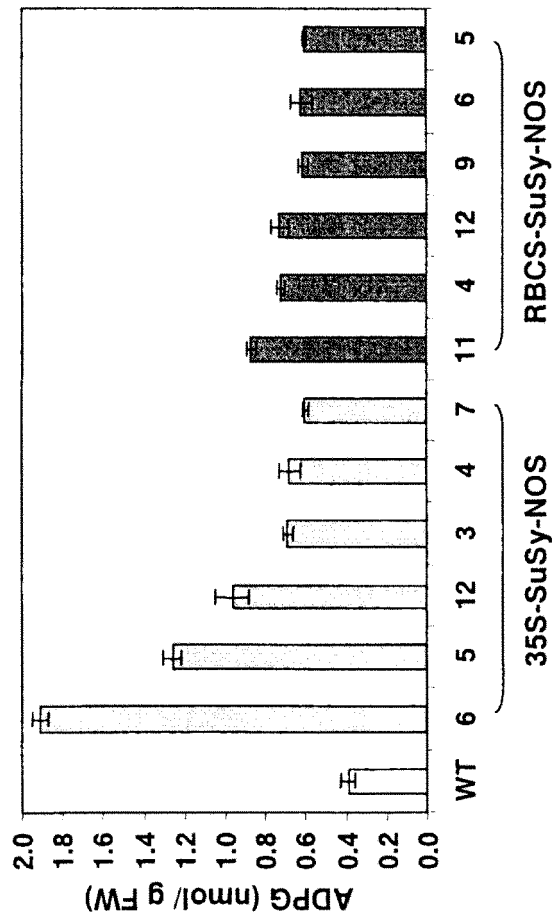


Fig. 10

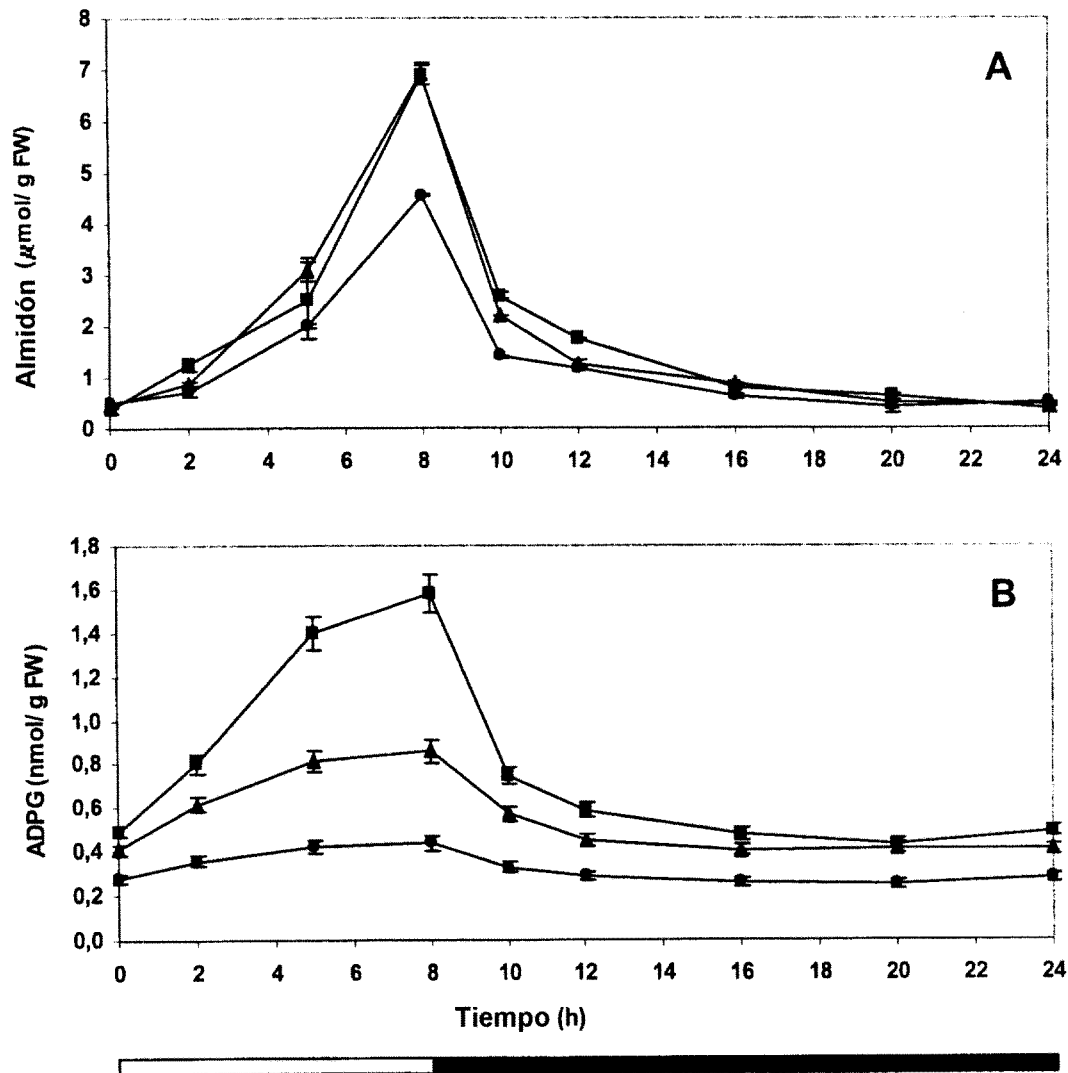


Fig. 11

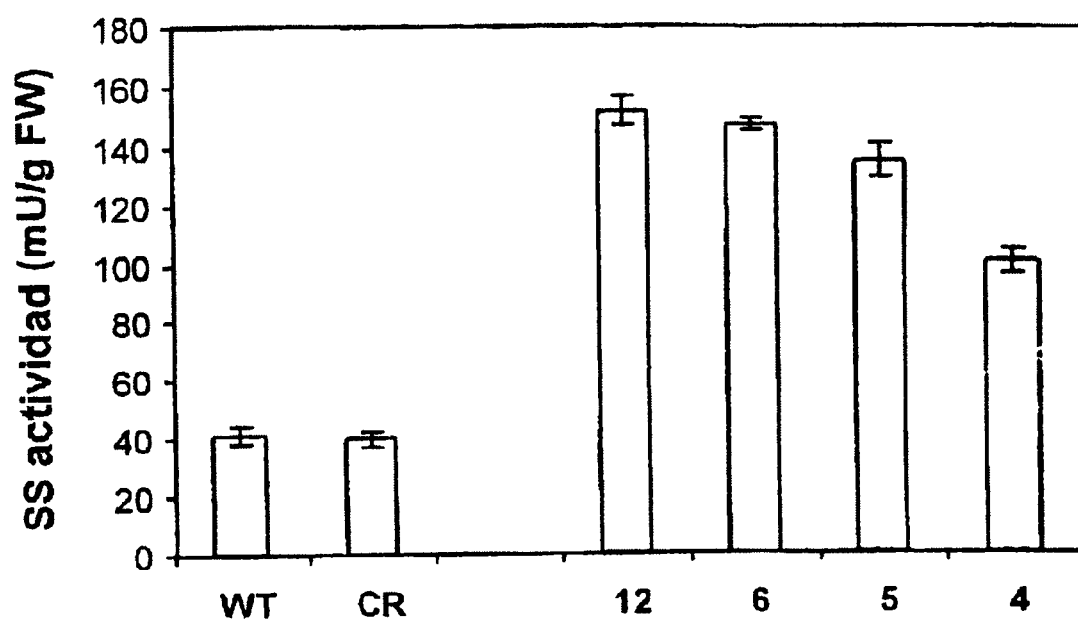


Fig. 12

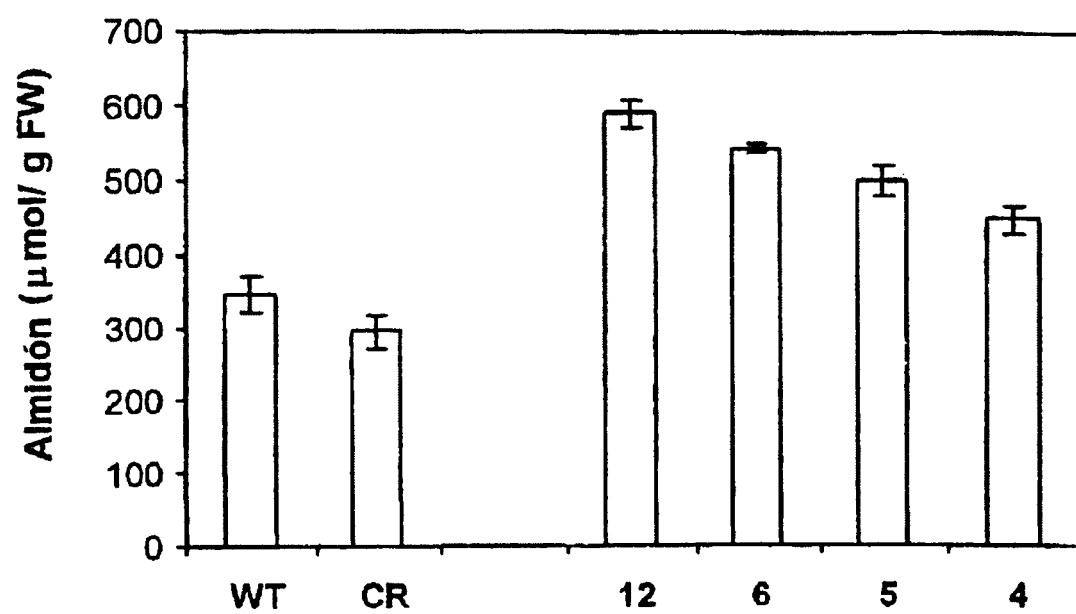


Fig. 13

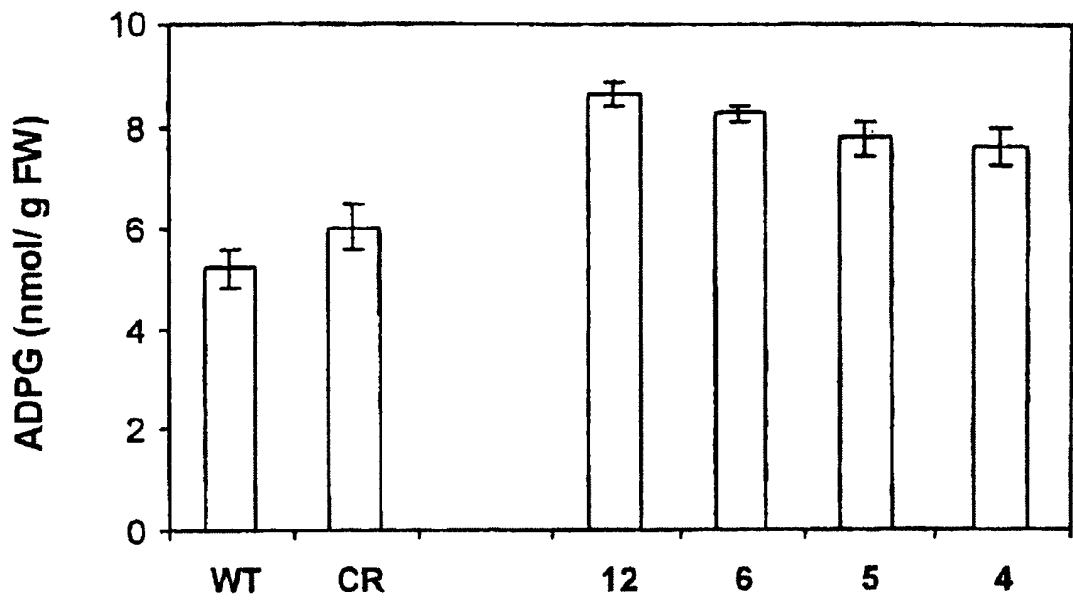


Fig. 14

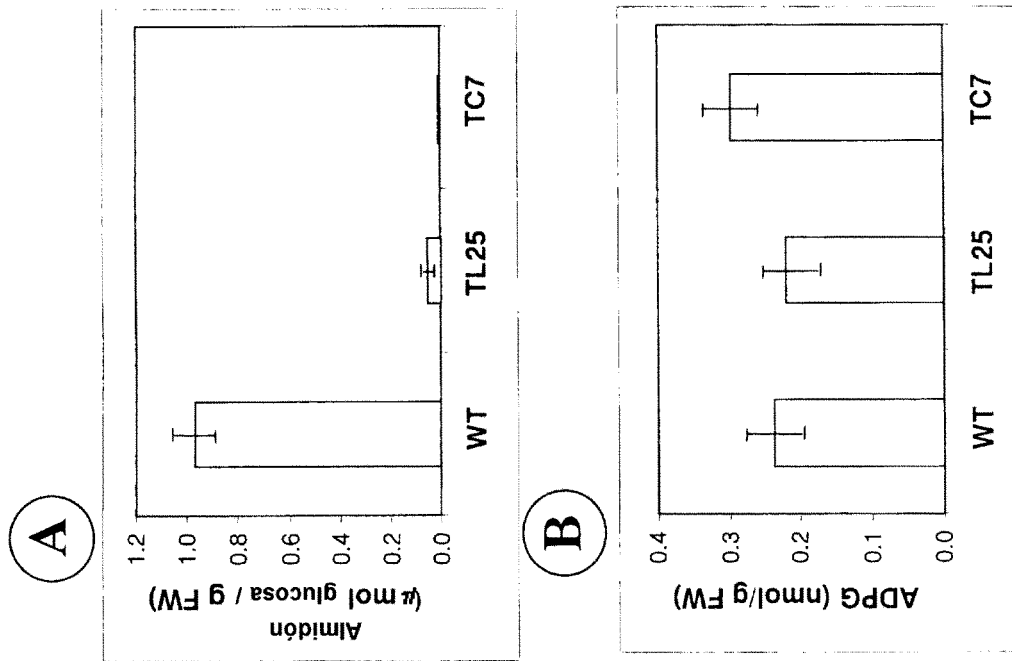


Fig. 15

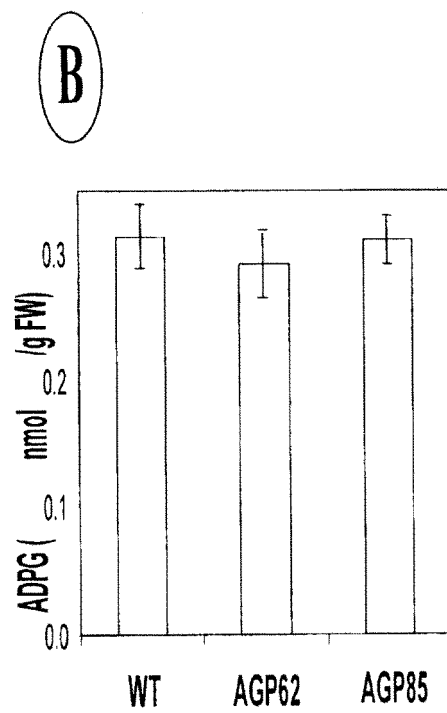
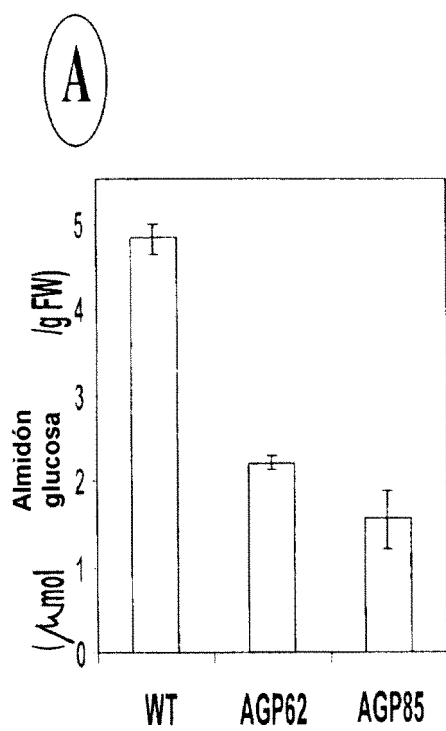


Fig. 16

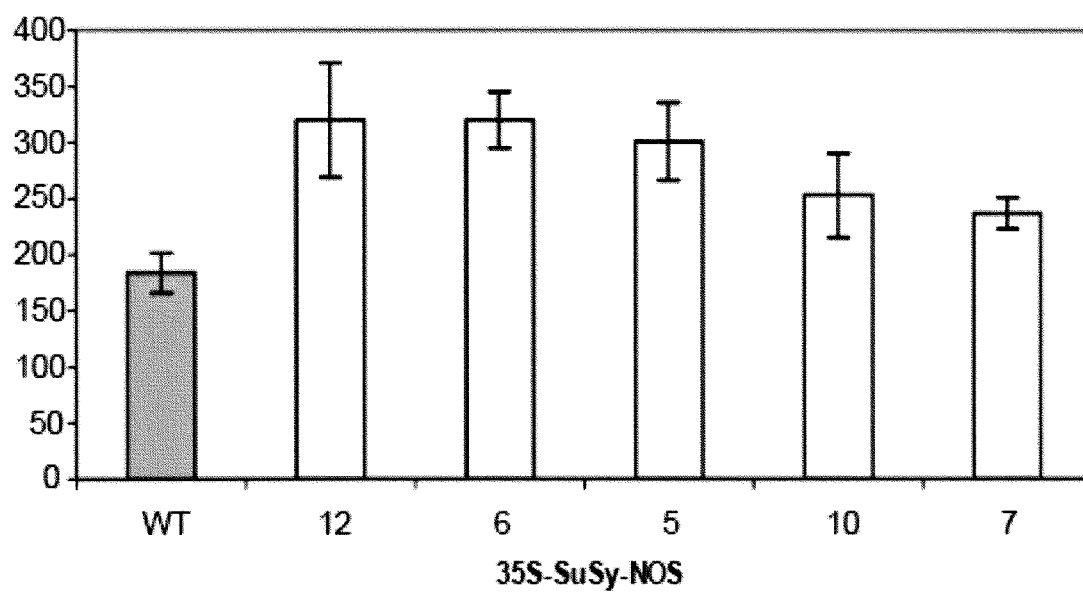


Fig. 17

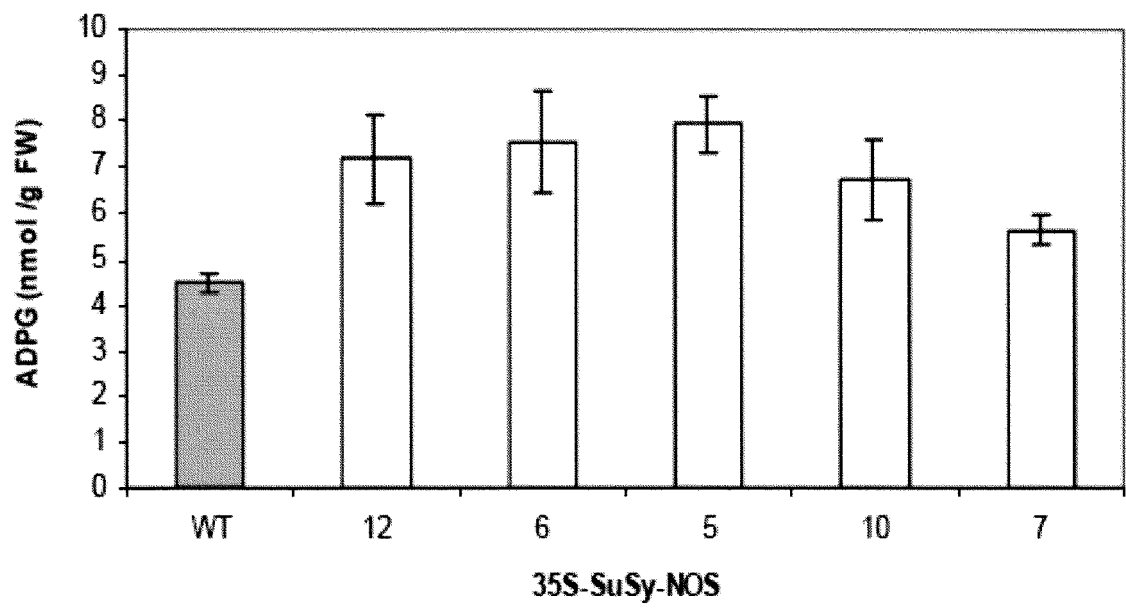


Fig. 18

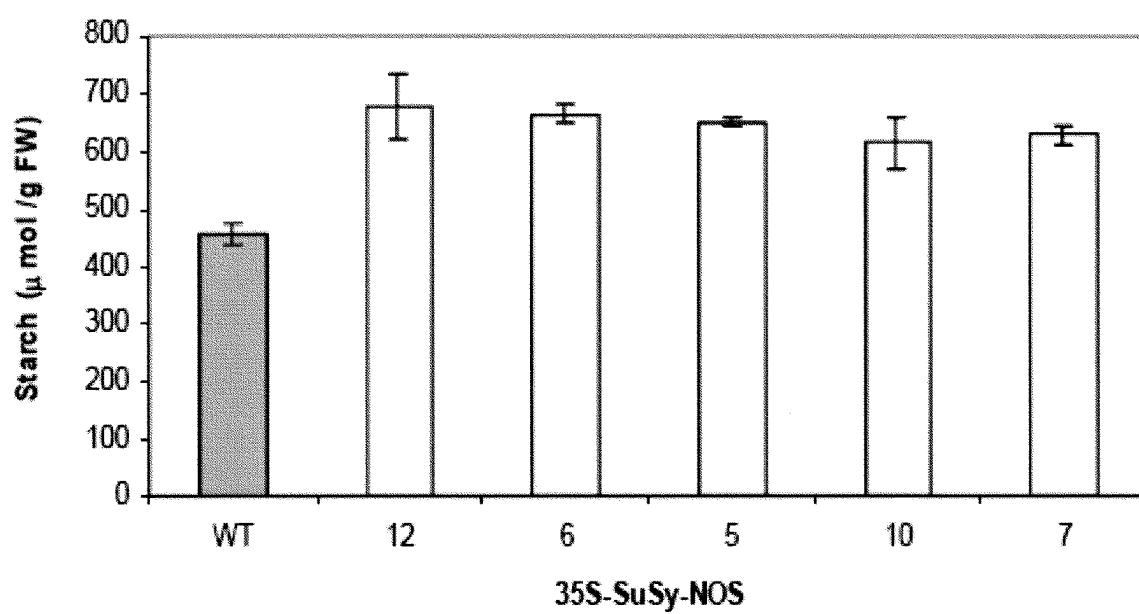


Fig. 19

ES 2 342 246 B1

LISTA DE SECUENCIAS

<110>	UNIVERSIDAD PÚBLICA DE NAVARRA	
5	<120> “Plantas transgénicas con alto rendimiento en peso seco y almidón cuyos órganos de reserva presentan elevada textura, elevado contenido en almidón y elevado rendimiento en peso seco”.	
	<130> P-01712	
	<160> 12	
10	<210> 1	
	<211> 25	
	<212> ADN	
	<213> <i>Solanum tuberosum</i>	
15	<220>	
	<223> Cebador de la región 5’ de SS4	
	<400>	
20	ctgccatggc tgaacgtgtt ttgac	25
	<210> 2	
25	<211> 27	
	<212> ADN	
	<213> <i>Solanum tuberosum</i>	
30	<220>	
	<223> Cebador de la región 3’ de SS4	
	<400>	
35	cttcattcac tcagcagcca atggaac	27
	<210> 3	
40	<211> 2418	
	<212> ADN	
	<213> <i>Solanum tuberosum</i>	
45	<220>	
	<223> SSX	
50		
55		
60		
65		

ES 2 342 246 B1

<400>

	atg gct gaa cgt gtt ttg act cgt gtt cat agc ctt cgt gaa	42
5	cgt gtt gat gca act tta gct gct cac cgc aat gag ata ctg	84
	ctg ttt ctt tca agg atc gaa agc cac gga aaa ggg ata ttg	126
	aaa cct cat gag ctt ttg gct gag ttc gat gca att cgc caa	168
10	gat gac aaa aac aaa ctg aac gaa cat gca ttc gaa gaa ctc	210
	ctg aaa tcc act cag gaa gcg att gtt ctg ccc cct tgg gtt	252
	gca ctt gct att cgt ttg agg cct ggt gtc tgg gaa tac atc	294
15	cgt gtg aac gtc aat gca cta gtt gtc gag gag ctg tcc gtc	336
	cct gag tat ttg caa ttc aag gaa gaa ctt gtc gac gga gcc	378
	tcg aat gga aat ttt gtt ctc gag ttg gat ttc gag cct ttc	420
20	act gca tcc ttt cct aaa cca acc ctc acc aaa tct att gga	462
	aat gga gtt gaa ttc ctc aat agg cac ctc tct gcc aaa atg	504
25	ttc cat gac aag gaa agc atg acc ccg ctt ctc gaa ttt ctt	546
	cgc gct cac cat tat aag ggc aag aca atg atg ctg aat gat	588
	agg ata cag aat tcg aat act ctt caa aat gtc cta agg aag	630
30	gca gag gaa tac ctc att atg ctt tcc cca gat act cca tat	672
	ttc gaa ttc gag cac aag ttc caa gaa atc gga ttg gag aag	714
	gga tgg ggg gac acg gcg gag cgt gtg cta gag atg gta tgc	756
35	atg ctt ctt gat ctc ctt gag gct cct gac tca tgt act ctt	798
	gag aag ttc ttg ggg aga att cct atg gtt ttc aat gtg gtt	840
40	atc ctt tcc cct cat gga tat ttt gcc caa gaa aat gtc ttg	882
	ggt tat ccc gac acc ggt ggc cag gtt gtc tac att tta gat	924
	caa gtt ccc gcc ttg gag cgt gaa atg ctt aag cgc ata aag	966
45	gag caa gga ctt gat atc atc ccc cgt att ctt att gtt act	1008
	cgt ctg ctg ccc gat gca gtt gga acc act tgt ggt cag agg	1050
	att gag aag gtg tat gga gca gaa cac tca cat att ctt agg	1092
50	gtc cct ttt agg act gag aag ggc att gtt cgc aaa tgg atc	1134
	tct cgc ttt gaa gtg tgg cca tac atg gag aca ttc att gag	1176
	gat gtt gca aaa gaa att tct gca gaa ctg cag gcc aag cca	1218
55	gat ttg ata att gga aac tac agt gag ggc aat ctt gct gct	1260
	tct ttg cta gct cac aag tta ggc gta act cag tgc acc att	1302
	gcc cac gcg ttg gag aaa acg aag tat cct gat tcc gac att	1344
60	tac tgg aaa aag ttt gat gaa aaa tac cat ttc tcg tcc cag	1386

65

ES 2 342 246 B1

ttt acc gct gat ctc att gca atg aat cac act gat ttc atc 1428
atc acc agc acc ttc cag gag ata gca gga agc aag gac act 1470
5 gta gga caa tat gag agc cat atg gca ttc aca atg cct gga 1512
ttg tac aga gtt gtt cac ggc att aat gtg ttc gac ccc aaa 1554
ttc aac att gtc tca cct gga gct gat att aat ctc tac ttc 1596
10 tcg tac tcc gaa acg gag aag aga ctt aca gca ttt cac cct 1638
gaa att gat gag ctg ctg tat agt gat gtt gag aat gac gag 1680
cat ctg tgt gtg ctc aag gac agg act aaa cca att tta ttc 1722
15 aca atg gca agg ttg gat cgt gtg aag aat tta act gga ctt 1764
gtt gag tgg tac gcc aag aat cca cga cta agg gga ttg gtt 1806
20 aac ctg gtt gta gtt ggc gga gat cga agg aag gaa tcc aaa 1848
gat ttg gaa gag cag gca gag atg aag aag atg tat gag cta 1890
att gag act cat aat ttg aat ggc caa ttc aga tgg att tct 1932
25 tcc cag atg aac cga gtg agg aat ggt gag ctc tac cga tac 1974
att gct gac act aag gga gct ttc gtt cag cct gca ttc tac 2016
gag gcc ttt ggt ctg act gtt gtc gaa gca atg act tgt ggt 2058
30 ttg cct aca ttt gca act aat cac ggt ggt cca gct gag atc 2100
atc gtt cat gga aag tcc ggc ttc cac att gat cca tat cac 2142
ggt gag caa gct gct gat ctg cta gct gat ttc ttt gag aaa 2184
35 tgc aag aaa gag cct tca cat tgg gaa acc att tcg acg ggt 2226
ggc ctg aag cgc atc caa gag aag tac act tgg caa atc tac 2268
40 tcc gaa agg cta ttg aca ctg gct gct gtt tat ggg ttc tgg 2310
aaa cat gtt tct aaa ctt gat cgt cta gaa atc cgt cgc tat 2352
ctt gaa atg ttt tat gct ctc aag tac cgt aag atg gct gaa 2394
45 gct gtt cca ttg gct gct gag tga 2418

<210> 4

<211> 841

50

<212> proteína

<213> *Solanum tuberosum*

<223> SSX fusionada con una cola aminoacídica rica en histidinas deducida tras la expresión de SSX en el plásmido de expresión pET-28a(+)

55

60

65

ES 2 342 246 B1

<400>

```

Met gly ser ser his his his his his his ser ser gly leu val pro arg gly ser his
      5              10              15              20
5 met ala ser met thr gly gly gln gln met gly arg gly ser glu phe met ala glu arg
      25              30              35              40
val leu thr arg val his ser leu arg glu arg val asp ala thr leu ala ala his arg
10      45              50              55              60
asn glu ile leu leu phe leu ser arg ile glu ser his gly lys gly ile leu lys pro
      65              70              75              80
15 his glu leu leu ala glu phe asp ala ile arg gln asp asp lys asn lys leu asn glu
      85              90              95              100
his ala phe glu glu leu leu lys ser thr gln glu ala ile val leu pro pro trp val
20      105             110             115             120
ala leu ala ile arg leu arg pro gly val trp glu tyr ile arg val asn val asn ala
      125             130             135             140
leu val val glu glu leu ser val pro glu tyr leu gln phe lys glu glu leu val asp
25      145             150             155             160
gly ala ser asn gly asn phe val leu glu leu asp phe glu pro phe thr ala ser phe
      165             170             175             180
30 pro lys pro thr leu thr lys ser ile gly asn gly val glu phe leu asn arg his leu
      185             190             195             200
ser ala lys met phe his asp lys glu ser met thr pro leu leu glu phe leu arg ala
      205             210             215             220
35 his his tyr lys gly lys thr met met leu asn asp arg ile gln asn ser asn thr leu
      225             230             235             240
gln asn val leu arg lys ala glu glu tyr leu ile met leu ser pro asp thr pro tyr
40      245             250             255             260
phe glu phe glu his lys phe gln glu ile gly leu glu lys gly trp gly asp thr ala
      265             270             275             280
glu arg val leu glu met val cys met leu leu asp leu leu glu ala pro asp ser cys
45      285             290             295             300
thr leu glu lys phe leu gly arg ile pro met val phe asn val val ile leu ser pro
      305             310             315             320
50 his gly tyr phe ala gln glu asn val leu gly tyr pro asp thr gly gly gln val val
      325             330             335             340
tyr ile leu asp gln val pro ala leu glu arg glu met leu lys arg ile lys glu gln
55      345             350             355             360
gly leu asp ile ile pro arg ile leu ile val thr arg leu leu pro asp ala val gly
      365             370             375             380
thr thr cys gly gln arg ile glu lys val tyr gly ala glu his ser his ile leu arg
60      385             390             395             400
val pro phe arg thr glu lys gly ile val arg lys trp ile ser arg phe glu val trp

```

65

ES 2 342 246 B1

	405	410	415	420
	pro tyr met glu thr phe ile glu asp val ala lys glu ile ser ala glu leu gln ala			
	425	430	435	440
5	lys pro asp leu ile ile gly asn tyr ser glu gly asn leu ala ala ser leu leu ala			
	445	450	455	460
	his lys leu gly val thr gln cys thr ile ala his ala leu glu lys thr lys tyr pro			
10	465	470	475	480
	asp ser asp ile tyr trp lys lys phe asp glu lys tyr his phe ser ser gln phe thr			
	485	490	495	500
15	ala asp leu ile ala met asn his thr asp phe ile ile thr ser thr phe gln glu ile			
	505	510	515	520
	ala gly ser lys asp thr val gly gln tyr glu ser his met ala phe thr met pro gly			
	525	530	535	540
20	leu tyr arg val val his gly ile asn val phe asp pro lys phe asn ile val ser pro			
	545	550	555	560
	gly ala asp ile asn leu tyr phe ser tyr ser glu thr glu lys arg leu thr ala phe			
25	565	570	575	580
	his pro glu ile asp glu leu leu tyr ser asp val glu asn asp glu his leu cys val			
	585	590	595	600
30	leu lys asp arg thr lys pro ile leu phe thr met ala arg leu asp arg val lys asn			
	605	610	615	620
	leu thr gly leu val glu trp tyr ala lys asn pro arg leu arg gly leu val asn leu			
	625	630	635	640
35	val val val gly gly asp arg arg lys glu ser lys asp leu glu glu gln ala glu met			
	645	650	655	660
	lys lys met tyr glu leu ile glu thr his asn leu asn gly gln phe arg trp ile ser			
40	665	670	675	680
	ser gln met asn arg val arg asn gly glu leu tyr arg tyr ile ala asp thr lys gly			
	685	690	695	700
45	ala phe val gln pro ala phe tyr glu ala phe gly leu thr val val glu ala met thr			
	705	710	715	720
	cys gly leu pro thr phe ala thr asn his gly gly pro ala glu ile ile val his gly			
	725	730	735	740
50	lys ser gly phe his ile asp pro tyr his gly glu gln ala ala asp leu leu ala asp			
	745	750	755	760
	phe phe glu lys cys lys lys glu pro ser his trp glu thr ile ser thr gly gly leu			
	765	770	775	780
55	lys arg ile gln glu lys tyr thr trp gln ile tyr ser glu arg leu leu thr leu ala			
	785	790	795	800
	ala val tyr gly phe trp lys his val ser lys leu asp arg leu glu ile arg arg tyr			
60	805	810	815	820
	leu glu met phe tyr ala leu lys tyr arg lys met ala glu ala val pro leu ala ala			
	825	830	835	840
65	glu			
	841			

ES 2 342 246 B1

	<210> 5	
	<211> 41	
	<212> ADN	
5	<213> <i>Solanum tuberosum</i>	
	<220>	
	<223> Cebador “forward” necesario para la mutagénesis puntual de <i>SSX</i> .	
10	<400>	
	cgaacatgca ttcgaagaac ccctgaaatc cactcaggaa g	41
15	<210> 6	
	<211> 41	
	<212> ADN	
20	<213> <i>Solanum tuberosum</i>	
	<220>	
	<223> Cebador “reverse” necesario para la mutagénesis puntual de <i>SSX</i> .	
25	<400>	
	cttctctgagt ggatttcagg ggtctctga atgcatgttc g	41
30	<210> 7	
	<211> 42	
	<212> ADN	
	<213> <i>Solanum tuberosum</i>	
35	<220>	
	<223> Cebador “forward” necesario para la mutagénesis puntual de <i>SSX</i> .	
40	<400>	
	cggagaagag acttacagca ttcaccctg aaattgatga gc	42
45	<210> 8	
	<211> 42	
	<212> ADN	
	<213> <i>Solanum tuberosum</i>	
50	<220>	
	<223> Cebador “reverse” necesario para la mutagénesis puntual de <i>SSX</i> .	
55	<400>	
	gctcatcaat ttcagggtga gatgctgtaa gtctcttctc cg	42
60	<210> 9	
	<211> 76	
	<212> ADN	
	<213> <i>Solanum tuberosum</i>	
65	<220>	
	<223> Cebador “forward” necesario para la mutagénesis puntual de <i>SSX</i> y obtención de <i>SS5</i> .	

ES 2 342 246 B1

<400>

5 gatttctttg agaaatgcaa gagagagcct tcacattggg aaaccatttc
gacggatggc ctgaagcgca tccaag 76

<210> 10

10 <211> 76

<212> ADN

<213> *Solanum tuberosum*

<220>

15 <223> Cebador "reverse" necesario para la mutagénesis puntual de *SSX* y obtención de *SS5*.

<400>

20 cttggatgcg cttctggcca tccgtcgaaa tggtttccca atgtgaaggc
tctctcttgc atttctcaaa gaaatc
76

25 <210> 11

<211> 2418

<212> ADN

30 <213> *Solanum tuberosum*

<220>

<223> *SS5*

35 <400>

atg gct gaa cgt gtt ttg act cgt gtt cat agc ctt cgt gaa 42
40 cgt gtt gat gca act tta gct gct cac cgc aat gag ata ctg 84
ctg ttt ctt tca agg atc gaa agc cac gga aaa ggg ata ttg 126
aaa cct cac gag ctt ttg gct gag ttc gat gca att cgc caa 168
45 gat gac aaa aac aaa ctg aac gaa cat gca ttc gaa gaa ccc 210
ctg aaa tcc act cag gaa gcg att gtt ctg ccc cct tgg gtt 252
gca ctt gct att cgt ttg agg cct ggt gtc tgg gaa tac atc 294
cgt gtg aac gtc aat gca cta gtt gtc gag gag ctg tcc gtc 336
cct gag tat ttg caa ttc aag gaa gaa ctt gtc gac gga gcc 378
55 tcg aat gga aat ttc gtt ctc gag ttg gat ttc gag cct ttc 420
act gca tcc ttt cct aaa cca acc ctc acc aaa tct att gga 462
aat gga gtt gaa ttc ctc aat agg cac ctc tct gcc aaa atg 504
60 ttc cat gac aag gaa agc atg acc ccg ctt ctc gaa ttt ctt 546
cgc gct cac cat tat aag ggc aag aca atg atg ctg aat gat 588
65 agg ata cag aat tcg aat act ctt caa aat gtc cta agg aag 630
gca gag gaa tac ctc att atg ctt tcc cca gat act cca tat 672

ES 2 342 246 B1

ttc gaa ttc gag cac aag ttc caa gaa atc gga ttg gag aag 714
 gga tgg ggg gac acg gcg gag cgt gtg cta gag atg gta tgc 756
 5 atg ctt ctt gat ctc ctt gag gct cct gac tca tgt act ctt 798
 gag aag ttc ttg ggg aga att cct atg gtt ttc aat gtg gtt 840
 10 atc ctt tcc cct cat gga tat ttt gcc caa gaa aat gtc ttg 882
 ggt tat ccc gac acc ggt ggc cag gtt gtc tac att tta gat 924
 caa gtt ccc gcc ttg gag cgt gaa atg ctt aag cgc ata aag 966
 15 gag caa gga ctt gat atc atc ccc cgt att ctt att gtt act 1008
 cgt ctg ctg ccc gat gca gtt gga acc act tgt ggt cag agg 1050
 att gag aag gtg tat gga gca gaa cac tca cat att ctt agg 1092
 20 gtc cct ttt agg act gag aag ggc att gtt cgc aaa tgg atc 1134
 tct cgc ttt gaa gtg tgg cca tac atg gag aca ttc att gag 1176
 25 gat gtt gca aaa gaa att tct gca gaa ctg cag gcc aag cca 1218
 gat ttg ata att gga aac tac agt gag ggc aat ctt gct gct 1260
 tct ttg cta gct cac aag tta ggc gta act cag tgc acc att 1302
 30 gcc cac gcg ttg gag aaa acg aag tat cct gat tcc gac att 1344
 tac tgg aaa aag ttt gat gaa aaa tac cat ttc tcg tcc cag 1386
 35 ttt acc gct gat ctc att gca atg aat cac act gat ttc atc 1428
 atc acc agc acc ttc cag gag ata gca gga agc aag gac act 1470
 gtg gga caa tat gag agc cat atg gca ttc aca atg cct gga 1512
 40 ttg tac aga gtt gtt cat ggc att aat gtg ttc gac ccc aaa 1554
 ttc aac att gtc tca cct gga gct gat att aac ctc tac ttc 1596
 45 tcg tac tcc gaa acg gaa aag aga ctt aca gca tct cac cct 1638
 gaa att gat gag ctg ctg tat agt gac gtt gag aat gac gaa 1680
 cat ctg tgt gtg ctc aag gat agg act aaa cca att tta ttc 1722
 50 aca atg gca agg ttg gat cgt gtg aag aat tta act gga ctt 1764
 gtt gag tgg tac gcc aag aat cca cga cta agg gga ttg gtt 1806
 55 aac ctg gtt gta gtt ggc gga gat cga agg aag gaa tcc aaa 1848
 gat ttg gaa gag cag gca gag atg aag aag atg tat gag cta 1890
 ata gag act cat aat ttg aat ggc caa ttc aga tgg att tct 1932
 60 tcc cag atg aac cga gtg agg aat ggt gag ctc tac cga tac 1974
 att gct gac act aag gga gct ttc gtt cag cct gca ttc tac 2016
 65 gag gct ttt ggt ctg act gtt gtc gaa gca atg act tgt ggt 2058

ES 2 342 246 B1

```

    ttg cct aca ttt gca act aat cac ggt ggt cca gct gag atc 2100
    atc gtt cat gga aag tcc ggc ttc cac att gat cca tat cac 2142
5   ggt gag caa gct gct gat ctg cta gct gat ttc ttt gag aaa 2184
    tgc aag aga gag cct tca cat tgg gaa acc att tcg acg gat 2226
    ggc ctg aag cgc atc caa gag aag tac act tgg caa atc tac 2268
10  tcc gaa agg cta ttg aca ctg gct gct gtt tat ggg ttc tgg 2310
    aaa cat gtt tct aag ctt gat cgt cta gaa atc cgt cgc tat 2352
15  ctt gaa atg ttt tat gct ctc aag tac cgt aag atg gct gaa 2394
    gct gtt cca ttg gct gct gag tga atg aag                               2418

```

20 <210> 12

<211> 841

<212> proteína

25 <213> *Solanum tuberosum*

<223> SS5 fusionada con una secuencia aminoacídica rica en histidinas

<400>

30

```

Met gly ser ser his his his his his his ser ser gly leu val pro arg gly ser his
                    5                               10                               15                               20

```

35

```

met ala ser met thr gly gly gln gln met gly arg gly ser glu phe met ala glu arg
                    25                               30                               35                               40

```

```

val leu thr arg val his ser leu arg glu arg val asp ala thr leu ala ala his arg
                    45                               50                               55                               60

```

40

```

asn glu ile leu leu phe leu ser arg ile glu ser his gly lys gly ile leu lys pro
                    65                               70                               75                               80

```

```

his glu leu leu ala glu phe asp ala ile arg gln asp asp lys asn lys leu asn glu
                    85                               90                               95                               100

```

45

```

his ala phe glu glu pro leu lys ser thr gln glu ala ile val leu pro pro trp val
                    105                              110                              115                              120

```

50

```

ala leu ala ile arg leu arg pro gly val trp glu tyr ile arg val asn val asn ala
                    125                              130                              135                              140

```

```

leu val val glu glu leu ser val pro glu tyr leu gln phe lys glu glu leu val asp
                    145                              150                              155                              160

```

55

```

gly ala ser asn gly asn phe val leu glu leu asp phe glu pro phe thr ala ser phe
                    165                              170                              175                              180

```

```

pro lys pro thr leu thr lys ser ile gly asn gly val glu phe leu asn arg his leu

```

60

65

ES 2 342 246 B1

	185	190	195	200
	ser ala lys met phe his asp lys glu ser met thr pro leu leu glu phe leu arg ala			
5	205	210	215	220
	his his tyr lys gly lys thr met met leu asn asp arg ile gln asn ser asn thr leu			
	225	230	235	240
10	gln asn val leu arg lys ala glu glu tyr leu ile met leu ser pro asp thr pro tyr			
	245	250	255	260
	phe glu phe glu his lys phe gln glu ile gly leu glu lys gly trp gly asp thr ala			
	265	270	275	280
15	glu arg val leu glu met val cys met leu leu asp leu leu glu ala pro asp ser cys			
	285	290	295	300
	thr leu glu lys phe leu gly arg ile pro met val phe asn val val ile leu ser pro			
	305	310	315	320
20	his gly tyr phe ala gln glu asn val leu gly tyr pro asp thr gly gly gln val val			
	325	330	335	340
	tyr ile leu asp gln val pro ala leu glu arg glu met leu lys arg ile lys glu gln			
25	345	350	355	360
	gly leu asp ile ile pro arg ile leu ile val thr arg leu leu pro asp ala val gly			
	365	370	375	380
30	thr thr cys gly gln arg ile glu lys val tyr gly ala glu his ser his ile leu arg			
	385	390	395	400
	val pro phe arg thr glu lys gly ile val arg lys trp ile ser arg phe glu val trp			
	405	410	415	420
35	pro tyr met glu thr phe ile glu asp val ala lys glu ile ser ala glu leu gln ala			
	425	430	435	440
	lys pro asp leu ile ile gly asn tyr ser glu gly asn leu ala ala ser leu leu ala			
40	445	450	455	460
	his lys leu gly val thr gln cys thr ile ala his ala leu glu lys thr lys tyr pro			
	465	470	475	480
45	asp ser asp ile tyr trp lys lys phe asp glu lys tyr his phe ser ser gln phe thr			
	485	490	495	500
	ala asp leu ile ala met asn his thr asp phe ile ile thr ser thr phe gln glu ile			
	505	510	515	520
50	ala gly ser lys asp thr val gly gln tyr glu ser his met ala phe thr met pro gly			
	525	530	535	540
	leu tyr arg val val his gly ile asn val phe asp pro lys phe asn ile val ser pro			
	545	550	555	560
55	gly ala asp ile asn leu tyr phe ser tyr ser glu thr glu lys arg leu thr ala ser			
	565	570	575	580
	his pro glu ile asp glu leu leu tyr ser asp val glu asn asp glu his leu cys val			
60	585	590	595	600
	leu lys asp arg thr lys pro ile leu phe thr met ala arg leu asp arg val lys asn			
	605	610	615	620
65	leu thr gly leu val glu trp tyr ala lys asn pro arg leu arg gly leu val asn leu			

ES 2 342 246 B1

	625	630	635	640
	val val val gly gly asp arg arg lys glu ser lys asp leu glu glu gln ala glu met			
5	645	650	655	660
	lys lys met tyr glu leu ile glu thr his asn leu asn gly gln phe arg trp ile ser			
	665	670	675	680
10	ser gln met asn arg val arg asn gly glu leu tyr arg tyr ile ala asp thr lys gly			
	685	690	695	700
	ala phe val gln pro ala phe tyr glu ala phe gly leu thr val val glu ala met thr			
	705	710	715	720
15	cys gly leu pro thr phe ala thr asn his gly gly pro ala glu ile ile val his gly			
	725	730	735	740
	lys ser gly phe his ile asp pro tyr his gly glu gln ala ala asp leu leu ala asp			
20	745	750	755	760
	phe phe glu lys cys lys arg glu pro ser his trp glu thr ile ser thr asp gly leu			
	765	770	775	780
	lys arg ile gln glu lys tyr thr trp gln ile tyr ser glu arg leu leu thr leu ala			
25	785	790	795	800
	ala val tyr gly phe trp lys his val ser lys leu asp arg leu glu ile arg arg tyr			
	805	810	815	820
30	leu glu met phe tyr ala leu lys tyr arg lys met ala glu ala val pro leu ala ala			
	825	830	835	840
	glu			
35	841			
40				
45				
50				
55				
60				
65				



OFICINA ESPAÑOLA DE
PATENTES Y MARCAS

ESPAÑA

① ES 2 342 246

② Nº de solicitud: 200703413

③ Fecha de presentación de la solicitud: 21.12.2007

④ Fecha de prioridad:

INFORME SOBRE EL ESTADO DE LA TÉCNICA

⑤ Int. Cl.: Ver hoja adicional

DOCUMENTOS RELEVANTES

Categoría	⑥ Documentos citados	Reivindicaciones afectadas
X	BAROJA -FERNANDEZ, E., et al., "Sucrose synthase catalyzes de novo production of ADPglucose linked to starch biosynthesis in heterotrophic tissues of plants." Plant Cell Physiol. 2003, 44, 500-509, todo el documento. (Citado en la solicitud)	1-10
A	CHOUREY PS et al., "Genetic evidence that the two isozymes of sucrose synthase present in developing maize endosperm are critical, one for cell wall integrity and the other for starch biosynthesis". Mol Gen Genet. 1998 Jul; 259(1):88-96, todo el documento.	1-10
A	WO 02067662 A1 (PIONEER HI BRED INT) 06.09.2002, todo el documento.	1-10

Categoría de los documentos citados

X: de particular relevancia

Y: de particular relevancia combinado con otro/s de la misma categoría

A: refleja el estado de la técnica

O: referido a divulgación no escrita

P: publicado entre la fecha de prioridad y la de presentación de la solicitud

E: documento anterior, pero publicado después de la fecha de presentación de la solicitud

El presente informe ha sido realizado

para todas las reivindicaciones

para las reivindicaciones nº:

Fecha de realización del informe

16.06.2010

Examinador

M. Hernández Cuéllar

Página

1/4

CLASIFICACIÓN DEL OBJETO DE LA SOLICITUD

A01H 5/00 (2006.01)

C12N 9/10 (2006.01)

C12N 15/29 (2006.01)

C12N 15/82 (2006.01)

Documentación mínima buscada (sistema de clasificación seguido de los símbolos de clasificación)

A01H, C12N

Bases de datos electrónicas consultadas durante la búsqueda (nombre de la base de datos y, si es posible, términos de búsqueda utilizados)

EPODOC, WPI, BIOSIS, MEDLINE, EMBASE

Fecha de Realización de la Opinión Escrita: 16.06.2010

Declaración

Novedad (Art. 6.1 LP 11/1986)	Reivindicaciones 1-10	SÍ
	Reivindicaciones	NO
Actividad inventiva (Art. 8.1 LP 11/1986)	Reivindicaciones	SÍ
	Reivindicaciones 1-10	NO

Se considera que la solicitud cumple con el requisito de **aplicación industrial**. Este requisito fue evaluado durante la fase de examen formal y técnico de la solicitud (Artículo 31.2 Ley 11/1986).

Base de la Opinión:

La presente opinión se ha realizado sobre la base de la solicitud de patente tal y como ha sido publicada.

1. Documentos considerados:

A continuación se relacionan los documentos pertenecientes al estado de la técnica tomados en consideración para la realización de esta opinión.

Documento	Número Publicación o Identificación	Fecha Publicación
D01	BAROJA -FERNANDEZ, E., ET AL., " Sucrose synthase catalyzes de novo production of ADPglucose linked to starch biosynthesis in heterotrophic tissues of plants. Plant Cell Physiol. 2003, 44, 500-509, todo el documento. Citado en la solicitud	- -
D02	CHOUREY PS ET AL., "Genetic evidence that the two isozymes of sucrose synthase present in developing maize endosperm are critical, one for cell wall integrity and the other for starch biosynthesis". Mol Gen Genet. 1998 Jul;259(1):88-96, todo el documento	- -
D03	WO 02067662 A1	06-09-2002

2. Declaración motivada según los artículos 29.6 y 29.7 del Reglamento de ejecución de la Ley 11/1986, de 20 de marzo, de patentes sobre la novedad y la actividad inventiva; citas y explicaciones en apoyo de esta declaración

1.- NOVEDAD

Esta Oficina considera que las reivindicaciones 1-10 cumplen el requisito de novedad.

2.- ACTIVIDAD INVENTIVA El estado de la técnica más cercano a la invención es el documento D01 que describe mediante su número de acceso la secuencia de la sacarosa sintasa y en el cual se indica la función de este enzima en la biosíntesis del almidón. A la luz del estado de la técnica el problema técnico se concreta en la provisión de plantas con rendimientos superiores en almidón que las plantas silvestres. La solución propuesta en la invención es la obtención de plantas transgénicas que sobreexpresan SS

A la luz del estado de la técnica establecido en D01, que aporta la secuencia de la SS así como su implicación en la biosíntesis del almidón, se considera obvio para un experto en la materia, aplicando las técnicas habituales de biología molecular, intentar obtener con expectativas razonables de éxito plantas transgénicas que sobreexpresen la SS y por tanto mejoren los rendimientos de almidón de las plantas silvestres. En consecuencia, esta Oficina considera que las reivindicaciones 1-10 carecen de actividad inventiva.