



УКРАЇНА

(19) **UA** (11) **119636** (13) **C2**
(51) МПК (2019.01)

C12N 15/82 (2006.01)
C12N 5/04 (2006.01)
C12N 5/14 (2006.01)
C12N 15/63 (2006.01)
C12N 9/14 (2006.01)
C12N 15/29 (2006.01)
C07K 14/415 (2006.01)
C07H 21/02 (2006.01)
C07H 21/04 (2006.01)
A01H 1/00
A01H 5/00

МІНІСТЕРСТВО
ЕКОНОМІЧНОГО
РОЗВИТКУ І ТОРГІВЛІ
УКРАЇНИ

(12) ОПИС ДО ПАТЕНТУ НА ВИНАХІД

(21)	Номер заявки:	а 2015 00460	(56)	Перелік документів, взятих до уваги експертизою: DATABASE UniProt: AEE29946.1, 28.01.2011 DATABASE UniProt: CAJ75644.1, 07.03.2006 US 2010/0299782 A1, 25.11.2010 WO 2000/022144 A2, 20.04.2000 US 6653535 B1, 25.11.2003 URITZA VON GROLL ET AL., "The Subtilisin-Like Serine Protease SDD1 Mediates Cell-to-Cell Signaling during Arabidopsis Stomatal Development.", THE PLANT CELL, 2002, vol. 14, pages 1527 - 1539 WO 2011/071050 A1, 16.06.2011 DATABASE UniProt: AAK59433.1, 01.12.2001 ANNA-CHIARA MUSTILLI ET AL., "Arabidopsis OST1 protein kinase mediates the regulation of stomatal aperture by abscisic acid and acts upstream of reactive oxygen species production", PLANT CELL, 2002, vol. 14, no. 12, pages 3089 - 3099 DATABASE UniProt: AEE86300.1, 22.07.2008 US 2004/216190 A1, 28.10.2004 US 2004/106198 A1, 03.06.2004 KENTA HARA ET AL, "Epidermal cell density is autoregulated via a secretory peptide, EPIDERMAL PATTERNING FACTOR 2 in Arabidopsis leaves", PLANT AND CELL PHYSIOLOGY, OXFORD UNIVERSITY PRESS, UK, vol. 50, no. 6, 01.06.2009, pages 1019 - 1031 SHIGEO S. SUGANO ET AL, "Stomagen positively regulates stomatal density in Arabidopsis", NATURE, United Kingdom, vol. 463, no. 7278, 14.01.2010, pages 241 - 244 LEE HUNT ET AL, "The signalling peptide EPFL9 is a positive regulator of stomatal development", NEW PHYTOLOGIST, GB, vol. 186, no. 3, 10.05.2010, pages 609 - 614 HUNT LEE ET AL, "The Signaling Peptide EPF2 Controls Asymmetric Cell Divisions during Stomatal Development", CURRENT BIOLOGY, vol. 19, no. 10, 26.05.2009, pages 864 - 869 NADEAU ET AL, "Stomatal development: new signals and fate determinants", CURRENT OPINION IN PLANT BIOLOGY, QUADRANT SUBSCRIPTION SERVICES, GB, vol. 12, no. 1, 01.02.2009, pages 29 - 35 WO 2006/076423 A2, 20.07.2006
(22)	Дата подання заявки:	21.06.2013		
(24)	Дата, з якої є чинними права на винахід:	25.07.2019		
(31)	Номер попередньої заявки відповідно до Паризької конвенції:	61/663,071		
(32)	Дата подання попередньої заявки відповідно до Паризької конвенції:	22.06.2012		
(33)	Код держави-учасниці Паризької конвенції, до якої подано попередню заявку:	US		
(41)	Публікація відомостей про заявку:	12.01.2016, Бюл.№ 1		
(46)	Публікація відомостей про видачу патенту:	25.07.2019, Бюл.№ 14		
(86)	Номер та дата подання міжнародної заявки, поданої відповідно до Договору РСТ	PCT/US2013/047102, 21.06.2013		
(72)	Винахідник(и): Шредер Джуліан І. (US), Інжинір Кавас (US)			
(73)	Власник(и): ДЗЕ РІДЖЕНТС ОФ ДЗЕ ЮНІВЕРСІТІ ОФ КАЛІФОРНІЯ, 1111 Franklin Street, 8th Floor, Oakland, CA 94607-5200, United States of America (US)			
(74)	Представник: Мошинська Ніна Миколаївна, реєстр. №115			

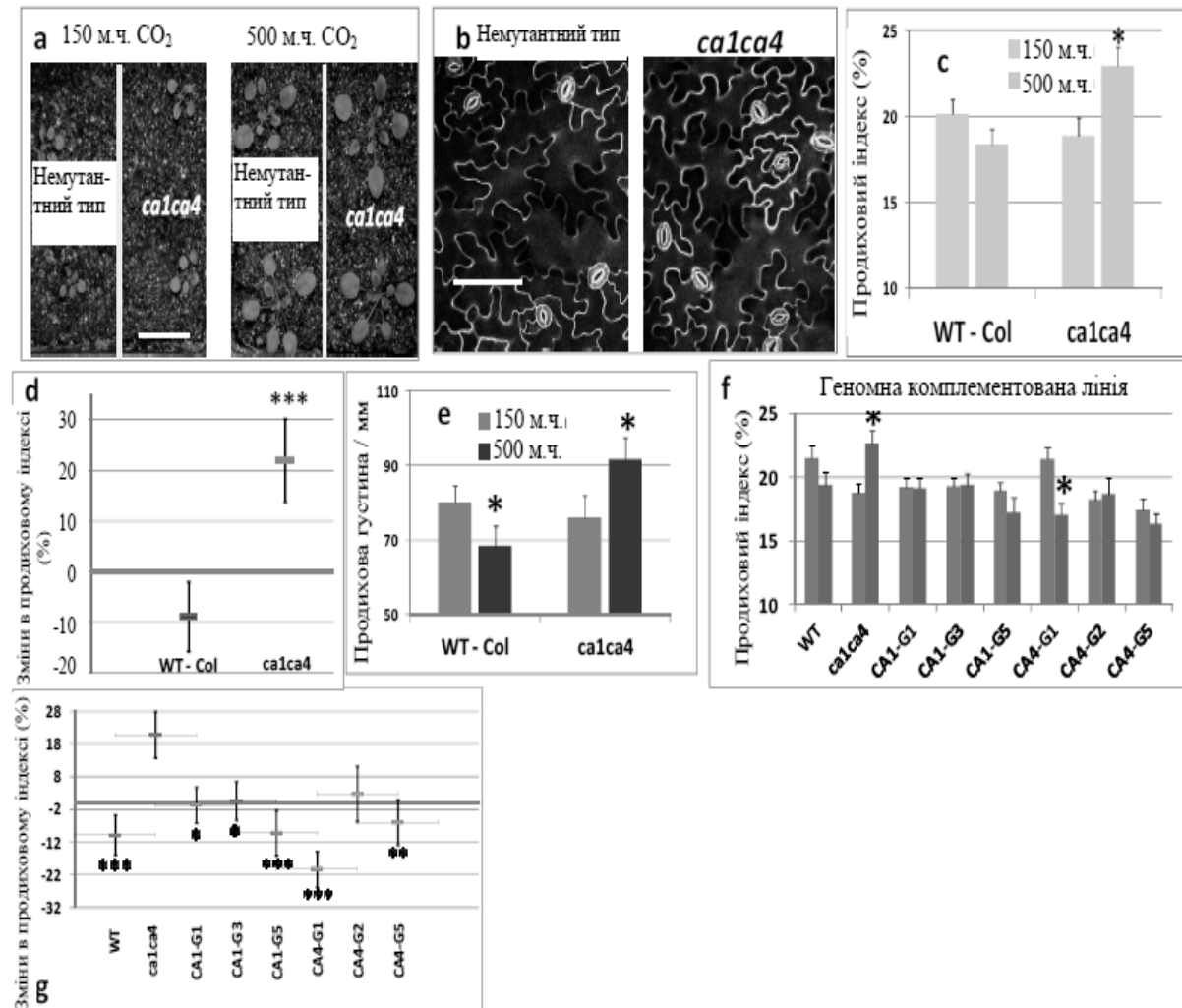
UA 119636 C2

(54) СПОСІБ, ЩО СПРИЧИНЯЄ РОЗВИТОК ПРОДИХІВ У ВІДПОВІДЬ НА ДІОКСИД ВУГЛЕЦЮ ДЛЯ РОЗВИТКУ ПОСУХОСТІЙКОСТІ У РОСЛИН

(57) Реферат:

Спосіб зниження обміну діоксиду вуглецю (CO₂) та/або води за рахунок рослинних продихів шляхом контролювання експресії апопластичного субтилізинподібного протеїну серинендопептидази.

Фігура 1



ЗАЯВА ПРО СПОНСОРУВАННЯ ДОСЛІДЖЕННЯ УРЯДОМ

Даний винахід було зроблено за підтримки уряду грантом № MCB0918220, наданим Національним науковим фондом, та грантом № GM060396, наданим Національним інститутом здоров'я (NIH). Уряд має певні права на даний винахід.

5 ВКЛЮЧЕНИЙ ПЕРЕЛІК ПОСЛІДОВНОСТЕЙ

Перелік послідовностей, який міститься у файлі з ім'ям SEQ-ID-PCT_USSN_ 61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt, що має розмір 628 кілобайт (КБ) (644056 байт) (вимірюється в операційній системі MS Windows), та був створений 21 червня 2013, подається разом з даним документом та є включеним в даний опис як посилання.

10 ГАЛУЗЬ ВІНАХОДУ

Винахід стосується, взагалі, молекулярної та клітинної біології рослин. В альтернативних варіантах здійснення даний винахід стосується композицій та способів регуляції обміну води та/або діоксиду вуглецю (CO_2) через продихи рослин, що включає стадію модуляції щільності продихів рослин за допомогою зміни експресії нового апопластичного субтилізиноподібного серинендопептидазоподібного протеїну, необов'язково в поєднанні з контролем продихового руху через зміни в експресії чутливих до CO_2 генів, та/або з експресією протеїнінази OST1 (відкритий продих 1) та пов'язаних з нею протеїніназ SnRK2.2 та SnRK2.3 та їхніх генів. В альтернативних варіантах втілення винахід стосується рослин, рослинних тканин та клітин, що мають підвищену ефективність споживання води, посухостійких рослин, рослинних тканин та клітин; та способів для розробки водного випаровування та ефективного водокористування в рослинах, та створення рослин з підвищеною ефективністю використання води та посухостійких рослин, рослинних тканин та клітин.

20 ПЕРЕДУМОВИ СТВОРЕННЯ ВІНАХОДУ

Продихові пори в епідермісі листків рослин дозволяють контролювати втрату води рослин та приток CO_2 в рослини з атмосфери. Діоксид вуглецю витягують для фотосинтетичної фіксації вуглецю та вода втрачається в процесі транспірації через продихові пори. Кожен продих складається зі спеціалізованої пари клітин, що називаються замикаючими клітинами, які можуть змінювати розмір продихової пори, контролюючи стан тургору замикаючих клітин.

Важливою рисою в сільському господарстві, в біотехнологічних застосуваннях та виробництві біопалива є ефективність використання рослинами води. Ефективність використання води визначає, наскільки добре рослини можуть збалансувати втрату води через пори з чистим поглинанням CO_2 в листі для фотосинтезу та, отже, накопичення ним біомаси. Кілька біотичних та абіотичних факторів впливають на стан відкриття продихів, а також щільність продихових клітин, оптимізуючи тим самим ефективність використання води рослиною саме в даних умовах. Концентрація CO_2 регулює щільність продихів, де високі рівні CO_2 призводять до зменшення щільності продихів.

WO 2008/134571, Schroeder та ін., описує композиції та способи маніпулювання обміном води та/або діоксиду вуглецю через продихи рослин шляхом управління генами, чутливими до вуглекислого газу. Даний документ стосується композицій та способів відкриття або закриття продихових пор замикаючих клітин в епідермісі рослини.

40 СУТЬ ВІНАХОДУ

В альтернативних варіантах здійснення винахід стосується способів:

підвищення ефективності використання води замикаючої клітини, кореневої клітини, продихової лінії стадієспецифічної клітини, листя рослин, рослинного органу, частини рослини або рослини;

збільшення швидкості росту або виробництва біомаси в замикаючій клітині, кореневій клітині, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листі рослин, рослинному органі, частині рослини або рослині;

підвищення чутливості до вуглекислого газу (CO_2) в замикаючій клітині, кореневій клітині, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листі рослин, рослинному органі, частині рослини або рослині;

знижуючого регулювання або зменшення вуглекислого газу (CO_2) та/або обміну води в замикаючій клітині, кореневій клітині, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листі рослин, рослинному органі, частині рослини або рослині;

зменшення поглинання вуглекислого газу (CO_2) в замикаючій клітині, кореневій клітині, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листі рослин, рослинному органі, частині рослини або рослині; або

підвищення стійкості до посухи замикаючої клітини, кореневої клітини, продихової лінії стадієспецифічної клітини, листа рослини, рослинного органу, частини рослини або рослини; або

зменшення теплостійкості або толерантності (наприклад, в умовах посухи або підвищеного рівня атмосферного вуглекислого газу) замикаючої клітини, кореневої клітини, продихової лінії стадієспецифічної клітини, листі рослин, рослинному органі, частині рослини або рослини;

які включають:

5 (а) в замикаючій клітині, кореневій клітині, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листку рослини, рослинному органі, частині рослини або рослини зі збільшенням експресії та/або активності:

(1) серинендопептидази, апопластичного субтилізинподібного серинендопептидазоподібного протеїну, ATSBT5,2-подібного протеїну, або протеїну субтилізинподібної серинендопептидазної родини, який здатний до розщеплення або розщеплює протеїн EPF2 (фактор епідермального формування 2) таким чином, що він полегшує зв'язування EPF2 з рецептором ERECTA,

10 (2) серинендопептидази, апопластичного субтилізинподібного серинендопептидазоподібного протеїну, ATSBT5,2-подібного протеїну, або родини субтилізиноподібного серинендопептидазного протеїну, гену, цДНК або мРНК (матрична), що кодує поліпептид з серинендопептидазою, апопластичним субтилізиноподібним серинендопептидазоподібним протеїном, ATSBT5,2-подібного протеїну, або родини субтилізинподібного серинендопептидазного протеїну, або

(3) комбінація з (1) та (2);

20 (b) спосіб (а), в якому підвищення експресії та/або активності серинендопептидази, апопластичного субтилізинподібного серинендопептидазоподібного протеїну, ATSBT5,2-подібного протеїну, або родини субтилізиноподібного серинендопептидазного протеїну відбувається шляхом:

(1) забезпечення гетерологічної серинендопептидази, апопластичного субтилізинподібного серинендопептидазоподібного протеїну, ATSBT5,2-подібного протеїну, родини субтилізинподібного серинендопептидазного протеїну або експресуючої ендопептидазу нуклеїнової кислоти (наприклад, ген, цДНК або матрична) та експресуючого гена, цДНК, матричної та/або протеїну в замикаючій клітині, клітині кореню, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листку рослин, рослинному органі, частині рослини або рослини;

30 (2) збільшення експресії та/або активності гомологічної серинендопептидази, яка експресується, ATSBT5.2, який експресується, або протеїну в субтилізиноподібного серинендопептидазного родини, який експресується, або ендопептидази, яка експресується, нуклеїновою кислотою (наприклад, геном, цДНК або одиницею генетичного коду); або,

(3) комбінації з (1) та (2);

35 тим самим забезпечуючи:

підвищення ефективності використання води в замикаючій клітині, кореневій клітині, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листку рослин, рослинному органі, частині рослини або рослині;

40 збільшення швидкості росту або продукування біомаси в замикаючій клітині, кореневій клітині, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листку рослини, рослинному органі, частині рослини або рослині;

підвищення чутливості до діоксиду вуглецю (CO_2) в замикаючій клітині, кореневій клітині, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листку рослини, рослинному органі, частині рослини або рослині;

45 знижуюче регулювання або зменшення діоксиду вуглецю (CO_2) та/або обміну води в замикаючій клітині, кореневій клітині, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листку рослини, рослинному органі, частині рослини або рослині;

зменшення поглинання діоксиду вуглецю (CO_2) в замикаючій клітині, кореневій клітині, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листку рослини, рослинному органі, частині рослини або рослині;

50 підвищення стійкості до посухи замикаючої клітини, кореневої клітини, продихової лінії стадієспецифічної клітини, листка рослини, рослинного органу, частини рослини або рослини; або

зменшення теплостійкості або толерантності замикаючої клітини, кореневої клітини, продихової лінії стадієспецифічної клітини, листка рослини, рослинному органі, частині рослини або рослини.

В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає способи:

підвищуючого регулювання або збільшення обміну діоксиду вуглецю (CO_2) та/або води в замикаючій клітині, кореневій клітині, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листку рослини, рослинному органі, частині рослини або рослині;

зниження ефективності використання води в замикаючій клітині, кореневій клітині, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листку рослини, рослинному органі, частині рослини або рослині;

5 зменшення (десенсибілізація) чутливості до діоксиду вуглецю (CO_2) замикаючої клітини, кореневої клітини, продихової лінії стадієспецифічної клітини, листка рослини, рослинного органу, частини рослини або рослини;

позитивного регулювання або збільшення обміну діоксиду вуглецю (CO_2) та/або води в замикаючій клітині, кореневій клітині, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листку рослини, рослинному органі, частині рослини або рослині;

10 збільшення поглинання діоксиду вуглецю (CO_2) в замикаючій клітині, кореневій клітині, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листку рослини, рослинному органі, частині рослини або рослині;

зниження стійкості до посухи замикаючої клітини, кореневої клітини, продихової лінії стадієспецифічної клітини, листка рослини, рослинного органу, частини рослини або рослини;

15 або збільшення теплостійкості або толерантності (наприклад, в умовах посухи або підвищеного рівня атмосферного діоксиду вуглецю); що включає:

(а) у клітині замикаючої клітини, кореневої клітини, продихової лінії стадієспецифічної клітини, листка рослини, рослинного органу, частини рослини або рослини, зниження експресії та/або активності:

20 (1) нуклеїнової кислоти, що експресує серинендопептидазу, апопластичний субтилізиноподібний серинендопептидазоподібний протеїн, ATSBT5.2-подібний протеїн або протеїн субтилізиноподібної серинендопептидазної родини, який є здатним до розщеплення або розщеплює протеїн EPF2 (фактор епідермального формування 2) таким чином, що він полегшує зв'язування EPF2 з рецептором ERECTA; або

25 (2) серинендопептидази, апопластичного субтилізинподібного серинендопептидазоподібного протеїну, ATSBT5.2-подібного протеїну, або апопластичної субтилізинподібної серинендопептидази або ендopeптидази, або

30 протеїну субтилізиноподібної серинендопептидазної родини, гену, цДНК або мРНК (матрична), що кодує поліпептид з серинендопептидазою, апопластичний субтилізинподібний серинендопептидазоподібний протеїн, ATSBT5.2-подібний протеїн або апопластичну субтилізинподібну серинендопептидазу або ендopeптидазу;

(b) спосіб (а), в якому зменшення експресії та/або активності серинендопептидази, апопластичного субтилізинподібного серинендопептидазоподібного протеїну, ATSBT5.2-подібного протеїну або ендopeптидази є результатом:

35 (1) забезпечення гетерологічної антисмислової, іРНК, siРНК або штучної мікроРНК (miРНК), які інгібують нуклеїнову кислоту (наприклад, щоб зменшити або скасувати експресію або активність гена, цДНК або мРНК (матрична)), яка кодує серинендопептидазу, кодує ATSBT5.2-подібний протеїн, кодує апопластичний субтилізинподібний серинендопептидазоподібний протеїн, кодує протеїн субтилізинподібної серинендопептидазної родини або кодує ендopeптидазу; або будь-якої нуклеїнової кислоти або сполуки, яка інгібуює експресію серинендопептидази, ATSBT5.2-подібного протеїну, апопластичного субтилізинподібного серинендопептидазоподібного протеїну, протеїну субтилізинподібної серинендопептидазної родини або ендopeптидази; та, експресії інгібіторної нуклеїнової кислоти або сполуки, або гетерологічної антисмислової, іРНК, siРНК або штучної мікроРНК (miРНК) в замикаючій клітині, кореневій клітині, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листку рослини, рослинному органі, частині рослини або рослині;

45 (2) зменшення експресії та/або активності гомологічної нуклеїнової кислоти (наприклад, гена, цДНК або мРНК (одиниця генетичного коду)), яка кодує серинендопептидазу, кодує ATSBT5.2-подібний протеїн, кодує апопластичний субтилізиноподібний серинендопептидазоподібний протеїн, кодує протеїн субтилізиноподібної серинендопептидазної родини або кодує ендopeптидазу; або,

(3) комбінація (1) та (2); тим самим забезпечуючи:

55 підвищує регулювання або збільшення обміну діоксиду вуглецю (CO_2) та/або води в замикаючій клітині, кореневій клітині, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листку рослини, рослинному органі, частині рослини або рослині;

зниження ефективності використання води в замикаючій клітині, кореневій клітині, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листку рослини, рослинному органі, частині рослини або рослині;

60 збільшення швидкості росту або продукування біомаси в замикаючій клітині, кореневій

клітині, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листку рослини, рослинному органі, частині рослини або рослині;

зменшення (десенсибілізація) чутливості до діоксиду вуглецю (CO₂) замикаючої клітини, кореневої клітини, продихової лінії стадієспецифічної клітини, листка рослини, рослинного органу, частини рослини або рослини;

позитивне регулювання або збільшення обміну діоксиду вуглецю (CO₂) та/або води в замикаючій клітині, кореневій клітині, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листку рослини, рослинному органі, частині рослини або рослині;

збільшення поглинання CO₂ в замикаючій клітині, кореневій клітині, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листку рослини, рослинному органі, частині рослини або рослині;

зниження стійкості до посухи замикаючої клітини, кореневої клітини, продихової лінії стадієспецифічної клітини, листка рослини, рослинного органу, частини рослини або рослини; або

збільшення стійкості або толерантності до тепла замикаючої клітини, кореневої клітини, продихової лінії стадієспецифічної клітини, листка рослини, рослинного органу, частини рослини або рослини.

В альтернативних варіантах втілення, серинендопептидаза, ATSBT5.2-подібний протеїн або протеїн субтилізиноподібної серинендопептидазної родини містить амінокислотну послідовність, яка має приблизно від 75% до 100% ідентичності послідовності, або 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, або більше, або повну (100%) ідентичність послідовності, з

(а) амінокислотною послідовністю, яка включає або складається з будь-яких амінокислотних послідовностей з SEQ ID NO:2, SEQ ID NO:4, SEQ ID NO:5, SEQ ID NO:6, SEQ ID NO:7, SEQ ID NO:8, SEQ ID NO:9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO:13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO:16, SEQ ID NO:17, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO:20, SEQ ID NO:21, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:26, SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29, SEQ ID NO:30, SEQ ID NO:31, SEQ ID NO:32, SEQ ID NO:33, SEQ ID NO:34, SEQ ID NO:35, SEQ ID NO:36, SEQ ID NO:37, SEQ ID NO:38, SEQ ID NO:39, SEQ ID NO:40, SEQ ID NO:41, SEQ ID NO:42, SEQ ID NO:43, SEQ ID NO:44, SEQ ID NO:45, SEQ ID NO:46, SEQ ID NO:47, SEQ ID NO:48, SEQ ID NO:49, SEQ ID NO:50, SEQ ID NO:51, SEQ ID NO:52, SEQ ID NO:53, SEQ ID NO:54, SEQ ID NO:55, SEQ ID NO:56, SEQ ID NO:57, SEQ ID NO:58, SEQ ID NO:59, SEQ ID NO:60, SEQ ID NO:61, SEQ ID NO:62, SEQ ID NO:63, SEQ ID NO:64, SEQ ID NO:65, SEQ ID NO:66, SEQ ID NO:67, SEQ ID NO:68, SEQ ID NO:69, SEQ ID NO:70, SEQ ID NO:71 або SEQ ID. No.72;

(b) амінокислотною послідовністю, яка включає або складається з будь-якої однієї з амінокислотних послідовностей SEQ ID NO:2 або SEQ ID NO:4;

(c) амінокислотною послідовністю, яка включає або складається з будь-якої однієї з амінокислотних послідовностей SEQ ID NO:5, SEQ ID NO:8, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:40 або SEQ ID NO:53; або

(d) обробленою формою (наприклад, "зрілою" формою, наприклад, формою з відсутньою сигнальною послідовністю) протеїну (a), (b) або (c).

В альтернативних варіантах втілення, серинендопептидаза, ATSBT5.2-подібний протеїн або протеїн субтилізинподібної серинендопептидазної родини кодується нуклеотидною послідовністю, яка містить або складається з:

(a) будь-яких нуклеотидних послідовностей з SEQ ID NO: 1 або SEQ ID NO:3; або

(b) будь-яких нуклеотидних послідовностей, який кодує будь-яку одну з амінокислотних послідовностей: SEQ ID NO:2, SEQ ID NO:4, SEQ ID NO:5, SEQ ID NO:6, SEQ ID NO:7, SEQ ID NO:8, SEQ ID NO:9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO:20, SEQ ID NO:21, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:26, SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29, SEQ ID NO:30, SEQ ID NO:31, SEQ ID NO:32, SEQ ID NO:33, SEQ ID NO:34, SEQ ID NO:35, SEQ ID NO:36, SEQ ID NO:37, SEQ ID NO:38, SEQ ID NO:39, SEQ ID NO:40, SEQ ID NO:41, SEQ ID NO:42, SEQ ID NO:43, SEQ ID NO:44, SEQ ID NO:45, SEQ ID NO:46, SEQ ID NO:47, SEQ ID NO:48, SEQ ID NO:49, SEQ ID NO:50, SEQ ID NO:51, SEQ ID NO:52, SEQ ID NO:53, SEQ ID NO:54, SEQ ID NO:55, SEQ ID NO:56, SEQ ID NO:57, SEQ ID NO:58, SEQ ID NO:59, SEQ ID NO:60, SEQ ID NO:61, SEQ ID NO:62, SEQ ID NO:63, SEQ ID NO:64, SEQ ID NO:65, SEQ ID NO:66, SEQ ID NO:67, SEQ ID NO:68, SEQ ID NO:69, SEQ ID NO:70, SEQ ID NO:71 або SEQ ID. No.72;

(c) будь-яких нуклеотидних послідовностей, які кодує амінокислотну послідовність, що включає або складається з будь-якої однієї з амінокислотних послідовностей: SEQ ID NO:5,

SEQ ID NO:8, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:40 або SEQ ID NO:53; або

(d) обробленої форми (наприклад, “зрілої” форми, наприклад, форми з відсутньою сигнальною послідовністю) протеїну (a), (b) або (c).

В альтернативних варіантах втілення рослина характеризується контрольованим обміном CO_2 в умовах вмісту CO_2 в навколишньому середовищі 395 м.ч., або в умовах від 365 до 395 м.ч. CO_2 , підвищеному м.ч. CO_2 або зниженому м.ч. CO_2 , або рослина характеризується контрольованим обміном води в умовах вмісту CO_2 в навколишньому середовищі 395 м.ч., або умовах навколишнього середовища від 365 до 395 м.ч. CO_2 , при підвищеному м.ч. CO_2 або при зниженому м.ч. CO_2 ,

де, необов'язково, знижений CO_2 знаходиться в діапазоні від приблизно 390 м.ч. CO_2 до приблизно 1 м.ч. CO_2 або нижче, ніж приблизно 400 м.ч.,

і, необов'язково, підвищений CO_2 становить від приблизно 390 м.ч. до приблизно 1200 м.ч. CO_2 , або вище приблизно 350, 360, 370, 380 або 390 м.ч. до приблизно 1100, 1200, 1300, 1400 або 1500 м.ч.

В альтернативних втіленнях втілення, нуклеїнова кислота (наприклад, гена, цДНК або мРНК), яка експресує серинендопептидазу, яка експресує ATSBT5.2-подібний протеїн, яка експресує протеїн субтилізинподібної серинендопептидазної родини, або експресує ендопептидазу, є функціонально зв'язаною із рослинним промотором експресії, промотором, що індукується, конститутивним промотором, кореневим специфічним промотором, специфічним промотором продихової лінії стадієспецифічної клітини, специфічним промотором замикаючої клітини, промотором, що індукується посухою, промотором, що індукується стресом або активним промотором замикаючої клітини.

В альтернативних варіантах втілення:

підвищує регулювання або збільшення обміну вуглекислого газу (CO_2) та/або води в замикаючій клітині, кореневій клітині, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листку рослини, рослинному органі, частині рослини або рослині;

зниження ефективності використання води в замикаючій клітині, кореневій клітині, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листку рослини, рослинному органі, частині рослини або рослині; або

зменшення або десенсибілізація чутливості до діоксиду вуглецю (CO_2) замикаючої клітини, кореневої клітини, продихової лінії стадієспецифічної клітини, листка рослини, рослинного органу, частини рослини або рослини; або

позитивне регулювання або збільшення обміну вуглекислого газу (CO_2) та/або води в замикаючій клітині, кореневій клітині, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листку рослини, рослинному органі, частині рослини або рослині; яке включає:

(a) забезпечення:

(i) інгібітора нуклеїнової кислоти до експресії, експресуючої серинендопептидазу, експресуючої ATSBT5.2-подібний протеїн, експресуючої протеїн субтилізиноподібної серинендопептидазної родини, або експресуючої ендопептидазу; та/або

(ii) інгібітора нуклеїнової кислоти (наприклад, антисмислової, іРНК, siРНК, мікроРНК або міРНК, або штучної мікроРНК) до експресії серинендопептидази, ATSBT5.2-подібного протеїну, протеїну субтилізиноподібної серинендопептидазної родини, або ендопептидазного гену, цДНК або мРНК;

(b) експресування інгібітору нуклеїнової кислоти до експресії, яка експресує серинендопептидазу, яка експресує ATSBT5.2-подібний протеїн, яка експресує протеїн субтилізиноподібної серинендопептидазної родини, або яка експресує ендопептидазу, нуклеїнової кислоти, гену, цДНК або мРНК (наприклад, що експресує антисмислову, іРНК або інгібітор нуклеїнової кислоти) в замикаючій клітині; та/або експресування інгібітору нуклеїнової кислоти до експресії, яка експресує серинендопептидазу, яка експресує ATSBT5.2-подібний протеїн, яка експресує протеїн субтилізиноподібної серинендопептидазної родини, або яка експресує ендопептидазу нуклеїнової кислоти, гену, цДНК або мРНК, або транскрипту,

тим самим позитивно регулюючи або збільшуючи обмін діоксиду вуглецю (CO_2) та/або води в замикаючій клітині; зменшуючи ефективність використання води замикаючою клітиною, рослиною, листком рослини, органом рослини або частиною рослини; або зменшуючи (десенсибілізуючи) чутливість до діоксиду вуглецю (CO_2) у рослини, листку рослини, органу рослини або частини рослини; або підвищуючи регулювання або збільшуючи обмін діоксиду вуглецю (CO_2) та/або води в замикаючій клітині рослини, листку рослини, органі рослини або частині рослини.

В альтернативних варіантах втілення інгібітор нуклеїнової кислоти до експресії нуклеїнової кислоти, яка експресує CO_2 чутливий протеїн, містить:

(а) нуклеотидну послідовність з, щонайменше, приблизно 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, або 19 або більше нуклеотидів, яка має, щонайменше, приблизно 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% або 99% або більше ідентичність послідовності з нуклеотидною послідовністю, яка кодує серинендопептидазу, ATSBT5.2-подібний поліпептид, протеїн субтилізиноподібної серинендопептидазної родини або ендопептидазу,

та, необов'язково, яка містить амінокислотну послідовність, яка має від приблизно 75% до 100% ідентичності послідовності, або 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, або більше, або повну (100%) ідентичність послідовності з

(а) амінокислотною послідовністю, яка містить або складається з будь-якої однієї з амінокислотних послідовностей: SEQ ID NO:2, SEQ ID NO:4, SEQ ID NO:5, SEQ ID NO:6, SEQ ID NO:7, SEQ ID NO:8, SEQ ID NO:9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO:13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 15, SEQIDNO:16, SEQIDNO:17, SEQ IDNO:18, SEQ ID NO: 19, SEQIDNO:20, SEQ ID NO:21, SEQIDNO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:26, SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29, SEQ ID NO:30, SEQ ID NO:31, SEQ ID NO:32, SEQ ID NO:33, SEQ ID NO:34, SEQ ID NO:35, SEQ ID NO:36, SEQ ID NO:37, SEQ ID NO:38, SEQ ID NO:39, SEQ ID NO:40, SEQ ID NO:41, SEQ ID NO:42, SEQ ID NO:43, SEQ ID NO:44, SEQ ID NO:45, SEQ ID NO:46, SEQ ID NO:47, SEQ ID NO:48, SEQ ID NO:49, SEQ ID NO:50, SEQ ID NO:51, SEQ ID NO:52, SEQ ID NO:53, SEQ ID NO:54, SEQ ID NO:55, SEQ ID NO:56, SEQ ID NO:57, SEQ ID NO:58, SEQ ID NO:59, SEQ ID NO:60, SEQ ID NO:61, SEQ ID NO:62, SEQ ID NO:63, SEQ ID NO:64, SEQ ID NO:65, SEQ ID NO:66, SEQ ID NO:67, SEQ ID NO:68, SEQ ID NO:69, SEQ ID NO:70, SEQ ID NO:71 або SEQ ID. No.72; або

(b) амінокислотною послідовністю, яка містить або складається з будь-якої однієї з амінокислотних послідовностей: SEQ ID NO:2 або SEQ ID NO:4; або

(c) амінокислотною послідовністю, яка містить або складається з будь-якої однієї з амінокислотних послідовностей: SEQ ID NO:5, SEQ ID NO:8, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:40 or SEQ ID NO:53; or

(b) частково або повністю компліментарну послідовність нуклеотидній послідовності (а).

В альтернативних варіантах здійснення інгібітор нуклеїнової кислоти до експресії нуклеїнової кислоти, яка експресує серинендопептидазу, яка експресує ATSBT5.2-подібний протеїн, яка експресує протеїн субтилізиноподібної серинендопептидазної родини, або, яка експресує ендопептидазу, містить:

(а) нуклеотидну послідовність з, щонайменше, приблизно 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18 або 19, або більше нуклеотидів, які мають, щонайменше, приблизно 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% або 99% або більше ідентичність послідовності з нуклеотидною послідовністю з SEQ ID NO: 1 або SEQ ID NO:3, SEQ ID NO:4, SEQ ID NO:5, SEQ ID NO:7, SEQ ID NO:9, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO:17, SEQ ID NO: 19, SEQ IDNO:21, SEQIDNO:23, SEQIDNO:25, SEQ IDNO:27, SEQ ID NO:29, SEQ ID NO:31, SEQ ID NO:33, SEQ ID NO:35, SEQ ID NO:37, SEQ ID NO:39, SEQ ID NO:41, SEQ ID NO:43 або SEQ ID NO:45; або

(b) частково або повністю компліментарну послідовність нуклеотидній послідовності (а).

В альтернативних варіантах здійснення інгібітор нуклеїнової кислоти до експресії нуклеїнової кислоти, яка експресує серинендопептидазу, яка експресує ATSBT5.2-подібний протеїн, яка експресує протеїн субтилізиноподібної серинендопептидазної родини, або, яка експресує ендопептидазу, містить нуклеотидну послідовність з, щонайменше, приблизно 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18 або 19 або більше нуклеотидів, та комплементарну послідовність до нуклеотидної послідовності з, щонайменше, приблизно 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18 або 19 або більше нуклеотидів.

В альтернативних варіантах втілення, нуклеотидна послідовність, яка містить, щонайменше, приблизно 11, 13, 14, 15, 16, 17, 18 або 19, або більше нуклеотидів, представляє собою нуклеотидну послідовність, яка містить, щонайменше, 50, або 100, або 300 нуклеотидів, які мають від 75 до 100% ідентичності послідовності, або 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, або більше, або повну (100%) ідентичність послідовності, до нуклеотидної послідовності, яка кодує поліпептид, що має активність серинендопептидази, ATSBT5.2-подібного протеїну, протеїну субтилізиноподібної серинендопептидазної родини або ендопептидазного протеїну.

В альтернативних варіантах втілення, рослина характеризується контрольованим обміном CO₂ в умовах навколишнього середовища 395 м.ч. CO₂, або в умовах навколишнього середовища від 365 до 395 м.ч. CO₂, підвищеною м.ч. CO₂ або зниженою м.ч. CO₂, або рослина характеризується контрольованим обміном води в умовах навколишнього середовища 395 м.ч.

CO₂, або в умовах навколишнього середовища від 365 до 395 м.ч. CO₂, підвищеною м.ч. CO₂ або зниженою м.ч. CO₂.

В альтернативних варіантах втілення, нуклеїнова кислота, яка інгибує серинендопептидазу, ATSBT5.2-подібний протеїн, протеїн субтилізиноподібної

серинендопептидазної родини або ендopeптидазу, є функціонально зв'язаною з рослинним промотором експресії, промотором, що індукується, конститутивним промотором, кореневим специфічним промотором, специфічним промотором продихової лінії стадієспецифічної клітини, специфічним промотором замикаючої клітини, промотором, що індукується посухою, промотором, що індукується стресом, або активним промотором замикаючої клітини.

В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає способи регулювання обміну

води в клітині в рослині, рослинній клітині, листку рослини, органі рослини або частині рослини, які включають:

(a) експресування або підвищення експресування серинендопептидази, ATSBT5.2-подібного протеїну, протеїну субтилізиноподібної серинендопептидазної родини або ендopeптидазного протеїну, що кодується геном, цДНК або мРНК або транскриптом, що включає: забезпечення серинендопептидази, ATSBT5.2-подібного протеїну, протеїну субтилізиноподібної серинендопептидазної родини або ендopeптидазного протеїну, що експресуються нуклеїною кислотою, геном, цДНК або мРНК або транскриптом, в рослині, замикаючій клітині, рослинній клітині, листку рослини, органі рослини або частині рослини; або

(b) зниження експресії серинендопептидази, ATSBT5.2-подібного протеїну, протеїну субтилізиноподібної серинендопептидазної родини або ендopeптидазного протеїну, що кодується геном, цДНК або мРНК або транскриптом, в рослині, замикаючій клітині, рослинній клітині, листку рослини, органі рослини або частині рослини, шляхом експресування інгібітору нуклеїнової кислоти до експресії серинендопептидази, ATSBT5.2-подібного протеїну, протеїну субтилізиноподібної серинендопептидазної родини або ендopeптидазного протеїну, що експресується нуклеїною кислотою, геном, цДНК або мРНК, або транскриптом, в рослині, замикаючій клітині, рослинній клітині, листку рослини, органі рослини або частині рослини;

тим самим регулюючи обмін води, де знижуюче регулювання або зменшення обміну води досягається шляхом експресії або підвищеної експресії серинендопептидази, ATSBT5.2-подібного протеїну, протеїну субтилізиноподібної серинендопептидазної родини або ендopeптидазного протеїну, та, де позитивне регулювання або збільшення обміну води досягається шляхом зниження експресії ATSBT5.2-подібного протеїну в рослині, замикаючій клітині, клітині рослини, листку рослини, органі рослини або частині рослини.

В альтернативних варіантах втілення, зростання або зниження експресії знаходиться в замикаючій клітині рослини або в попереднику замикаючої клітини рослини.

В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає способи регулювання поглинання води або втрати води в рослині, клітині рослини, листку рослини, органі рослини або частині рослини, які включають:

(a) експресування або підвищення експресії серинендопептидази, ATSBT5.2-подібного протеїну, протеїну субтилізиноподібної серинендопептидазної родини або ендopeптидазного протеїну, що кодується геном, цДНК або мРНК, або транскриптом, шляхом забезпечення серинендопептидази, ATSBT5.2-подібного протеїну, протеїну субтилізиноподібної серинендопептидазної родини або ендopeптидазного протеїну, що експресується нуклеїною кислотою, геном, цДНК або мРНК, або транскриптом в рослині, замикаючій клітині, клітині рослини, листку рослини, органі рослини або частині рослини; або

(b) зниження експресії серинендопептидази, ATSBT5.2-подібного протеїну, протеїну субтилізиноподібної серинендопептидазної родини або ендopeптидазного протеїну, що кодується геном, цДНК або мРНК або транскриптом, в рослині, замикаючій клітині, клітині рослини, листку рослини, органі рослини або частині рослини, шляхом експресування інгібітора нуклеїнової кислоти до експресії нуклеїнової кислоти, гену, цДНК або мРНК, або транскрипту, що експресують ATSBT5.2-подібний протеїн в рослині, замикаючій клітині, клітині рослини, листку рослини, органі рослини або частині рослини;

тим самим регулюючи поглинання води або втрати води, де понижуюче регулювання поглинання води або спричиняюче водокористування досягається шляхом експресії або підвищеної експресії ATSBT5.2-подібного протеїну, та де позитивне регулювання обміну води або підвищення втрати води досягається шляхом зниження експресії серинендопептидази, ATSBT5.2-подібного протеїну, протеїну субтилізиноподібної серинендопептидазної родини або ендopeптидазного протеїну в рослині, клітині рослини, листку рослини, органі рослини або частині рослини.

В альтернативних варіантах втілення, підвищення або зниження експресії відбувається в

рослинній замикаючій клітині або в клітині-попереднику рослинної замикаючої клітини.

В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає способи одержання рослини з підвищеною ефективністю використання води (WUE), або рослини зі стійкістю до посухи, клітини рослини, листка рослини, органу рослини або частини рослини, які включають:

5 експресування або підвищення експресії серинендопептидази, ATSBT5.2-подібного протеїну, протеїну субтилізіноподібної серинендопептидазної родини або ендopeптидазного протеїну, що кодується геном, цДНК або мРНК, або транскриптом, в рослині, замикаючій клітині, клітині рослини, листку рослини, органі рослини або частині рослини

10 тим самим регулюючи поглинання води або втрату води та підвищення WUE в рослині, клітині рослини, листку рослини, органі рослини або частині рослини.

В альтернативних варіантах втілення, підвищення експресії відбувається в рослинній замикаючій клітині або в клітині-попереднику рослинної замикаючої клітини.

15 В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає способи одержання стійкої до нагрівання рослини, замикаючої клітини, клітини рослини, листка рослини, органу рослини або частини рослини, які включають:

зниження експресії серинендопептидази, ATSBT5.2-подібного протеїну, протеїну субтилізіноподібної серинендопептидазної родини або ендopeптидазного протеїну, який кодується геном або транскриптом в рослині, замикаючій клітині, клітині рослини, листку рослини, органі рослини або частині рослини, шляхом експресування інгібітора нуклеїнової
20 кислоти до експресії серинендопептидази, ATSBT5.2-подібного протеїну, протеїну субтилізіноподібної серинендопептидазної родини або ендopeптидазного протеїну, що експресується нуклеїновою кислотою, геном, цДНК або мРНК, або транскриптом в рослині, замикаючій клітині, клітині рослини, листку рослини, органі рослини або частині рослини,

25 тим самим створюючи стійку до тепла рослину, замикаючу клітину, клітину рослини, листок рослини, орган рослини або частину рослини.

В альтернативних варіантах втілення, зниження експресії відбувається в рослинній замикаючій клітині або в попереднику рослинної замикаючої клітини.

30 В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає способи підвищення кількості продихових пор в порівнянні із загальною кількістю клітин (підвищення продихової щільності, продихового індексу та/або продихового розміру) в рослині, частині рослини, органі рослини, листку рослини, які включають:

35 зниження експресії серинендопептидази, ATSBT5.2-подібного протеїну, протеїну субтилізіноподібної серинендопептидазної родини або ендopeптидазного протеїну, що кодується геном, цДНК або мРНК або транскриптом в рослині, замикаючій клітині, клітині рослини, листку рослини, органі рослини або частині рослини, шляхом експресування інгібітора нуклеїнової кислоти до експресії серинендопептидази, ATSBT5.2-подібного протеїну, протеїну субтилізіноподібної серинендопептидазної родини або ендopeптидазного протеїну, що експресується нуклеїновою кислотою, геном, цДНК або мРНК, або транскриптом
40 в рослині, замикаючій клітині, клітині рослини, листку рослини, органі рослини або частині рослини,

тим самим підвищуючи продихову щільність, продиховий індекс та/або продиховий розмір в епідермісі рослини, частини рослини, органу рослини або листку рослини.

В альтернативних варіантах втілення, зниження експресії відбувається в рослинній замикаючій клітині або в її клітині-попереднику.

45 В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає способи зниження кількості продихових пор в порівнянні із загальною кількістю клітин (зниження продихової щільності, продихового індексу та/або продихового розміру) в рослині, частині рослини, органі рослини, листку рослини, які включають:

50 експресування або підвищення експресії серинендопептидази, ATSBT5.2-подібного протеїну, протеїну субтилізіноподібної серинендопептидазної родини або ендopeптидазного протеїну, що кодується геном, цДНК або мРНК або транскриптом в рослині, замикаючій клітині, клітині рослини, листку рослини, органі рослини або частині рослини

тим самим знижуючи продихову щільність, продиховий індекс та/або продиховий розмір в епідермісі рослини, частини рослини, листку рослини, органу рослини.

55 В альтернативних варіантах втілення, експресія або підвищення експресії відбувається в рослинній замикаючій клітині.

60 В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає способи способу збільшення або оптимізування накопичення біомаси в рослині, листку рослини, органі рослини, частині рослини, клітині рослини або насінині за рахунок балансування між втратою води через продихи та системою поглинання CO₂ при фотосинтезі, та, таким чином, збільшення або

оптимізування накопичення біомаси в рослині, листку рослини, частині рослини, органі рослини, клітині рослини або насінині, які включають підвищення або зниження кількості продихових пор в епідермісі рослини, листка рослини, органа рослини або частини рослини, застосовуючи спосіб за винаходом.

5 В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає способи способу зниження температури листка та підвищення транспірації в рослині, листку рослини або клітині рослини, які включають підвищення кількості продихових пор в епідермісі рослини, листка рослини, органа рослини або частини рослини, застосовуючи спосіб за винаходом.

10 В альтернативних варіантах втілення, рослина представляє собою, або замикаючу клітину, клітину рослини, частину рослини або орган рослини, є виділеними та/або отриманими з: (i) двосім'ядольної або односім'ядольної рослини; (ii) пшениці, вівса, жита, ячменю, рису, сорго, маїсу (кукурудзи), тютюну, бобової рослини, люпинів, картоплі, цукрового буряка, гороху, квасолі, сої, хрестоцвітої рослини, цвітної капусти, рапсу (або турнепсу, або канолі), тростини (цукрової тростини), льону, бавовнику, пальми, цукрового буряка, арахісу, 15 дерева, тополі, люпину, бавовняного дерева (капока), пустельної верби, креозотного чагарника, білолізника шерстистого, бальзи, рамі, кенафу, коноплі, розели, джуту або абаки (банана текстильного); або (c) виду з родів *Anacardium*, *Arachis*, *Asparagus*, *Atropa*, *Avena*, *Brassica*, *Citrus*, *Citrullus*, *Capsicum*, *Carthamus*, *Cocos*, *Coffea*, *Cucumis*, *Cucurbita*, *Daucus*, *Elaeis*, *Fragaria*, *Glycine*, *Gossypium*, *Helianthus*, *Heterocallis*, *Hordeum*, *Hyoscyamus*, *Lactuca*, *Linum*, 20 *Lolium*, *Lupinus*, *Lycopersicon*, *Malus*, *Man[iota]hot*, *Majorana*, *Medicago*, *Nicotiana*, *Olea*, *Oryza*, *Panicum*, *Pennisetum*, *Persea*, *Phaseolus*, *Pistachia*, *Pisum*, *Pyrus*, *Prunus*, *Raphanus*, *Ricinus*, *Secale*, *Senecio*, *Sinapis*, *Solanum*, *Sorghum*, *Theobromus*, *Trigonella*, *Triticum*, *Vicia*, *Vitis*, *Vigna* або *Zea*.

25 В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає трансгенну замикаючу клітину, рослину, клітину рослини, рослинну тканину, рослинну насінину або плід, частину рослини або орган рослини, яка містить:

(a) нуклеїнову кислоту, що експресує гетерологічну серинендопептидазу, ATSBT5.2-подібний протеїн, протеїн субтилізіноподібної серинендопептидазної родини або ендопептидазний протеїн; або де, необов'язково, нуклеїнова кислота, ген або транскрипт є функціонально зв'язаними зі здатним до експресії рослинним промотором, промотором, який 30 індукується, конститутивним промотором, кореневим специфічним промотором, специфічним промотором продихової лінії стадієспецифічної клітини, специфічним промотором замикаючої клітини, промотором, що індукується посухою, промотором, що індукується стресом, або активним промотором замикаючої клітини;

35 та, необов'язково, нуклеїнову кислоту, ген або транскрипт є стабільно інтегрованим в ген замикаючої клітини, рослини, клітини рослини, рослинної тканини, рослинної насінини або плоду, частини рослини або органу рослини, або є включеним в епісомальний вектор в замикаючій клітині, рослині, клітині рослини, рослинній тканині, рослинній насінині або плоді, частині рослини або органі рослини.

40 В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає трансгенну замикаючу клітину, рослину, клітину рослини, рослинну тканину, рослинну насінину або плід, частину рослини або орган рослини, які містять:

(a) (1) гетерологічну нуклеїнову кислоту, яка є інгібіторною до нуклеїнової кислоти, що експресує серинендопептидазу, ATSBT5.2-подібний протеїн, протеїн субтилізіноподібної 45 серинендопептидазної родини або ендопептидазний протеїн;

де, необов'язково, інгібіторна нуклеїнова кислота є функціонально зв'язаною зі здатним до експресії рослинним промотором, промотором, який індукується, конститутивним промотором, кореневим специфічним промотором, специфічним промотором продихової лінії стадієспецифічної клітини, специфічним промотором замикаючої клітини, промотором, який 50 індукується посухою, промотором, який індукується стресом, або активним промотором замикаючої клітини;

та, необов'язково, інгібіторна нуклеїнова кислота є стабільно інтегрованою в ген замикаючої клітини, рослини, клітини рослини, рослинної тканини, рослинної насінини або плоду, частини рослини або органу рослини, або є включеною в епісомальний вектор в замикаючій клітині, рослині, клітині рослини, рослинній тканині, рослинній насінині або плоді, частині рослини або органі рослини, 55

та, необов'язково, інгібіторна нуклеїнова кислота містить антисмислову РНК, siРНК, miРНК або iРНК або штучну мікро РНК.

60 В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає трансгенну замикаючу клітину, рослину, клітину рослини, рослинну тканину, рослинну насінину або плід, частину рослини або

орган рослини, які містять:

(а) рекомбінантний ген, де рекомбінантний ген містить підвищуючий експресію рекомбінантний ген або інгібуючий експресію рекомбінантний ген; де підвищуючий експресію рекомбінантний ген містить:

5 і. здатний до експресії промотор рослини, клітини рослини або замикаючої клітини, такий як гетерологічний промотор; та

ii. гетерологічну нуклеїнову кислоту, яка кодує серинендопептидазу, ATSBT5.2-подібний протеїн, протеїн субтилізиноподібної серинендопептидазної родини або ендopeптидазний протеїн;

10 та, необов'язково, що додатково містить термінацію транскрипції та сигнал поліаденілювання;

та, де інгібуючий експресію рекомбінантний ген містить наступні функціонально зв'язані ДНК фрагменти:

i. здатний до експресії промотор рослини, клітини рослини або замикаючої клітини; та

15 ii. гетерологічну нуклеїнову кислоту, яка при транскрибуванні продукує нуклеїнову кислоту (наприклад, рибонуклеїнову кислоту), інгібаторну до експресії нуклеїнової кислоти, гену або транскрипту (мРНК), що експресують серинендопептидазу, ATSBT5.2-подібний протеїн, протеїн субтилізиноподібної серинендопептидазної родини або ендopeптидазний протеїн, які, необов'язково, додатково містять термінацію транскрипції та сигнал поліаденілювання.

20 В альтернативних варіантах втілення замикаючої клітини, рослини, клітини рослини, рослинної тканини, рослинної насінини або плоду, частини рослини або органу рослини за винаходом, нуклеїнова кислота (наприклад, ДНК або цДНК фрагмент), яка кодує ATSBT5.2-подібний протеїн, кодує серинендопептидазу, ATSBT5.2-подібний протеїн, протеїн субтилізиноподібної серинендопептидазної родини або ендopeптидазний протеїн, що містить амінокислотну послідовність, яка має від 75% до 100% ідентичності послідовності, або 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, або більше, або повну (100%) ідентичність послідовності, з

(а) амінокислотою послідовністю, яка містить або складається з будь-якої однієї з амінокислотних послідовностей SEQ ID NO:2, SEQ ID NO:4, SEQ ID NO:5, SEQ ID NO:6, SEQ ID NO:7, SEQ ID NO:8, SEQ ID NO:9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO:13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO:16, SEQ ID NO:17, SEQ ID NO:18, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO:20, SEQ ID NO:21, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:26, SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29, SEQ ID NO:30, SEQ ID NO:31, 35 SEQ ID NO:32, SEQ ID NO:33, SEQ ID NO:34, SEQ ID NO:35, SEQ ID NO:36, SEQ ID NO:37, SEQ ID NO:38, SEQ ID NO:39, SEQ ID NO:40, SEQ ID NO:41, SEQ ID NO:42, SEQ ID NO:43, SEQ ID NO:44, SEQ ID NO:45, SEQ ID NO:46, SEQ ID NO:47, SEQ ID NO:48, SEQ ID NO:49, SEQ ID NO:50, SEQ ID NO:51, SEQ ID NO:52, SEQ ID NO:53, SEQ ID NO:54, SEQ ID NO:55, SEQ ID NO:56, SEQ ID NO:57, SEQ ID NO:58, SEQ ID NO:59, SEQ ID NO:60, SEQ ID NO:61, 40 SEQ ID NO:62, SEQ ID NO:63, SEQ ID NO:64, SEQ ID NO:65, SEQ ID NO:66, SEQ ID NO:67, SEQ ID NO:68, SEQ ID NO:69, SEQ ID NO:70, SEQ ID NO:71 або SEQ ID. No.72;

(b) амінокислотою послідовності, яка містить або складається з будь-якої однієї з амінокислотних послідовностей SEQ ID NO:2 or SEQ ID NO:4;

45 (c) амінокислотою послідовності, яка містить або складається з будь-якої однієї з амінокислотних послідовностей SEQ ID NO:5, SEQ ID NO:8, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:40 or SEQ ID NO:53; or

(d) обробленої форми (наприклад, "зрілої" форми, наприклад, форми з відсутньою сигнальною послідовністю) протеїну (a), (b) або (c).

50 В альтернативних варіантах втілення замикаючої клітини, рослини, клітини рослини, рослинної тканини, рослинної насінини або плоду, частини рослини або органу рослини за винаходом, серинендопептидаза, ATSBT5.2-подібний протеїн, протеїн субтилізиноподібної серинендопептидазної родини або ендopeптидазний протеїн кодується нуклеотидною послідовністю SEQ ID NO: 1 або SEQ ID NO:3.

55 В альтернативних варіантах втілення, нуклеїнова кислота (наприклад, ДНК або цДНК фрагмент), яка при транскрибуванні дає нуклеїнову кислоту (наприклад, інгібаторну рибонуклеїнову кислоту, siPHK, miPHK або штучну мікроPHK), інгібаторну до експресії нуклеїнової кислоти, що експресує ATSBT5.2-подібний протеїн, містить нуклеотидну послідовність з, щонайменше, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18 або 19, або більше нуклеотидів, які мають, щонайменше 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% або 99% або більше 60 ідентичність послідовності з нуклеотидною послідовністю, яка кодує серинендопептидазу,

ATSBT5.2-подібний протеїн, протеїн субтилізиноподібної серинендопептидазної родини або ендопептидазний протеїн, що містить амінокислотну послідовність, яка має від 75% до 100% ідентичності послідовності, або 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, або більше, або повну (100%) ідентичність послідовності, з

(a) амінокислотою послідовністю, яка містить або складається з будь-якої однієї з амінокислотних послідовностей SEQ ID NO:2, SEQ ID NO:4, SEQ ID NO:5, SEQ ID NO:6, SEQ ID NO:7, SEQ ID NO:8, SEQ ID NO:9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO:13, SEQ ID NO: 14, SEQ IDNO:15, SEQ ID NO:16, SEQ ID NO:17, SEQ IDNO:18, SEQ ID NO: 19, SEQIDNO:20, SEQ ID NO:21, SEQIDNO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:26, SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29, SEQ ID NO:30, SEQ ID NO:31, SEQ ID NO:32, SEQ ID NO:33, SEQ ID NO:34, SEQ ID NO:35, SEQ ID NO:36, SEQ ID NO:37, SEQ ID NO:38, SEQ ID NO:39, SEQ ID NO:40, SEQ ID NO:41, SEQ ID NO:42, SEQ ID NO:43, SEQ ID NO:44, SEQ ID NO:45, SEQ ID NO:46, SEQ ID NO:47, SEQ ID NO:48, SEQ ID NO:49, SEQ ID NO:50, SEQ ID NO:51, SEQ ID NO:52, SEQ ID NO:53, SEQ ID NO:54, SEQ ID NO:55, SEQ ID NO:56, SEQ ID NO:57, SEQ ID NO:58, SEQ ID NO:59, SEQ ID NO:60, SEQ ID NO:61, SEQ ID NO:62, SEQ ID NO:63, SEQ ID NO:64, SEQ ID NO:65, SEQ ID NO:66, SEQ ID NO:67, SEQ ID NO:68, SEQ ID NO:69, SEQ ID NO:70, SEQ ID NO:71 або SEQ ID. No.72; або

(b) амінокислотою послідовністю, яка містить або складається з будь-якої однієї з амінокислотних послідовностей SEQ ID NO:2 або SEQ ID NO:4; або

(c) амінокислотою послідовністю, яка містить або складається з будь-якої однієї з амінокислотних послідовностей SEQ ID NO:5, SEQ ID NO:8, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:40 або SEQ ID NO:53; або

(d) повним або частковим їх комплементом.

В альтернативних варіантах втілення, нуклеїнова кислота (наприклад, ДНК або цДНК фрагмент), яка при транскрибуванні дає рибонуклеїнову кислоту, інгібітору до експресії нуклеїнової кислоти, яка експресує серинендопептидазу, ATSBT5.2-подібний протеїн, протеїн субтилізиноподібної серинендопептидазної родини або ендопептидазний протеїн, містить нуклеотидну послідовність з, щонайменше, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, або 19, або більше нуклеотидів, які мають, щонайменше, 94% ідентичність послідовності з нуклеотидною послідовністю, яку вибирають з нуклеотидної послідовності з (яка містить) SEQ ID NO: 1 або SEQ ID NO:3, або повного, або часткового їх комплементу.

В альтернативних варіантах втілення, рибонуклеїнова кислота, інгібіторна до експресії нуклеїнової кислоти, що експресує ATSBT5.2-подібний протеїн, або нуклеїнової кислоти, що експресує серинендопептидазу, протеїн субтилізиноподібної серинендопептидазної родини або ендопептидазний протеїн, містить нуклеотидну послідовність з, щонайменше, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, або 19, або більше нуклеотидів, та комплементарну послідовність до нуклеотидної послідовності з, щонайменше 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, або 19 або більше нуклеотидів. В альтернативних варіантах втілення, рибонуклеїнова кислота, інгібіторна до експресії нуклеїнової кислоти, яка експресує серинендопептидазу, ATSBT5.2-подібний протеїн, протеїн субтилізинподібної серинендопептидазної родини або ендопептидазний протеїн, містить нуклеотидну послідовність з, щонайменше, 19 нуклеотидів, та комплементарну послідовність до нуклеотидної послідовності з, щонайменше, 19 нуклеотидів.

В альтернативних варіантах втілення, рослина представляє собою або замикаючу клітину, рослину, клітину рослини, рослинну тканину, рослинну насінину або плід, частину рослини, або орган рослини виділяють та/або одержують з: (i) дводольної або однодольної рослини; (ii) пшениці, вівса, жита, ячменю, рису, сорго, маїсу (кукурудзи), тютюну, бобової рослини, люпинів, картоплі, цукрового буряка, гороху, квасолі, сої, хрестоцвітої рослини, цвітної капусти, рапсу (або турнепсу, або каноли), тростини (цукрової тростини), льону, бавовнику, пальми, цукрового буряка, арахісу, дерева, тополі, люпину, бавовняного дерева (капока), пустельної верби, креозотного чагарника, білолізника шерстистого, бальзи, рамі, кенафу, коноплі, розели, джуту або абаки (банана текстильного); або (c) виду з родів *Anacardium*, *Arachis*, *Asparagus*, *Atropa*, *Avena*, *Brassica*, *Citrus*, *Citrullus*, *Capsicum*, *Carthamus*, *Cocos*, *Coffea*, *Cucumis*, *Cucurbita*, *Daucus*, *Elaeis*, *Fragaria*, *Glycine*, *Gossypium*, *Helianthus*, *Helserocallis*, *Hordeum*, *Hyoscyamus*, *Lactuca*, *Linum*, *Lolium*, *Lupinus*, *Lycopersicon*, *Malus*, *Man[jota]hot*, *Majorana*, *Medicago*, *Nicotiana*, *Olea*, *Oryza*, *Panieum*, *Pannisetum*, *Persea*, *Phaseolus*, *Pistachia*, *Pisum*, *Pyrus*, *Prunus*, *Raphanus*, *Ricinus*, *Secale*, *Senecio*, *Sinapis*, *Solanum*, *Sorghum*, *Theobromus*, *Trigonella*, *Triticum*, *Vicia*, *Vitis*, *Vigna* або *Zea*.

В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає способи підвищення або зменшення щільності продихових клітин в рослині, частині рослини або органі рослини, що

містять клітини, що передбачаються, замикаючи клітину, рослину, клітину рослини, рослинну тканину, рослинну насінину або плід, частину рослини або орган рослини з рекомбінантним геном, де рекомбінантний ген вибирають з підвищуючого експресію рекомбінантного гена або інгібуючого експресію рекомбінантного гена, або нуклеїнової кислоти (наприклад, ДНК або

- 5 цДНК фрагменту), що кодує серинендопептидазу, ATSBT5.2-подібний протеїн, протеїн субтилізіноподібної серинендопептидазної родини або ендopeптидазний протеїн, для
 - a. регулювання обміну діоксиду вуглецю та води в рослині;
 - b. регулювання поглинання води або втрати води в рослині;
 - c. регулювання ефективності використання води або стійкості до посухи в рослині;
 - 10 d. регулювання накопичення біомаси в рослині; або
 - e. регулювання температури листка та транспірації в рослині.

В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає химерні нуклеїнові кислоти (наприклад, ДНК, цДНК, РНК), як описано в даному документі.

В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає химерні нуклеїнові кислоти (наприклад, ДНК, цДНК, РНК), які містять наступні функціонально зв'язані фрагменти:

(a) рослинний, здатний до експресії промотор

(b) ділянку ДНК, гетерологічну до зазначеного рослиного, здатного до експресії промотора, який при транскрибуванні дає РНК, зазначену РНК, або

що кодує амінокислотну послідовність, яка міститься, що має від 75% до 100% ідентичності послідовності, або 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, або більше, або повну (100%) ідентичність послідовності, з амінокислотною послідовністю, яка містить або складається з будь-якої однієї з амінокислотних послідовностей SEQ ID NO:2, SEQ ID NO:4, SEQ ID NO:5, SEQ ID NO:6, SEQ ID NO:7, SEQ ID NO:8, SEQ ID NO:9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO:17, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO:20, SEQ ID NO:21, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:26, SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29, SEQ ID NO:30, SEQ ID NO:31, SEQ ID NO:32, SEQ ID NO:33, SEQ ID NO:34, SEQ ID NO:35, SEQ ID NO:36, SEQ ID NO:37, SEQ ID NO:38, SEQ ID NO:39, SEQ ID NO:40, SEQ ID NO:41, SEQ ID NO:42, SEQ ID NO:43, SEQ ID NO:44, SEQ ID NO:45, SEQ ID NO:46, SEQ ID NO:47, SEQ ID NO:48, SEQ ID NO:49, SEQ ID NO:50, SEQ ID NO:51, SEQ ID NO:52, SEQ ID NO:53, SEQ ID NO:54, SEQ ID NO:55, SEQ ID NO:56, SEQ ID NO:57, SEQ ID NO:58, SEQ ID NO:59, SEQ ID NO:60, SEQ ID NO:61, SEQ ID NO:62, SEQ ID NO:63, SEQ ID NO:64, SEQ ID NO:65, SEQ ID NO:66, SEQ ID NO:67, SEQ ID NO:68, SEQ ID NO:69, SEQ ID NO:70, SEQ ID NO:71 або SEQ ID. No.72; або,

яка містить, щонайменше, 19 консекutивних нуклеотидів, які мають, щонайменше 94% ідентичність послідовності з нуклеотидною послідовністю, яка кодує поліпептид, який має від 75% до 100% ідентичності послідовності, або 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, або більше, або повну (100%) ідентичність послідовності, з амінокислотною послідовністю, яка містить або складається з будь-якої однієї з амінокислотних послідовностей SEQ ID NO:2, SEQ ID NO:4, SEQ ID NO:5, SEQ ID NO:6, SEQ ID NO:7, SEQ ID NO:8, SEQ ID NO:9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO:18, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO:20, SEQ ID NO:21, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:26, SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29, SEQ ID NO:30, SEQ ID NO:31, SEQ ID NO:32, SEQ ID NO:33, SEQ ID NO:34, SEQ ID NO:35, SEQ ID NO:36, SEQ ID NO:37, SEQ ID NO:38, SEQ ID NO:39, SEQ ID NO:40, SEQ ID NO:41, SEQ ID NO:42, SEQ ID NO:43, SEQ ID NO:44, SEQ ID NO:45, SEQ ID NO:46, SEQ ID NO:47, SEQ ID NO:48, SEQ ID NO:49, SEQ ID NO:50, SEQ ID NO:51, SEQ ID NO:52, SEQ ID NO:53, SEQ ID NO:54, SEQ ID NO:55, SEQ ID NO:56, SEQ ID NO:57, SEQ ID NO:58, SEQ ID NO:59, SEQ ID NO:60, SEQ ID NO:61, SEQ ID NO:62, SEQ ID NO:63, SEQ ID NO:64, SEQ ID NO:65, SEQ ID NO:66, SEQ ID NO:67, SEQ ID NO:68, SEQ ID NO:69, SEQ ID NO:70, SEQ ID NO:71 або SEQ ID. No.72; та необов'язково, крім того, яка містить, щонайменше, комплемент зазначених 19 консекutивних нуклеотидів;

та, необов'язково, термінацію транскрипції та сигнал поліаденілювання, функціональний в рослинних клітинах.

В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає способи одержання клітини рослини зі зміненою продиговою щільністю, продиговим індексом та/або продиговим розміром, де зазначений спосіб включає забезпечення клітини рослини з нуклеїновою кислотою, як описано в даному документі.

В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає способи одержання рослини, частини рослини або органу рослини зі зміненою щільністю продихових клітин, де зазначений спосіб включає

- 5 забезпечення клітини рослини з нуклеїновою кислотою, як описано в даному документі, для генерування трансгенної клітини; та
- регенерування рослини, частини рослини або органу рослини із зазначеної трансгенної клітини рослини.

В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає способи видозміни щільності продихових клітин, які включають селекцію рослини, яка містить заміщення, делецію або вставку одного або більше нуклеотидів в ендегенному гені, який кодує серинендопептидазу, ATSBT5.2-подібний протеїн, протеїн субтилізіноподібної серинендопептидазної родини або ендепептидазний протеїн. Рослина або клітини можуть піддавати обробці мутагеном перед зазначеним відбором. Заміщення, делеція або вставка в результаті можуть призводити до нефункціонального протеїну або укороченого протеїну або не протеїну зовсім. Ендегенний ген, який кодує серинендопептидазу, ATSBT5.2-подібний протеїн, протеїн субтилізіноподібної серинендопептидазної родини або ендепептидазний протеїн, кодує поліпептид, який містить амінокислотну послідовність, може мати від приблизно 75% до 100% ідентичності послідовності з:

(a) амінокислотною послідовністю, яка містить або складається з будь-якої однієї з амінокислотних послідовностей SEQ ID NO:2, SEQ ID NO:4, SEQ ID NO:5, SEQ ID NO:6, SEQ ID NO:7, SEQ ID NO:8, SEQ ID NO:9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO:13, SEQ ID NO: 14, SEQ IDNO:15, SEQIDNO:16, SEQIDNO:17, SEQ IDNO:18, SEQ ID NO: 19, SEQIDNO:20, SEQ ID NO:21, SEQIDNO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:26, SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29, SEQ ID NO:30, SEQ ID NO:31, SEQ ID NO:32, SEQ ID NO:33, SEQ ID NO:34, SEQ ID NO:35, SEQ ID NO:36, SEQ ID NO:37, SEQ ID NO:38, SEQ ID NO:39, SEQ ID NO:40, SEQ ID NO:41, SEQ ID NO:42, SEQ ID NO:43, SEQ ID NO:44, SEQ ID NO:45, SEQ ID NO:46, SEQ ID NO:47, SEQ ID NO:48, SEQ ID NO:49, SEQ ID NO:50, SEQ ID NO:51, SEQ ID NO:52, SEQ ID NO:53, SEQ ID NO:54, SEQ ID NO:55, SEQ ID NO:56, SEQ ID NO:57, SEQ ID NO:58, SEQ ID NO:59, SEQ ID NO:60, SEQ ID NO:61, SEQ ID NO:62, SEQ ID NO:63, SEQ ID NO:64, SEQ ID NO:65, SEQ ID NO:66, SEQ ID NO:67, SEQ ID NO:68, SEQ ID NO:69, SEQ ID NO:70, SEQ ID NO:71 або SEQ ID. No.72; або

(b) амінокислотною послідовністю, яка містить або складається з будь-якої однієї з амінокислотних послідовностей SEQ ID NO:2 або SEQ ID NO:4; або

(c) амінокислотною послідовністю, яка містить або складається з будь-якої однієї з амінокислотних послідовностей SEQ ID NO:5, SEQ ID NO:8, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:40 або SEQ ID NO: 53; або

(d) обробленої форми (наприклад, "зрілої" форми, наприклад, форми з відсутньою сигнальною послідовністю) протеїну (a), (b) або (c).

В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає рослину, яку можуть одержувати або одержують за способом за винаходом.

В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає рослину, яка містить модифікований ендегенний ген, який кодує серинендопептидазу, ATSBT5.2-подібний протеїн, протеїн субтилізіноподібної серинендопептидазної родини або ендепептидазний протеїн, що містить амінокислотну послідовність, яка має від приблизно 75% до 100% ідентичності послідовності, або 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, або більше, або повну (100%) ідентичність послідовності з:

(a) амінокислотною послідовністю, яка містить або складається з будь-якої однієї з амінокислотних послідовностей SEQ ID NO:2, SEQ ID NO:4, SEQ ID NO:5, SEQ ID NO:6, SEQ ID NO:7, SEQ ID NO:8, SEQ ID NO:9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO:13, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 15, SEQIDNO:16, SEQIDNO:17, SEQ IDNO:18, SEQ ID NO: 19, SEQIDNO:20, SEQ ID NO:21, SEQIDNO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:26, SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29, SEQ ID NO:30, SEQ ID NO:31, SEQ ID NO:32, SEQ ID NO:33, SEQ ID NO:34, SEQ ID NO:35, SEQ ID NO:36, SEQ ID NO:37, SEQ ID NO:38, SEQ ID NO:39, SEQ ID NO:40, SEQ ID NO:41, SEQ ID NO:42, SEQ ID NO:43, SEQ ID NO:44, SEQ ID NO:45, SEQ ID NO:46, SEQ ID NO:47, SEQ ID NO:48, SEQ ID NO:49, SEQ ID NO:50, SEQ ID NO:51, SEQ ID NO:52, SEQ ID NO:53, SEQ ID NO:54, SEQ ID NO:55, SEQ ID NO:56, SEQ ID NO:57, SEQ ID NO:58, SEQ ID NO:59, SEQ ID NO:60, SEQ ID NO:61, SEQ ID NO:62, SEQ ID NO:63, SEQ ID NO:64, SEQ ID NO:65, SEQ ID NO:66, SEQ ID NO:67, SEQ ID NO:68, SEQ ID NO:69, SEQ ID NO:70, SEQ ID NO:71 або SEQ ID. No.72; або

(b) амінокислотною послідовністю, яка містить або складається з будь-якої однієї з амінокислотних послідовностей SEQ ID NO:2 або SEQ ID NO:4; або

(c) амінокислотною послідовністю, яка містить або складається з будь-якої однієї з амінокислотних послідовностей SEQ ID NO:5, SEQ ID NO:8, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO:22, SEQ ID NO:40 або SEQ ID NO:53;

де зазначений ендегенний ген містить заміщення, делецію або вставку одного або більше нуклеотидів в ендегенному гені, який кодує серинендопептидазу, ATSBT5.2-подібний протеїн, протеїн субтилізіноподібної серинендопептидазної родини або ендепептидазний протеїн, та де зазначена рослина, та де зазначене заміщення, делеція або вставка в результаті призводять до трансляції нефункціонального протеїна, або укороченого протеїна, або не протеїна зовсім із зазначеного ендегенного гена.

В альтернативних варіантах втілення, рослина відрізняється від, або не є, *Arabidopsis*. В альтернативних варіантах втілення, рослину вибирають з:

(а) пшениці, вівса, жита, ячменю, рису, сорго, маїсу (кукурудзи), тютюну, бобової рослини, люпинів, картоплі, цукрового буряка, гороху, квасолі, сої, хрестоцвітної рослини, цвітної капусти, рапсу (або турнепсу, або канолі), тростини (цукрової тростини), льону, бавовнику, пальми, цукрового буряка, арахісу, дерева, тополі, люпину, бавовняного дерева (капока), пустельної верби, креозотного чагарника, білолізника шерстистого, бальзи, рамі, кенафу, коноплі, розели, джуту або абаки; та/або,

(b) виду з родів *Anacardium*, *Arachis*, *Asparagus*, *Atropa*, *Avena*, *Brassica*, *Citrus*, *Citrullus*, *Capsicum*, *Carthamus*, *Cocos*, *Coffea*, *Cucumis*, *Cucurbita*, *Daucus*, *Elaeis*, *Fragaria*, *Glycine*, *Gossypium*, *Helianthus* чином, *Hemerocallis*, *Hordeum*, *Hyoscyamus*, *Lactuca*, *Linum*, *Lolium*, *Lupinus*, *Lycopersicon*, *Malus*, *Manihot*, *Majorana*, *Medicago*, *Nicotiana*, *Olea*, *Oryza*, *Panicum*, *Pennisetum*, *Persea*, *Phaseolus*, *Pistachia*, *Pisum*, *Pyrus*, *Prunus*, *Raphanus*, *Ricinus*, *Secale*, *Senecio*, *Sinapis*, *Solanum*, *Copro*, *Theobroma*, *Trigonella*, *Triticum*, *Vicia*, *Vitis*, *Vigna* або *Zea*.

В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає способи підвищення ефективності використання води замикаючою клітиною, рослиною, листком рослини, органом рослини або частиною рослини; або підвищення швидкості росту або продукування біомаси в рослині, листку рослини, органі рослини або частині рослини; або підвищення чутливості до діоксиду вуглецю (CO₂) рослини, листка рослини, органа рослини або частини рослини; або знижуючого регулювання або зменшення обміну діоксиду вуглецю (CO₂) та/або води в замикаючій клітині рослини, листку рослини, органі рослини або частині рослини; або зменшення поглинання CO₂; або підвищення стійкості до посухи рослини, листка рослини, органа рослини або частини рослини; або зменшення стійкості або толерантності до тепла рослини, листка рослини, органа рослини або частини рослини; або зменшення щільності продигових клітин рослини, листка рослини, органа рослини або частини рослини; всі в умовах підвищеного атмосферного діоксиду вуглецю, що включають:

(а) в клітині рослини, листку рослини, органу рослини або частини рослини, або в рослинній замикаючій клітині, підвищення експресії та/або активності CO₂ чутливого протеїну або карбоангідрази;

(b) спосіб (а), в якому підвищення експресії та/або активності CO₂ чутливого протеїну або карбоангідрази досягають за рахунок:

(1) забезпечення нуклеїнової кислоти, яка експресує гетерологічний CO₂ чутливий протеїн (наприклад, ген або одиниця генетичного коду), або нуклеїнової кислоти, яка експресує карбоангідразу (наприклад, ген або одиниця генетичного коду), та експресування гена, одиниці генетичного коду та/або протеїну в замикаючій клітині, рослині, листку рослини, органі рослини або частині рослини; або

(2) підвищення експресії та/або активності нуклеїнової кислоти, яка експресує гомологічний CO₂ чутливий протеїн (наприклад, ген або одиниця генетичного коду), або нуклеїнової кислоти, яка експресує гомологічну карбоангідразу (наприклад, ген або одиниця генетичного коду); або,

(3) комбінації (1) та (2); або

(c) спосіб (а) або (b), де карбоангідраза представляє собою β-карбоангідразу, тим самим підвищуючи ефективність використання води замикаючої клітини, рослини, листку рослини, органі рослини або частині рослини; або підвищуючи швидкість росту або продукування біомаси в рослині, листку рослини, органі рослини або частині рослини; або підвищуючи чутливість до діоксиду вуглецю (CO₂) рослини, листка рослини, органу рослини або частини рослини; або знижуючи регулювання або зменшуючи обмін діоксиду вуглецю (CO₂) та/або води в замикаючій клітині, листку рослини, органі рослини або частині рослини; ; або зменшуючи поглинання CO₂; або підвищуючи толерантність до посухи; або зменшуючи стійкість

або толерантність до тепла або зменшення щільності продихових клітин рослини, листка рослини, органу рослини або частини рослини в умовах підвищеного атмосферного діоксиду вуглецю.

В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає способи позитивного регулювання або підвищення обміну діоксиду вуглецю (CO₂) та/або води в замикаючій клітині, рослині, листку рослини, органі рослини або частині рослини; зниження ефективності використання води замикаючою клітиною, рослиною, листком рослини, органом рослини або частиною рослини; або зменшення або десенсибілізування чутливості до діоксиду вуглецю (CO₂) рослини, листка рослини, органа рослини або частини рослини; або підвищуюче регулювання або підвищення обміну діоксиду вуглецю (CO₂) та/або води в замикаючій клітині рослини, листку рослини, органі рослини або частині рослини; або підвищення поглинання CO₂; або зменшення толерантності до посухи рослини, листка рослини, органу рослини або частини рослини; або підвищення стійкості або толерантності до тепла рослини, листка рослини, органу рослини або частини рослини; або підвищення щільності продихових клітин рослини, листка рослини, органа рослини або частини рослини в умовах підвищеного атмосферного діоксиду вуглецю; які включають:

(а) в клітині рослини, листку рослини, органу рослини або частини рослини, або в рослинній замикаючій клітині, зниження експресії та/або активності нуклеїнової кислоти, що експресує CO₂ чутливий протеїн або карбоангідразу;

(b) спосіб (а), в якому зниження експресії та/або активності CO₂ чутливого протеїну або карбоангідрази досягається за рахунок:

(1) забезпечення гетерологічної антисмислової або іРНК для CO₂ чутливого протеїну або карбоангідрази, що кодуються нуклеїновою кислотою (наприклад, знижуючи експресію або активність гену або одиниці генетичного коду), або будь-якої нуклеїнової кислоти, інгібіторної до експресії CO₂ чутливого протеїну або карбоангідрази; та, експресування інгібіторної нуклеїнової кислоти, антисмислової або іРНК в замикаючій клітині, рослині, листку рослини, органі рослини або частині рослини;

(2) зниження експресії та/або активності гомологічного CO₂ чутливого протеїну або карбоангідрази (наприклад, гена або одиниці генетичного коду); або,

(3) комбінації (1) та (2);

(с) спосіб (а) або (b), в якому карбоангідраза є β-карбоангідразою

(d) спосіб (а), або (b), або (с), в якому карбоангідраза є карбоангідразою 1 та/або 4;

тим самим позитивно регулюючи або підвищуючи обмін діоксиду вуглецю (CO₂) та/або води в замикаючій клітині, рослині, листку рослини, органі рослини або частині рослини; знижуючи ефективність використання води замикаючої клітини, рослини, листка рослини, органу рослини або частини рослини; або підвищуючи швидкість росту або продукування біомаси в рослині, листку рослини, органі рослини або частині рослини; або зменшуючи (десенсибілізуючи) чутливість до діоксиду вуглецю (CO₂) рослини, листка рослини, органу рослини або частини рослини; або позитивно регулюючи або підвищуючи обмін діоксиду вуглецю (CO₂) та/або води в замикаючій клітині, листку рослини, органі рослини або частині рослини, або підвищуючи поглинання CO₂; або зменшуючи толерантність до посухи рослини, листка рослини, органу рослини або частини рослини; або підвищуючи стійкість або толерантність до тепла рослини, листка рослини, органу рослини або частини рослини, або підвищуючи щільність продихових клітин рослини, листка рослини, органа рослини або частини рослини в умовах підвищеного атмосферного діоксиду вуглецю.

В альтернативних варіантах втілення, поліпептид має карбоангідразну активність та містить амінокислотну послідовність, яка має від приблизно 75% до 100% ідентичності послідовності, або 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, або більше, або повну (100%) ідентичність послідовності, з

амінокислотною послідовністю з, або амінокислотною послідовністю, яка містить: SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO:82, SEQ ID NO:78, SEQ ID NO:88, SEQ ID NO:90, SEQ ID NO:92, SEQ ID NO:94, SEQ ID NO:96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 108, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 116 або SEQ ID NO: 118; або

амінокислотною послідовністю з (яка містить) SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 80 або SEQ ID NO: 82.

В альтернативних варіантах втілення, поліпептид, який має карбоангідразну активність кодується нуклеотидною послідовністю, яка містить або складається з

(а) будь-якої з нуклеотидних послідовностей з SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 74, SEQ ID NO:

79, SEQ ID NO:81; або

(b) будь-якої з нуклеотидних послідовностей з SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 115 або SEQ ID NO: 117.

В альтернативних варіантах втілення будь-якого зі способів за винаходом, CO₂ чутливий протеїн, який експресується нуклеїновою кислотою або геном, карбоангідраза, яка експресується нуклеїновою кислотою, одиницею генетичного коду або геном, та/або протеїніназа, яка експресується нуклеїновою кислотою, одиницею генетичного коду або геном, є функціонально зв'язаними зі здатним до експресії рослинним промотором, промотором, який індукується, конститутивним промотором, кореневим специфічним промотором, специфічним промотором продихової лінії стадієспецифічної клітини, специфічним промотором замикаючої клітини, промотором, що індукується посухою, промотором, що індукується стресом, або активним промотором замикаючої клітини.

В альтернативних варіантах втілення, нуклеїнова кислота, інгібіторна до експресії CO₂ чутливого протеїну, який експресується нуклеїновою кислотою, або карбоангідрази, яка експресується нуклеїновою кислотою, містить:

(a) нуклеотидну послідовність з, щонайменше, приблизно 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, або 19, або більше нуклеотидів, яка має, щонайменше, приблизно 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, або 99%, або більше ідентичності послідовності з нуклеотидною послідовністю, яка кодує поліпептид, який має карбоангідразну активність,

де поліпептид, необов'язково, містить амінокислотну послідовність, яка має від приблизно 75% до 100% ідентичності послідовності, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, або більше, або повну (100%) ідентичність послідовності, з амінокислотною послідовністю з:

амінокислотною послідовністю з, або амінокислотною послідовністю, яка містить, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 90, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 108, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 116 або SEQ ID NO: 118; або

амінокислотною послідовністю з, або амінокислотною послідовністю, яка містить, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 80 або SEQ ID NO: 82; та/або

(b) частково або повністю компліментарну послідовність нуклеотидній послідовності (a).

В альтернативних варіантах втілення, нуклеїнова кислота, інгібіторна до експресії CO₂ чутливого протеїну, що експресується нуклеїновою кислотою, містить:

(a) нуклеотидну послідовність з, щонайменше, приблизно 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, або 19, або більше нуклеотидів, яка має, щонайменше, приблизно 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, або 99%, або більше ідентичності послідовності з нуклеотидною послідовністю будь-якої з нуклеотидних послідовностей з SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 74, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO:81; або

будь-якої з нуклеотидних послідовностей з SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 115 або SEQ ID NO: 117; та/або

(b) частково або повністю компліментарну послідовність нуклеотидній послідовності (a).

В альтернативних варіантах втілення, нуклеотидна послідовність, яка містить, щонайменше, приблизно 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, або 19, або більше нуклеотидів є нуклеотидною послідовністю, яка містить щонайменше 50, або 100, або 300 нуклеотидів, яка має від 75% до 100% ідентичності послідовності, або, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, або більше, або повну (100%) ідентичність послідовності, нуклеотидній послідовності, який кодує поліпептид, який має карбоангідразну активність.

В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає способи регулювання або видозміни ефективності використання води замикаючою клітиною, рослиною, листком рослини, органом рослини або частиною рослини; або модулювання швидкості росту або продукування біомаси в рослині, листку рослини, органі рослини або частині рослини; або модулювання чутливості до діоксиду вуглецю (CO₂) рослини, листка рослини, органа рослини або частини рослини; або видозміни обміну діоксиду вуглецю (CO₂) та/або води в замикаючій клітині рослини, листку рослини, органі рослини або частині рослини; або видозміни поглинання CO₂; або видозміни толерантності до посухи рослини, листка рослини, органа

рослини або частини рослини; або регулювання стійкості або толерантності до тепла рослини, листка рослини, органа рослини або частини рослини; або модулювання щільності продихових клітин рослини, листка рослини, органа рослини або частини рослини; всі в умовах підвищеного атмосферного діоксиду вуглецю, які включають:

5 (a) видозміну експресії та/або активності нуклеїнової кислоти, що експресує:

(i) серинендопептидазу, апопластичний субтилізинподібний серинендопептидазаподібний протеїн, ATSBT5.2-подібний протеїн, протеїн субтилізиноподібної серинендопептидазної родини або ендopeптидазу, що є здатною до розщеплення або розщеплює EPF2 протеїн (фактор епідермального формування 2) таким чином, що він сприяє зв'язуванню EPF2 з

10 ERECTA рецептором, або

(ii) ATSBT5.2-подібний ген, цДНК або мРНК (матричну), що кодує поліпептид з ендopeптидазною активністю;

відповідно до способу за винаходом; та

(b) видозміну експресії та/або активності CO₂ чутливого протеїну або карбоангідрази, як

15 описано в даному документі.

В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає способи:

регулювання або видозміни ефективності використання води замикаючою клітиною, рослиною, листком рослини, органом рослини або частиною рослини;

модулювання швидкості росту або продукування біомаси в рослині, листку рослини, органі

20 рослини або частині рослини;

модулювання чутливості до діоксиду вуглецю (CO₂) рослини, листка рослини, органа рослини або частини рослини;

видозміни обміну діоксиду вуглецю (CO₂) та/або води в замикаючій клітині рослини, листку рослини, органі рослини або частині рослини; або видозміни поглинання CO₂;

25 видозміни толерантності до посухи рослини, листка рослини, органу рослини або частини рослини;

регулювання стійкості або толерантності до тепла рослини, листка рослини, органа рослини або частини рослини; or,

модулювання щільності продихових клітин рослини, листка рослини, органа рослини або

30 частини рослини; всі в умовах підвищеного атмосферного діоксиду вуглецю, які включають:

(a) видозміну експресії та/або активності: нуклеїнової кислоти, яка експресує апопластичний субтилізинподібний серинендопептидазаподібний протеїн (ATSBT5.2-подібний протеїн), який є здатним до розщеплення або розщеплює EPF2 протеїн (фактор епідермального формування 2) або серинендопептидазу, апопластичний субтилізинподібний

35 серинендопептидазаподібний протеїн, ATSBT5.2-подібний протеїн, протеїн субтилізиноподібної серинендопептидазної родини або ендopeптидазу, ген, цДНК або мРНК (матричну), які кодують поліпептид з ендopeптидазною активністю відповідно до способу за винаходом; та

(b) видозміну експресії та/або активності:

40 OST1 (Відкриті продихи 1, також відомі як SnRK2.6) протеїнкінази, що експресується нуклеїновою кислотою, або OST1 протеїнкіназного гена або мРНК (матрична), які кодують поліпептид з OST1 протеїнкіназною активністю; або

протеїнкінази SnRK2.2- або SnRK2.3, що експресується нуклеїновою кислотою, або SnRK2.2- або SnRK2.3 протеїнкіназного гена або мРНК (матричної), які кодують поліпептид з

45 SnRK2.2- або SnRK2.3 протеїнкіназною активністю (SnRK2 гени є SNF1 генами відповідної протеїнкіназної підродини 2) (SNF1 є "сахарозою неферментуючою 1").

В альтернативних варіантах втілення, поліпептид, який має OST1 протеїнкіназну активність, містить амінокислотну послідовність, має від приблизно 75% до 100% ідентичності послідовності, або 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%,

50 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, або більше, або повну (100%) ідентичність послідовності, з амінокислотною послідовністю з (яка містить) SEQ ID NO:84 або SEQ ID NO:86.

Поліпептид, який має OST1 протеїнкіназну активність може бути кодований нуклеотидною послідовністю з (яка містить) SEQ ID NO:83 або SEQ ID NO:85.

55 В альтернативних варіантах втілення, способи за винаходом можуть додатково включати стадію видозміни експресії та/або активності CO₂ чутливого протеїну або карбоангідрази, які застосовують, щоб здійснити на практиці винахід. Експресія та/або активність серинендопептидази, апопластичного субтилізинподібного серинендопептидазаподібного протеїну, ATSBT5.2-подібного протеїну, протеїну субтилізиноподібної серинендопептидазної

60 родини або ендopeптидазного протеїну можуть бути підвищеними, та експресія та/або

підвищують експресію та/або активність CO₂ чутливого протеїну або карбоангідрази.

В альтернативних варіантах втілення, способи за винаходом:

знижують експресію та/або активність серинендопептидази, апопластичного субтилізинподібного серинендопептидазаподібного протеїну, ATSBT5.2-подібного протеїну, протеїну субтилізиноподібної серинендопептидазної родини або ендopeптидазного протеїну; та/або

підвищують експресію та/або активність OST1 протеїнкінази або протеїнкінази SnRK2.2- або SnRK2.3; та

знижують експресію та/або активність CO₂ чутливого протеїну або карбоангідрази.

В альтернативних варіантах втілення, способи за винаходом:

знижують експресію та/або активність серинендопептидази, апопластичного субтилізинподібного серинендопептидазаподібного протеїну, ATSBT5.2-подібного протеїну, протеїну субтилізиноподібної серинендопептидазної родини або ендopeптидазного протеїну; та

знижують експресію та/або активність OST1 протеїнкінази або протеїнкінази SnRK2.2- або SnRK2.3; та

знижують експресію та/або активність CO₂ чутливого протеїну або карбоангідрази.

В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає способи:

регулювання або видозміни ефективності використання води замикаючою клітиною, рослиною, листком рослини, органом рослини або частиною рослини;

модулювання швидкості росту або продукування біомаси в рослині, листку рослини, органі рослини або частині рослини;

модулювання чутливості до діоксиду вуглецю (CO₂) рослини, листка рослини, органа рослини або частини рослини;

видозміни обміну діоксиду вуглецю (CO₂) та/або води в замикаючій клітині рослини, листку рослини, органі рослини або частині рослини;

видозміни поглинання CO₂; або видозміни толерантності до посухи рослини, листка рослини, органа рослини або частини рослини;

регулювання стійкості або толерантності до тепла рослини, листка рослини, органа рослини або частини рослини; or,

модулювання щільності продигових клітин рослини, листка рослини, органа рослини або частини рослини; всі в умовах підвищеного атмосферного діоксиду вуглецю,

які включають:

експресування або над-експресування CO₂ чутливого протеїну або карбоангідрази, які застосовують, щоб здійснити на практиці спосіб за даним винаходом, в рослині, де експресію та/або активність серинендопептидази, апопластичного субтилізинподібного серинендопептидазаподібного протеїну, ATSBT5.2-подібного протеїну, протеїну субтилізиноподібної серинендопептидазної родини або ендopeптидазного протеїну знижують; або

експресування або над-експресування CO₂ зв'язуючого протеїну або карбоангідрази в рослині, де експресію та/або активність EPF2-подібного протеїну знижують та/або підвищують.

В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає набір, який містить сполуку або сполуки, які застосовують, щоб здійснити на практиці способи за винаходом, та необов'язково інструкції щодо застосування на практиці способу за винаходом.

Деталі одного або більше варіантів втілення за винаходом представлені на кресленнях, які додаються, та в описі нижче. Інші ознаки, об'єкти та переваги за винаходом можуть бути очевидні з опису та креслень, та з формули винаходу.

Всі публікації, патенти, заявки на патент, цитовані в даному документі є таким чином, обов'язково включеними в даний документ як посилання для всіх цілей.

ОПИС КРЕСЛЕНЬ

Креслення, представлені в даному документі, є ілюстративними варіантами втілення винаходу та не призначенні для обмеження обсягу винаходу, як охоплюється формулою винаходу.

Подібні позначення посилання в різних фігурах показують подібні елементи.

Фігура 1 Карбоангідрази *AtCa1* та *AtCa4* є необхідними для пригнічення продигового розвитку при підвищеному CO₂. а, Фотографії, що показують загальну морфологію рослин, вирощених в ґрунті віком 21 день *sa1ca4* двоспрямований мутант та немутований тип рослин, які безперервно вирощували при 150 м.ч. та 500 м.ч. CO₂. Масштабна лінійка, 2 см. b, Зображення абаксимального епідермісу сім'ядоля віком 10 днів *sa1ca4* та немутантний тип

саджанців, вирощених при 500 м.ч. CO₂. Масштабна лінійка, 100 мкм. с-е, Мутації в *AtCa1* та *AtCa4* спричиняють інвертовану відповідь продихового розвитку до підвищеного CO₂, опосередковану пригніченням продихового розвитку, с, Стовпчикові діаграми для продихових показників немутантного типу та *sa1ca4* мутованих саджанців віком 10 днів, вирощених при 150 та 500 м.ч. CO₂ (Продиховий індекс = Відсоток клітин епідермісу, які є продихами; S.I. = 100* [Кількість продихів]/[Кількість продихів + Кількість клітин мостоподібного епітелію]), d, Зміни індуковані підвищеним CO₂ в продиховому індексі (дані з с) для немутантного типу та *sa1ca4* мутантних саджанців, показані як відсоткові зміни в продиховому індексі при 500 м.ч. CO₂ в порівнянні з 150 м.ч. CO₂. е, Продихова густина (кількість продихів на мм²; дані з с) саджанців віком 10 днів для трьох немутантних типів та *sa1ca4* мутанту, f, g, Комплементация з геномними копіями або *AtCa1*, або *AtCa4* пригнічує зростання, індуковане підвищеним CO₂ в продиховому індексі *sa1ca4* мутантних листів, f, Продиховий індекс саджанців віком 10 днів для шести незалежних ліній *sa1ca4* мутанту, комплементованого з геномними копіями або *AtCa1* (CA1-G), або *AtCa4* (CA4-G). Саджанці вирощували одночасно при 150 та 500 м.ч. CO₂. g, Кількісні дані, показані в f щодо змін, індукованих підвищеним CO₂ в продиховому індексі, показані як відсоток змін в продиховому індексі при 500 м.ч. CO₂ по відношенню до 150 м.ч. CO₂. Для всіх фігур: n = 20 на генотип та обробка CO₂ (2 зображення кожне з 10 незалежних саджанців); планки похибок показують стандартну похибку. Статистичні аналізи в усіх фігурах проводили, застосовуючи комплект програмного забезпечення ORIGINPRO 8.6™ для індивідуальних генотипів між обробками CO₂ (с, е, f) або в порівнянні з WT (d) або даними *sa1ca4* мутанту (g), застосовуючи ANOVA та Тьюкі післяекспериментальні дослідження. *** = P < 0,00005, ** = P < 0,005, * = P < 0,05.

Фігура 2 Зріла замикаюча клітина, яка спрямовує каталітичну активність карбоангідрази, є достатньою для не клітинно-автономного пригнічення підвищеного продихового розвитку, опосередкованого підвищеним CO₂ в *sa1ca4*. Продихові рухи, індуковані змінами швидкого CO₂ та абсцизовою кислотою, та ефективність транспірації не спричиняє інверсії в контролі, опосередкованому підвищеним CO₂, продихового розвитку, a-d Експресія або *AtCa1*, або *AtCa4* в зрілих замикаючих клітинах пригнічує інверсію продихового розвитку в *sa1ca4* мутантних рослинах при підвищеному CO₂. а, Модель диференціації клітини епідермісу в незрілій сім'ядолі. Зелений колір зображує більш старшу клітини, які мають диференційовані продихи, та червоний колір зображує епідермальні клітини, що ілюструє спрямованість зрілої замикаючої клітини rGCL::CAII-YFP. d, Кількісний аналіз продихового індексу у саджанців віком 10 днів шести незалежних ліній *sa1ca4* мутанта, комплементованого з YFP конструктами злиття для або *AtCa1* (CA1-YFP), або *AtCa4* (CA4-YFP), показуючи зміни, індуковані підвищеним CO₂, в продиховому індексі, представленою як відсоткові зміни в продиховому індексі при 500 м.ч. CO₂ (в порівнянні з 150 м.ч. CO₂) разом з немутантним типом та *sa1ca4* мутантними рослинами, е, Активність α-карбоангідрази людини в зрілих замикаючих клітинах пригнічує інвертований фенотип продихового розвитку *sa1ca4* мутанта при підвищеному CO₂. Кількісний аналіз трьох незалежних ліній *sa1ca4* мутанта, комплементованого з переважно над-експресією замикаючої клітини YFP злиття альфа-карбоангідрази II людини, демонструючи зміни, індуковані підвищеним CO₂ в продиховому індексі, показаному як відсоткові зміни в продиховому індексі при 500 м.ч. CO₂ (в порівнянні з 150 м.ч. CO₂) разом з немутантним типом та *sa1ca4* мутантом, f-g, Продихові рухи, індуковані змінами швидкого CO₂ та абсцизовою кислотою та ефективність транспірації не спричиняє інверсії в контролі, опосередкованому підвищеним CO₂, продихового розвитку, f, Стовпчикові діаграми, що показують продиховий індекс в немутантному типі Columbia та *ostl-3* мутанті при низькому та підвищеному CO₂.

Фігура 3 *Eyl2* регулюється TCO21 та є найважливішим для контролю CO₂ продихового розвитку, а, рівні транскрипту *Epf2* індукуються при підвищеному CO₂ в WT, але не *sa1ca4* рослини. Рівні *Epf2* мРНК (qPCR, n = 3 від -500 об'єднаних саджанців) в розвитку (5DAG) сім'ядолів немутантного типу та *sa1ca4* мутанту саджанців, які росли при 150 м.ч. та 500 м.ч. CO₂. Рівні експресії нормалізували до *Clathrin* контрольного гена. Вставні бокси показують профілі експресії РНК- Seq для кожного зразку, b-d, MUTE експресія корелює з фенотипом продихової щільності *sa1ca4* мутанта, b, c Конфокальне зображення, яке показує MUTEpro::nucGFP експресію (зелена) в розвитку (5DAG) сім'ядолів немутантного типу (b) та *sa1ca4* (c) рослини, d, Кількісний аналіз MUTEpro::nucGFP експресуючих клітин в немутантному типі та 2 незалежних лініях в *sa1ca4* мутанті тінювого фенотипу, е, *er*, *erl1* *erl2/+* потрібні мутанти показують інверсію контролю, опосередкованого підвищеним CO₂ продихового розвитку. Стовпчикові діаграми, які показують продиховий індекс в немутантному типі Columbia та *er*, *erl1* *erl2/+* потрібному мутанті при низькому та підвищеному CO₂.

Фігура 4 Ідентифікований апопласт листка та CO₂-регульований, що секретує субтилізинподібну серинпротеазу (CRSP) та EPF2, є ключовими медіаторами репресії продихового розвитку, що регулюється підвищенням CO₂ а, *epf2* мутанти показують інверсію контролю продихового розвитку, опосередкованого підвищенням CO₂. Стовпчикові діаграми, які показують продиховий індекс в немутантному типі Columbia та двох незалежних мутантних алелях of *ep2* при низькому та підвищеному CO₂. b, Мутація негативної регуляторної протеази, включена в продиховий розвиток, SDD1, не викликає інверсії в CO₂ контролі продихового розвитку. Стовпчикові діаграми, які показують продиховий індекс в немутантному типі (C24 доступ) та *sddl-1* мутант, який росте при 150 м.ч. та 500 м.ч. CO₂. c-e, *Crsp* (*Sbt5.2*) рівні транскрипту є індукованими при підвищеному CO₂, та *crsp* мутанти показують інверсію репресії продихового розвитку, опосередковану підвищенням CO₂, c, MC/MC спектр (PROTEINPILOT™) ідентифікації пептиду апопластичного протеома листка (56DAG), та пептидна послідовність ідентифікує субтилізинподібну серинпротеазу AtSBT5.2. d, CO₂ контроль рівнів *Sbt5.2* мРНК в розвитку (5DAG) сім'ядоль немутантного типу та *sa1ca4* мутантних саджанців, які ростуть при 150 м.ч. та 500 м.ч. CO₂. Рівні експресії нормалізували до *Clathrin* контрольного гену, e, Стовпчикові діаграми, які показують продиховий індекс в немутантному типі Columbia та двох незалежних алелях для *sbt5.2* мутанта при низькому та підвищеному CO₂.

Фігура 5 Мутації в негативних регуляторних позаклітинних сигналах продихового розвитку. EPF 1 та CHALLAH підтримують CO₂ контроль продихового розвитку, a-b, Стовпчикові діаграми, які показують продиховий індекс в немутантному типі Columbia, (a) *epfl-1* одиночного мутанта, (b) *challah* одиночних мутантних рослин.

Фігура 6 *Sbt3.13* рівні транскрипту не є індукованими підвищенням CO₂ в немутантному типі рослин. Стовпчикові діаграми, які показують qPCR результати для рівнів мРНК в розвитку (5DAG) сім'ядоль немутантного типу та *sa1ca4* мутантних саджанців, які ростуть при 150 м.ч. та 500 м.ч. CO₂ (*n* = 3 від -500 сумарних саджанців). Рівні експресії нормалізували до *Clathrin* контрольного гену.

Фігура 7 CRSP розщепляє EPF2 *in vitro*. Флуоресценція, яка випромінюється, як функція від часу, що показує розщеплення синтетичного EPF2 пептиду CRSP протеазою (CO₂-регульована секретована субтилізинподібна серинпротеаза (CRSP)), синтезованою *in vitro*, застосовуючи систему екстракту вільного від клітин зародків пшениці (IVT) в присутності або за відсутності коктейлю інгібітору протеази (AEBSF).

Фігура 8: Графічно ілюструє відповіді продихової провідності з роздільною здатністю за часом до CO₂ зсувів (365 -> 800 100 м.ч.) у немутантного типу (WT) та *sa1ca4* мутантних рослин. Вимірювання проводили, застосовуючи систему з Li-6400 інфрачервоним (IRGA) на основі газообміну аналізатором з камерою флуориметру (Li-Cor Inc.).

Фігура 9: Графічно ілюструє дані, які показують, що продихове закриття, індуковане високим CO₂ є зменшеним в епідермісі *sa1ca4* мутантного листка. Епідерміс листка обробляли 800 м.ч. CO₂ протягом 30 хв.

Фігура 10: А. Графічно ілюструє фотографії немутантного типу та *sa1ca4* рослини, які росли паралельно. В. Конфокальне зображення абаксимального епідермісу немутантного типу та *sa1ca4* рослин. С, Графічно ілюструє абаксимальні продихові щільності для немутантного типу та *sa1ca4* рослин.

Фігура 11: Графічно ілюструє дані, які показують комплементацию фенотипу продихової щільності *sa1ca4* рослин. А, Вимірювання продихової щільності для епідермісу абаксимального листка wt, *sa1ca4*, та 2 незалежних ліній для *sa1ca4* мутанта, комплементованого з геном ними фрагментами або *AtCa1*, або *AtCa4*. В, Вимірювання продихової щільності для епідермісу абаксимального листка wt, *sa1ca4*, та 2 незалежних ліній *sa1ca4* мутанта, комплементованого з конструктами над-експресії або *AtCa1*, або *AtCa4*.

Фігура 12: MUTE експресія в немутантному типі та *sa1ca4* рослинах. А, Конфокальне зображення верхнього шару GFP та абаксимального епідермісу, фарбованого пропідіуму йодидом, wt та *sa1ca4* рослин. В, Графічно ілюструє кількісний аналіз MUTE-GFP експресуючих клітин на одиницю площі абаксимального епідермісу wt та *sa1ca4* рослин.

Фігура 13: Схематично ілюструє відповідь на діоксид вуглецю (CO₂) та АВА, та сигнальні шляхи, які призводять до продихового закриття та зниженої продихової щільності.

Фігура 14: Графічно ілюструє дані, які показують, що CO₂ контроль продихового розвитку є інтактним в *ostl-3* мутанті.

Фігура 15: Схематично ілюструє клітинні шляхи, або клітинні механізми, що регулюють продиховий клітинний напрямок розвитку.

Фігура 16: Ілюструє картину (Фіг. 16A) та графічно (Фіг. 16B) ілюструє комплементацию

фенотипу продихової щільності *sa1ca4* мутанта при трансформованні з неродинною альфа-карбоангідразою людини (CAII). Три незалежні Т-ДНК лінії (H1, H2 та H3) показують супресію фенотипу високої продихової щільності, що спостерігається у *sa1ca4* мутанта, які застосовували, як фон для трансформації.

5 Фігура 17: Ілюструє термальне зображення та кількісний аналіз температури листа. А, Графічно ілюструє вимірювання температур листка для немутантного типу та *sa1ca4* листки, застосовуючи інфрачервону термальну камеру. В, Графічно ілюструє приклад енхансерної мутантної лінії. С, Графічно ілюструє приклад супресорної мутантної лінії.

10 Фігура 18 или фігура 1 прикладу 3 карбоангідрази CA1 та CA4 є необхідним для репресії продихового розвитку при підвищеному CO₂, а, *sa1ca4* двоспрямований мутант віком 21 день та немутантний тип (WT) рослин, які росли при 150 м.ч. та 500 м.ч. CO₂. Масштабна лінійка, 2 см. b, Конфокальне зображення абаксимального епідермісу сім'ядолі *sa1ca4* віком 10 днів та WT саджанців, які росли при 500 м.ч. CO₂. Масштабна лінійка, 100 мкм. c, Продиховий індекс WT та *sa1ca4* мутантних саджанців, які росли при 150 та 500 м.ч. CO₂, які показують
15 інвертовану відповідь продихового розвитку до підвищеного CO₂. d, Зміни, індуковані підвищеним CO₂, в продиховому індексі (дані з c), які показують як відсоткові зміни в продиховому індексі при 500 м.ч. CO₂ в порівнянні з 150 м.ч. CO₂. e, Продихова щільність (дані з c) для WT та *sa1ca4*. f, Продиховий індекс для шести незалежних ліній *sa1ca4* мутанта, трансформованого з геномними копіями або *AtCa1* (CA1-G), або *AtCa4* (CA4-G), показує репресію індукованого підвищенням CO₂ зростання в продиховому індексі *sa1ca4* мутанта, g,
20 Зміни індуковані підвищенням CO₂ в продиховому розвитку для даних в f. Статистичні порівняння робили між CO₂ обробками (c та e) або в порівнянні з WT (d) або даними *sa1ca4* мутанта (g). Вимірювання продихової щільності та індексу проводили на саджанцях віком 10 днів на всіх фігурах. Додатково описані в прикладі 3, нижче.

25 Фігура 19. або Фігура 2 з прикладу 3 Каталітична активність карбоангідрази, спрямованої зрілої замикаючої клітини автономно пригнічує продиховий розвиток без клітини в *sa1ca4*.

Продихові рухи, індуковані змінами швидкого CO₂, та коефіцієнт транспірації не спричиняє інверсію контролю продихового розвитку, опосередковану підвищенням CO₂, а, Фігура, яка показує епідермальна клітинну диференціацію в незрілій сім'ядолі. Зелений =
30 диференційований епідерміс з продихами (b); червоний = епідермальні клітини, що вводять диференціацію (c). b-c, Конфокальне зображення зрілих (b) або продихів, що розвиваються, (c) в сім'ядолях через 5 днів після зародження (DAG) для ліній, що експресують CAII-YFP конструктор людини, обумовлений преферентативним rGCI промотором²¹ зрілої замикаючої клітини, ілюструючи спрямування зрілої замикаючої клітини rGCI::CAII-YFP. d, Продиховий індекс шести незалежних ліній *sa1ca4* мутанта, трансформованого з або CA1-YFP, або CA4-YFP, які показують супресію інвертованого фенотипу продихового розвитку *sa1ca4* мутанта при підвищеному CO₂. e, CO₂-індукована зміна в продиховому індексі (500 м.ч. проти 150 м.ч.) трьох незалежних ліній *sa1ca4* мутанта, комплементованого із переважно над-експресію замикаючої клітини YFP злиття альфа-карбоангідрази II людини (b). В d та e значимість супресії аналізували відповідно до *sa1ca4*. f, Продиховий індекс в WT Columbia та *ostf-3*
40 мутанті при низькому та підвищеному CO₂. Всі масштабні лінійки, 20 мкм. Додатково описаний в прикладі 3, нижче.

Фігура 20. або Фігура 3 з прикладу 3 *Euf2* експресія є регульованою CO₂ та є основною для CO₂ контролю продихового розвитку, а, Нормалізовані *Epf2* мРНК рівні в (5DAG) сім'ядолях, що розвиваються, WT та *sa1ca4* мутантних саджанців, які показують індукцію при підвищеному CO₂ у WT, але не *sa1ca4*. Вставні бокси показують нормалізовану РНК-Seq експресію *EPF2* екзонів, b-d, MUTE експресія корелює з фенотипом продихового розвитку *sa1ca4* мутанта. Конфокальні зображення, які показують MUTEpro::nucGFP експресію (зелений) в (5DAG) сім'ядолях, що розвиваються, WT (b) та *sa1ca4* (c) рослинах, d, Кількісний аналіз MUTEpro::nucGFP експресуючих клітин в WT та 2 незалежних лініях в *sa1ca4*
50 мутантному тіньовому фенотипі, e, Продиховий індекс в WT та двох незалежних мутантних алелях of *epf2* при низькому та підвищеному CO₂, демонструючи, що *epf2* мутанти показують інверсію контролю продихового розвитку, опосередкованого підвищенням CO₂. Масштабні лінійки, 100 мкм. Додатково описаний в прикладі 3, нижче.

55 Фігура 21. або Фігура 4 з прикладу 3 *Euf2* експресія є регульованою CO₂ та є основною для CO₂ контролю продихового розвитку А Секретована CO₂-регульована субтилізинподібна серинпротеаза, CRSP, є ключовим медіатором репресії продихового розвитку, регульованої підвищенням CO₂, а, Продиховий індекс WT (C24) та *sddl-1* мутанта, який росте при низькому та підвищеному CO₂. b, Послідовність та MC/MC спектр ідентифікації пептиду апопластичного
60 протеома листка для субтилізинподібної серинпротеази AtSBT5.2 (CRSP). c, CO₂ контроль

SBT5.2 (*CRSP*) мРНК рівнів в (5DAG) сім'ядолях, які розвиваються, WT та *ca1ca4* мутантних саджанців, які росли при низькому та підвищеному CO₂. d, Продиховий індекс WT та двох незалежних *crsp* (*sbt5.2*) мутантних алелів при низькому та підвищеному CO₂. e, Зміни у відносній випроміненій флуоресценції протягом часу при розщепленні синтетичного EPF2 пептиду (*synEPF2*) *CRSP* протеазою в присутності або за відсутністю інгібіторів протеази. Додатково описаний в прикладі 3, нижче.

Фігура 22. або Додаткова фігура 2 з прикладу 3 Мутації в негативних регуляторних позаклітинних сигналах продихового розвитку. EPF1 та CHALLAH не демонструють інвертований CO₂ контроль продихового розвитку, a-b, Продиховий індекс WT Columbia віком 10 днів, (a) *epfl-1* одиничний мутант⁷, та (b) *challah*²⁵ одиничні мутантні, саджанці які росли при низьких (150 м.ч.) та підвищених концентраціях (500 м.ч.) CO₂. Два зображення кожного з 10 індивідуальних саджанців одержували на конфокальному мікроскопі для загального з 20 зображень, які аналізують на генотип на обробку CO₂. Показані середні значення ± стандартна похибка. Проводили три біологічних повтори. Додатково описаний в прикладі 3, нижче.

Фігура 23. або Додаткова фігура 2 з прикладу 3 Спектри тандемної мас-спектрометрії (MC/MC), що ідентифікують *CRSP* протеазу в апопластичному протеомі. a, Спектр іону продукту для нативного пептиду TTHSWDFLKYQTSVK (SEQ ID NO: 132) (секретована CO₂-регульована субтилізинподібна серинпротеаза (*CRSP*) безпосередньо виділена з апопластичного екстракту перед трипсиновим розщепленням. Показано спектр іону продукту для іона попередника з *m/z* = 614,33 (+3). Апопластичні протеїни виділяли, чистили та піддавали дослідженню MC/MC як описано в додаткових способах, b, Спектр іону продукту для пептиду AVASAYGSFPTTVIDSK (SEQ ID NO: 133) *CRSP*, ідентифікованого за трипсиновим розщепленням апопластичного екстракту. Показано спектр іону продукту для іону попередника з *m/z* = 857,44 (+2). Спектри іону продукту коментуються у, у +2, b, та b +2, застосовуючи алгоритм моделі (PROTEINPILOT 4.0 ABSCIEX™). Таблиці показують ідентифікацію результатів для пептидів, застосування PROTEINPILOT 4.0. CONF.™ вказує відсотковий довірчий (99 %) показник щодо ідентифікованого пептиду. Розщеплення = будь-яке потенційне *mis*-розщеплення. Дельта мас = теоретична маса – виміряна маса. Z = стан заряду. Додатково описаний в прикладі 3, нижче.

Фігура 24. або Додаткова Фігура 3 з прикладу 3 qPCR для алелей вставки Т-ДНК в *CRSP*. qPCR аналізи для саджанців віком 10 днів проводили для WT, *crsp-1* (SALK_132812C) та *crsp-2* (SALK_099861C). 20 саджанці об'єднували та РНК виділяли для синтезу цДНК та наступного qPCR. Рівні експресії нормалізували до *CLATHRIN* гену. qPCR результати припускають сильне зниження в *CRSP* транскрипті в *crsp-1* мутантному алелі. Мутант *crsp-2* має вставку Т-ДНК на 3' кінці останнього (9^{ого}) екзону та показує частково знижений *CRSP* рівень транскрипту. Щодо послідовності праймера дивись способи.

Додатково описаний в прикладі 3, нижче.

Фігура 25: Графічно ілюструє абаксимальні продихові показники (тобто відсоток епідермальних клітин, які є продихами) для зрілих сім'ядоль (через 10 днів після зародження) Columbia (WT) та *erl05*, *erll-2*, та *erl2-l* одинарних мутантів, які росли при низькому (150 м.ч.; блакитний) та високому (500 м.ч.; червоний) CO₂, як описано детально в прикладі 4, нижче.

Фігура 26: Графічно ілюструє абаксимальні продихові показники (тобто відсоток епідермальних клітин, які є продихами) для зрілих сім'ядоль (через 10 днів після зародження) Columbia (WT) та *erl05*, *erll-2*, та *erl05*, *erl2-l* двоспрямованих мутантів та *erl05*, *erll-2/+*, *erl2-l* потрійного мутанта, які росли при низькому (150 м.ч.; блакитний) та високому (500 м.ч.; червоний) CO₂, як описано детально в прикладі 4, нижче.

Фігура 27: Графічно ілюструє: *In vitro* розщеплення протягом часу (X 10 хвилин) синтетичного EPF2 пептиду (секретована CO₂-регульована субтилізинподібна серинпротеаза (*CRSP*) (таблиця 1 щодо EPF2 послідовності та інформації флуоресцентної мітки). Зміна у відносній флуоресценції, що випромінюється, протягом часу на розщеплення синтетичного EPF2 пептида (*synEPF2*) *CRSP* протеазою в присутності або за відсутністю інгібіторів протеази, як описано детально в прикладі 4, нижче.

Фігура 28: Графічно ілюструє попередні дані з існуючих експериментів *in vitro* розщеплення протягом часу (X10 хвилин) синтетичного EPF2-Long пептиду (Таблиця 1 щодо послідовності та інформації флуоресцентної мітки) (секретована, CO₂-регульована субтилізинподібна серинпротеаза (*CRSP*) та SDD1 протеази та негативний контроль (WG; екстракт з пшеничних зародків). Зростання флуоресценції є таким, що вказує на розщеплення пептиду протягом часу, як описано детально в прикладі 4, нижче.

Фігура 29: Графічно ілюструє абаксимальний продихові показники (тобто відсоток

епідермальних клітин, які є продихами) для зрілих сім'ядоль (через 10 днів після зародження) Columbia (WT) та *crsp* та *epf2-1* одинарні мутанти, та *crsp*, *epf2-1* двоспрямований мутант рослин, які росли при низькому (150 м.ч.; блакитний) та високому (500 м.ч.; червоний) CO₂, як описано детально в прикладі 4, нижче.

5 Фігура 30: Графічно ілюструє абаксимальні продихові показники (тобто відсоток епідермальних клітин, які є продихами) для зрілих сім'ядоль (через 10 днів після зародження) Columbia (WT) та *bor5* мутантних алелей (#20 та #21), які росли при низькому (150 м.ч.; блакитний) та високому (500 м.ч.; червоний) CO₂, як описано детально в прикладі 4, нижче.

10 Фігура 31: Графічно ілюструє локалізований в хлоропласті CA4-YFP чітко або повністю не міг бути комплементом CO₂ нечутливості *ca1ca4* мутантних рослин. 31A) Конфокальні зображення мікроскопу показують YFP флуоресценцію хлоропластів замикаючої клітини немутантного типу (Col) та *ca1ca4* двоспрямованих мутантних рослин, трансформованих зі спрямованістю на хлоропласт pGCl:: CplscA- CA4- YFP конструкт. 31B) Час-розділова здатність продихова провідність трьох рандомізовано вибраних незалежних *ca1ca4* трансгенних ліній, що експресують CA4-YFP в хлоропластах. 31C) Нормалізована продихова провідність показана в 31B. CplscA, сигнальний пептид хлоропласту, що відповідає першим N-термінальним 55AA амінокислотам хлоропласту, специфічний експресуючий CPISCA ген застосовували до мішені CA4-YFP до хлоропластів, як описано детально в прикладі 4, нижче.

20 Фігура 32. Графічно ілюструє, що активація, індукована бікарбонатом, S-типу аніонних каналів є зниженою як в *abil-IL* так та в *abi2-IL* протопластах замикаючої клітини (L= Landsberger доступ). (A, B, C) Типовий запис цілої клітини без бікарбонату та (D, E, F) з підвищеним вільним бікарбонатом, доданим піпеткою до розчину в протопласти замикаючої клітини *Ler* немутантного типу та *abil-IL* та *abi2-IL*. Середні стаціонарні вольт-амперні співвідношення для *Ler* (відкриті кільця, n = 6; заповнені кільця, n = 7), *abil-IL* (відкриті кільця, n = 6; заповнені кільця, n = 7) та *abi2-IL* (відкриті кільця, n = 5; заповнені кільця, n = 8) протопластів замикаючої клітини є показаними на (G), (H) та (I), відповідно, як описано детально в прикладі 4, нижче.

30 Фігура 33: Графічно ілюструє перевірку на достовірність попередньо виділених активаційних кандидатів мічення для тестування, які демонструють сильні фенотипи супресору та енхансеру *cal24* мутанта з прохолодною температурою листка. Дані термічного зображення для 10 індивідуальних рослин на лінію, наступного протягом курсу 8 тижнів. 7 серій незалежних термічних зображень були одержані протягом курсу 8 тижнів. Високо температурний *htl-2* мутант був включеним як контроль, як описано детально в прикладі 4, нижче.

35 Фігура 34: Графічно ілюструє середню температуру листка: Фіг. 34(a) добре зволожені; та, Фіг. 34 (b) оброблені посухою рослини. Застосування інфрачервоний тепловізійної камери, зображення цілої розетки на горщик робили щодня, починаючи з 6 тижнів після проростання, щоб корелювати з експериментом посухи. Температурні точки представляють собою середнє значення всіх рослин для доступу, на обробку. Рослини знову поливали до повного насичення на 9 день (вертикальна лінія), після того як всі вимірювання були зроблені протягом 9 дня. Зауважується перерва в шкалі часу після 9 дня. На 12 день були зроблені вимірювання після 3 днів поливу та відновлення. ("pp2C" відповідає PP2C в чотири рази більшій кількості нокаут-мутантних рослин з *ABI1*, *ABI1*, *HAB1* та *PP2CA* генами), як описано детально в прикладі 4, нижче.

45 Фігура 35: Графічно ілюструє втрату води добре зволжених рослин. На 1 день, рослини мали 6 тижнів після проростання. Дані щодо маси горщика віднімали від початкової маси горщика, щоб вказати масу, втрачену в результаті транспірації та випаровування. Піки та впадини відображають регламент поливу кожного 2^{ого} дня та той факт, що рослини були добре зволженими (тобто не піддавались дії стресу посухи) в даному експерименті. ("pp2C" відповідає PP2C в чотири рази більшій кількості нокаут-мутантних рослин з *ABI1*, *ABI1*, *HAB1* та *PP2CA* генами), як описано детально в прикладі 4, нижче.

50 Фігура 36: Графічно ілюструє втрату води у рослин зі стресом посухи. На 1 день, рослини мали 6 тижнів після проростання. Дані щодо маси горщика віднімали від початкової маси горщика, щоб вказати масу, втрачену в результаті випаровування та транспірації. Ці дані демонструють, що з даним способом ми можемо представити швидкий та уніфікований режим посухи. ("pp2C" відповідає PP2C в чотири рази більшій кількості нокаут-мутантних рослин з *ABI1*, *ABI1*, *HAB1* та *PP2CA* генами), як описано детально в прикладі 4, нижче.

60 Фігура 37: Графічно ілюструє абаксимальні продихові показники (тобто відсоток епідермальних клітин, які є продихами) для зрілих сім'ядоль (через 10 днів після зародження) Columbia (WT) та *crsp* та *epf2-1* та *epf2-2* одинарних мутантів, та *crsp*, *epf2-1* та *crsp*, *epf2-2*

двоспрямованих мутантів (EC1 та EC2), які росли при низькому (блакитний) та високому (червоний) CO₂, як описано детально в прикладі 5, нижче.

Фігура 38: Графічно ілюструє дані, коли малі клітини є включеними в SI розрахунки: Абаксимальні продихові показники (тобто відсоток епідермальних клітин, які є продихами) для зрілих сім'ядоль (через 10 днів після зародження) Columbia (WT) та *erl 05*, *erl 1-2*, та *erl2-1* одинарних (Фіг. 38A) та подвійних (Фіг. 38B) мутантів, які росли при низькому (150 м.ч.; блакитний) та високому (500 м.ч.; червоний) CO₂, як описано детально в прикладі 5, нижче.

Фігура 39: Графічно ілюструє дані, коли малі клітини HE є включеними в SI розрахунки: Абаксимальні продихові показники (тобто відсоток епідермальних клітин, які є продихами) для зрілих сім'ядоль (через 10 днів після зародження) Columbia (WT) та *erl 05*, *erl 1-2*, та *erl2-1* одинарних та двоспрямованих мутантів, які росли при низькому (150 м.ч.; блакитний) та високому (500 м.ч.; червоний) CO₂, як описано детально в прикладі 5, нижче.

Фігура 40: MC спектри *in vitro* реакції розщеплення між синтетичним EPF2 та (секретованою CO₂-регульованою субтилізинподібною серинпротеазою (CRSP)). Прогнозований сайт розщеплення показано червоним та експериментально визначений сайт показано зеленим, як описано детально в прикладі 5, нижче.

ДЕТАЛЬНИЙ ОПИС

В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає композиції та способи варіювання обміном води та діоксиду вуглецю (CO₂) за рахунок рослинних продихів шляхом контролювання експресії та/або активності апопластичного субтилізинподібного серинендопептидази-подібного протеїну, яка є здатною розщеплювати або розщеплює EPF2 протеїн (Фактор епідермального формування 2), надалі в даному документі називається як "ATSBT5.2-подібний протеїн" або "CRSP протеаза" (секретована CO₂-регульована субтилізинподібна серинпротеаза (CRSP)).

Винахід передбачає композиції та способи надмірного або недостатнього експресування ATSBT5.2-подібного протеїну або поліпептидів. Винахід передбачає композиції та способи над-експресування ATSBT5.2-подібного протеїну, щоб створити покращену CO₂ відповідь у рослини, частини рослини, органу рослини, листка, тощо.

Тоді як винахід не ґрунтується на будь-якому конкретному механізмі дії, варіанти втілення винаходу ґрунтуються на роз'ясненнях механізму CO₂ контролю газообміну у рослин. Винахідники продемонстрували, що ATSBT5.2-подібний протеїн є включеним в зниження щільності продихових клітин у відповіді на підвищену концентрацію CO₂.

Аналіз винахідників ATSBT5.2-подібного протеїну (CRSP протеази) (секретованої CO₂-регульованої субтилізинподібною серинпротеазою (CRSP)) та CO₂ регуляції щільності продихових клітин демонструє, що CRSP протеаза є основним регулятором зниження щільності продихових клітин, індукованого CO₂, в епідермісі рослин, що призводить до нової моделі контролю CO₂ газообміну у рослин та додаткових можливостей модулювати обмін води та/або діоксиду вуглецю (CO₂) за рахунок продихів рослини.

Над-експресія генів ATSBT5.2-подібного протеїну викликає покращену CO₂ відповідь. Таким чином, над-експресія ATSBT5.2 подібного протеїну збільшує WUE та продукує більш продуктивну та стійку до посухи рослину, особливо в світлі постійно зростаючої концентрації атмосферного CO₂.

В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає трансгенні рослини (включаючи культурні рослини, такі як польові посівні рослини), клітини, тканини рослин, насіння та органи, та подібні, (які в альтернативних варіантах втілення експресують одну або більше рекомбінантних нуклеїнових кислот, що кодують ATSBT5.2-подібний протеїн), які знижують щільності їх продихових клітин до більшої поширеності, ніж у немутантного типу рослин, тим самим зберігаючи використання ними води. Оскільки ефективність використання води визначає наскільки добре рослина може зберігати рівновагу щодо втрати води за рахунок продихів з мережею поглинання CO₂ для фотосинтезу, та в результаті накопичення ним біомаси, композиції та способи за винаходом, крім того, можуть бути застосовані для підвищення рослинної біомаси, та, таким чином, композиції та способи за винаходом мають застосування в галузі біопалива/альтернативної енергетики.

В альтернативних варіантах втілення, винахід, крім того, передбачає композиції та способи інгібування експресії ATSBT5.2-подібного протеїну, що кодує гени, транскрипти та протеїни, застосовуючи, наприклад, репресію, опосередковану інгібіторною РНК (включаючи антисмислову РНК, співсупресію РНК, siРНК, мікроРНК, двох-ланцюгову РНК, самогібридизуюча РНК та/або РНКі) експресію ATSBT5.2-подібного протеїну в клітинах, таких як замикаючі клітини, в будь-якій рослині, включаючи сільськогосподарські культури.

В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає трансгенні рослини, які мають

більш низьку експресію ATSBT5.2-подібного протеїну та можуть підвищувати щільності своїх продихових клітин до більшої поширеності, ніж у рослин немутантного типу.

В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає рослини, клітини рослини, органи рослини та подібні, наприклад, сільськогосподарські культури, що можуть бути стійкими до підвищених температур - таким чином, попереджаючи "поломку" метаболізму, фотосинтезу та росту. Таким чином, композиції та способи за даним винаходом, шляхом інгібування як експресії ATSBT5.2-подібного протеїну, допомагають культурам, які в іншому випадку були б чутливими до підвищених температур, щоб впоратися з підвищеними концентраціями атмосферного CO₂, також знижуючи або нейтралізуючи прискорене збільшення температур в листку.

В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає композиції та способи, що включають інгібіторну РНК (включаючи антисмислову та РНКі) для репресії експресії ATSBT5.2-подібного протеїну в замикаючих клітинах або клітинах-попередниках, щоб знизити температуру листка за рахунок підвищення транспірації в даних культурах, та також, щоб максимізувати врожайності культури.

В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає композиції та способи понижуючого регулювання/зниження або, альтернативно підвищення, діоксиду вуглецю (CO₂) та/або обміну води в рослині, наприклад, за рахунок замикаючої клітини рослини, клітина рослини, листку рослини, органу рослини або частини рослини, що включає в тому числі застосування ATSBT5.2-подібного поліпептиду.

В той час як винахід не ґрунтується на будь-якому особливому механізмі дії, варіанти втілення композиції та способи за винаходом ґрунтуються на регуляції щільності продихових клітин, включаючи регуляцію ефективності обміну води та CO₂ за рахунок продихів, можуть бути змодельованими або збалансованими більш контрольованим способом шляхом контролювання експресії ATSBT5.2-подібного протеїну, та/або активності, та/або транскрипті, таким чином, експресуючи або підвищуючи експресію ATSBT5.2-подібного протеїну та/або транскриптів.

В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає способи понижуючого регулювання або зниження обміну діоксиду вуглецю (CO₂) та/або води в замикаючій клітині рослини, клітині рослини, листку рослини, органі рослини або частині рослини, що включає експресування в клітині ATSBT5.2-подібного поліпептиду.

Як використовується в даному документі, ATSBT5.2-подібний протеїн або CRSP протеаза (секретована CO₂-регульована субтилізинподібна серинпротеаза (CRSP) стосується апопластичного субтилізинподібного серинендопротеаза-подібного протеїну (ATSBT5.2-подібний протеїн), який є здатним до розщеплення або розщеплює EPF2 протеїн (фактор епідермального формування 2). Аналіз для визначення здатності щодо розщеплення EPF2 протеїну описується в розділі Приклади.

ATSBT5.2-подібні протеїни прийнятні для винаходу включають амінокислотну послідовність, що містить або складається з будь-якої одної з амінокислотних послідовностей з SEQ ID NO:2 або SEQ ID 15 NO:4, як може бути отримано з *Arabidopsis*.

В альтернативних варіантах втілення, можуть застосовувати будь-який ATSBT5.2-подібний протеїн. Ілюстративні ATSBT5.2-подібні протеїни, які можуть застосовувати, щоб здійснити на практиці даний винахід, включають ATSBT5.2-подібні протеїни, виділені або одержані, які можуть бути знайдені в базі даних, та можуть бути ідентифікованими, застосовуючи алгоритми пошуку для амінокислотної послідовності, яка продукує суттєві вирівнювання послідовності, включаючи:

Послідовності, що продукують суттєві вирівнювання у <i>Triticum aestivum</i> :							
Доступ	Опис	Макс. бал	Загальний бал	Пошукове покриття	Е значення	Макс. ідент.	SEQ ID
CAJ75644.1	Субтилізинподібна протеаза [<i>Triticum aestivum</i>]	459	459	86%	1e-152	42%	5
ACB87529.1	Субтилізин-протеаза [<i>Triticum aestivum</i>]	382	382	73%	6e-125	40%	6
CAJ19363.1	субтилізинподібна протеаза [<i>Triticum aestivum</i>]	255	420	76%	4e-76	42%	7

Послідовності, що продукують суттєві вирівнювання у <i>Brachypodium distachyon</i>							
Доступ	Опис	Макс. бал	Загальний бал	Пошукове покриття	Е значення	Макс. ідент.	SEQ ID
ХР 003559397.1	ПРОГНОЗОВАНИЙ: субтилізинподібний протеазоподібний [<i>Brachypodium distachyon</i>]	772	772	98%	0,0	52%	8

Послідовності, що продукують суттєві вирівнювання у <i>Triticum aestivum</i> :							
Доступ	Опис	Макс. бал	Загальний бал	Пошукове покриття	Е значення	Макс. ідент.	SEQ ID
ХР 003567246.1	ПРОГНОЗОВАНИЙ: субтилізинподібна протеазоподібна [<i>Brachypodium distachyon</i>]	612	612	97%	0,0	45%	9
ХР 003578494.1	ПРОГНОЗОВАНИЙ: субтилізинподібна протеаза SDDI- подібна [<i>Brachypodium distachyon</i>]	530	530	95%	7e-179	41%	10
ХР 003569718.1	ПРОГНОЗОВАНИЙ: субтилізинподібна протеазоподібна [<i>Brachypodium distachyon</i>]	523	523	95%	4e-176	40%	11
ХР 003571078.1	ПРОГНОЗОВАНИЙ: субтилізинподібна протеазоподібна [<i>Brachypodium distachyon</i>]	511	511	97%	3e-171	41%	12
ХР 003559080.1	ПРОГНОЗОВАНИЙ: субтилізинподібна протеазоподібна [<i>Brachypodium distachyon</i>]	492	492	90%	4e-164	42%	13
ХР 003576659.1	ПРОГНОЗОВАНИЙ: субтилізинподібна протеазоподібна [<i>Brachypodium distachyon</i>]	491	491	94%	8e-164	40%	14
ХР 003558354.1	ПРОГНОЗОВАНИЙ: субтилізинподібна протеазоподібна [<i>Brachypodium distachyon</i>]	489	489	90%	4e-163	40%	15
ХР 003581547.1	ПРОГНОЗОВАНИЙ: субтилізинподібна протеазоподібна [<i>Brachypodium distachyon</i>]	486	486	90%	1e-161	40%	16

Послідовності, що продукують суттєві вирівнювання у <i>Zea mays</i> :							
Доступ	Опис	Макс. бал	Загальний бал	Пошукове покриття	Е значення	Макс. ідент.	SEQ ID
NP 001145938.1	неописаний попередник протеїна LOC100279461 [Zea mays] >gb ACL52885.1 невідомий [Zea mays]	571	571	86%	0,0	46%	17
NP 001159267.1	неописаний попередник протеїна LOC100304357 [Zea mays] >gb ACN25629.1 невідомий [Zea mays]	541	541	98%	0,0	41%	18
NP 001169390.1	неописаний попередник протеїна LOC100383258 [Zea mays] >gb ACN33599.1 невідомий [Zea mays]	537	537	95%	0,0	42%	19
ACN27710.1	невідомий [Zea mays]	482	482	90%	2e-161	41%	20
NP 001151755.1	попередник субтилізинподібної протеази [Zea mays] >gb ACG44232.1 попередник субтилізинподібної протеази	482	482	98%	5e-160	38%	21

Послідовності, що продукують суттєві вирівнювання у <i>Oryza sativa</i> :							
Доступ	Опис	Макс. бал	Загальний бал	Пошукове покриття	Е значення	Макс. ідент.	SEQ ID
EAZ09528.1	гіпотетичний протеїн Osl_31804 [Oryza sativa Indica Group]	745	745	94%	0,0	52%	22
EAY73513.1	гіпотетичний протеїн Osl_01395 [Oryza sativa Indica Group]	593	593	91%	0,0	45%	23
BAA89562.1	передбачуваний субтилізинподібний протеїн [Oryza sativa Japonica Group]	591	591	91%	0,0	45%	24
NP 001063751.1	Os09g0530800 [Oryza sativa Japonica Group] >dbj BAF25665.1 Os09g0530800 [Oryza sativa Japonica Group] >gb EAZ45452.1 гіпотетичний протеїн Osj_30103 [Oryza sativa Japonica Group]	546	546	98%	0,0	42%	25

Доступ	Опис	Макс. бал	Загальний бал	Пошукове покриття	Е значення	Макс. ідент.	SEQ ID
EAZ09847.1	гіпотетичний протеїн OsI_32138 [Oryza sativa Indica Group]	543	543	98%	0,0	42%	26
NP 001175897.1	Os09g0482660 [Oryza sativa Japonica Group] >dbj BAH94625.1 Os09g0482660 [Oryza sativa Japonica Group]	521	521	66%	2e-178	54%	27
EAY84890.1	гіпотетичний протеїн OsI_06255 [Oryza sativa Indica Group]	510	510	91%	2e-170	43%	28
NP 001046210.1	Os02g0198700 [Oryza sativa Japonica Group] >dbj BAD25466.1 передбачувана субтилізинподібна протеїназа AIR3 [Oryza sativa Japonica Group] >dbj BAF08124.1 Os02g0198700	510	510	91%	2e-170	43%	29

Послідовності, що продукують суттєві вирівнювання у <i>Oryza sativa</i> :							
Доступ	Опис	Макс. бал	Загальний бал	Пошукове покриття	Е значення	Макс. ідент.	SEQ ID
EEE69917.1	гіпотетичний протеїн OsJ_29768 [Oryza sativa Japonica Group]	507	507	94%	3e-169	41%	30
EEC71416.1	гіпотетичний протеїн OsI_03596 [Oryza sativa Indica Group]	504	504	94%	3e-168	40%	31
BAB21149.1	субтилізинподібний протеїназоподібний [Oryza sativa Japonica Group] >dbj BAB90087.1 субтилізинподібний протеїназоподібний [Oryza sativa Japonica Group]	504	504	94%	3e-168	40%	32

Доступ	Опис	Макс. бал	Загальний бал	Пошукове покриття	Е значення	Макс. ідент.	SEQ ID
NP 001050634.1	0s03g0605300 [Oryza sativa Japonica Group] >gb AAR87229.1 передбачувана субтилізинподібна протеїназа [Oryza sativa Japonica Group] >gb AAT78773.1 передбачувана серинпротеаза [Oryza sativa Japonica Group] >gb ABF97524.1 кукумізинподібна серинпротеаза, передбачувана, експресована [Oryza sativa Japonica Group] >dbj BAF12548.1 0s03g0605300 [Oryza sativa Japonica Group] >gb EAZ27735.1 гіпотетичний протеїн OsJ_I1683 [Oryza sativa Japonica Group]	493	493	90%	3e-164	42%	33
EAZO 1729.1	гіпотетичний протеїн Osl_23755 [Oryza sativa Indica Group]	494	494	95%	5e-164	40%	34
NP 001174909.1	0s06g0624100 [Oryza sativa Japonica Group] >dbj BAN93637.1 0s06g0624100 [Oryza sativa Japonica Group]	499	499	95%	1e-163	40%	35

Послідовності, що продукують суттєві вирівнювання у <i>Oryza sativa</i> :							
Доступ	Опис	Макс. бал	Загальний бал	Пошукове покриття	Е значення	Макс. ідент.	SEQ ID
NP 001051353.1	0s03g0761500 [Oryza sativa Japonica Group] >gb AAK63927.1 ACO84282_8 передбачувана серинпротеаза [Oryza sativa Japonica Group] >gb ABF99010.1 кукумізинподібна серинпротеаза, передбачувана, експресована [Oryza sativa Japonica Group] >dbj BAF 13267.1 0s03g0761500 [Oryza sativa Japonica Group] >gb EAZ28668.1 гіпотетичний протеїн OsJ_12679 [Oryza sativa Japonica Group] >dbj BAG95169.1 неназваний протеїновий продукт [Oryza sativa Japonica Group]>dbj BAG95978.1 неназваний протеїновий продукт [Oryza sativa Japonica Group]	488	488	90%	3e-162	42%	36
BAC22315.1	передбачувана субтилізинподібна серинпротеаза AIR3 [Oryza sativa Japonica Group]	488	488	94%	4e-162	39%	37
NP 001049524.2	0s03g0242900 [Oryza sativa Japonica Group] >gb ABF94911.1 субтилізинпротеїназа, передбачувана, експресована [Oryza sativa Japonica Group] >gb EAZ26232.1 гіпотетичний протеїн Osj_10100 [Oryza sativa Japonica Group] >dbj BAN01390.1 неназваний протеїновий продукт [Oryza sativa Japonica Group] >dbj BAF 11438.2 0s03g0242900 [Oryza sativa Japonica Group]	486	486	90%	2e-161	40%	38

Доступ	Опис	Макс. бал	Загальний бал	Пошукове покриття	Е значення	Макс. ідент.	SEQ ID
NP 001053614.1	0s04g0573300 [Oryza sativa Japonica Group] >emb CAD41662.3 OSJNBa0019K04.9 [Oryza sativa Japonica Group]>dbjBAF15528.1 0s04g0573300 [Oryza sativa Japonica Group] >gb EAZ31701.1 гіпотетичний протеїн OsJ_1 5 851 [Oryza sativa Japonica Group]	479	479	90%	6e-159	41%	39

Послідовності, що продукують суттєві вирівнювання у *Solanum esculentum*:

Доступ	Опис	Макс. бал	Загальний бал	Пошукове покриття	Е значення	Макс. ідент.	SEQ ID
NP 001234282.1	попередник SBT1 протеїна [Solanum lycopersicum] >emb CAA67429.1 SBT1 [Solanum lycopersicum] >emb CAA06999.1 субтилізинподібна протеаза [Solanum lycopersicum]	502	502	97%	2e-168	39%	40
NP 001234288.1	попередник SBT2 протеїну [Solanum lycopersicum] >emb CAA67430.1 SBT2 [Solanum lycopersicum] >emb CAA07000.1 субтилізинподібна протеаза [Solanum lycopersicum]	469	469	90%	8e-156	39%	41
NP 001233982.1	попередник субтилізинподібної протеази [Solanum lycopersicum] >emb CAA71234.1 субтилізинподібна протеаза [Solanum lycopersicum] >emb CAA76725.1 P69B протеїн [Solanum lycopersicum]	461	484	94%	4e-153	41%	42
CAB67119.1	субтилізинподібна протеаза [Solanum lycopersicum]	460	460	98%	2e-152	39%	43
CAB67120.1	субтилізинподібна протеаза [Solanum lycopersicum]	453	453	98%	5e-150	39%	44
CAA76727.1	P69D протеїн [Solanum lycopersicum]	452	476	94%	2e-149	40%	45
CAA06412.1	P69C протеїн [Solanum lycopersicum]	452	476	94%	2e-149	42%	46
CAA06414.1	P69F протеїн [Solanum lycopersicum]	451	474	94%	5e-149	40%	47

Доступ	Опис	Макс. бал	Загальний бал	Пошукове покриття	Е значення	Макс. ідент.	SEQ ID
CAA07250.1	серинпротеаза [Solanum lycopersicum]	448	448	96%	6e-148	39%	48
CAA06413.1	P69E протеїн [Solanum lycopersicum]	446	470	98%	6e-147	39%	49
NP 001234257.1	попередник субтилізинподібної ендопротеази [Solanum lycopersicum] >emb CAA64566.1 субтилізинподібна ендопротеаза [Solanum lycopersicum] >emb CAA76724.1 P69A протеїн [Solanum lycopersicum]	431	431	96%	2e-141	38%	50

Послідовності, що продукують суттєві вирівнювання у *Solanum esculentum*:

Доступ	Опис	Макс. бал	Загальний бал	Пошукове покриття	Е значення	Макс. ідент.	SEQ ID
CAA07059.1	SBT4B протеїн [Solanum lycopersicum]	407	407	98%	4e-132	36%	51
CAA76726.1	P69C протеїн [Solanum lycopersicum]	404	404	81%	7e-132	41%	52

Послідовності, що продукують суттєві вирівнювання у *Glycine max*:

Доступ	Опис	Макс. бал	Загальний бал	Пошукове покриття	Е значення	Макс. ідент.	SEQ ID
XP 003523384.1	ПРОГНОЗОВАНИЙ: субтилізинподібний протеазоподібний [Glycine max]	872	872	95%	0,0	60%	53
NP 001236511.1	попередник субтилізинового типу протеази [Glycine max] >gb AAK53065.1 попередник субтилізи-нового типу протеази [Glycine max]	857	857	95%	0,0	59%	54
AAK53589.1	субтилізинподібний протеїн [Glycine max]	853	853	95%	0,0	59%	55
XP 003523395.1	ПРОГНОЗОВАНИЙ: субтилізинподібний протеазоподібний [Glycine max]	850	850	95%	0,0	57%	56
NP 001238252.1	попередник субтилізи-нового типу протеази [Glycine max] >gb AAG38994.1 AF160513_1 попередник субтилізинового типу протеази [Glycine max] >emb CAB87246.1 передбачуваний пре-про-субтилізин [Glycine max] >emb CAB87247.1 попередник передбачуваного субтилізину [Glycine max]	789	789	95%	0,0	56%	57

Доступ	Опис	Макс. бал	Загальний бал	Пошукове покриття	Е значення	Макс. ідент.	SEQ ID
ХР 003541562.1	ПРОГНОЗОВАНИЙ: субтилізинподібний протеазаподібний [Glycine max]	640	640	98%	0,0	45%	58
ХР 003541562.1	ПРОГНОЗОВАНИЙ: субтилізинподібний протеазаподібний [Glycine max]	640	640	98%	0,0	45%	58
ХР 003545787.1	ПРОГНОЗОВАНИЙ: субтилізинподібний протеазаподібний [Glycine max]	635	635	98%	0,0	45%	59

Послідовності, що продукують суттєві вирівнювання у <i>Glycine max</i> :							
Доступ	Опис	Макс. бал	Загальний бал	Пошукове покриття	Е значення	Макс. ідент.	SEQ ID
ХР 003537841.1	ПРОГНОЗОВАНИЙ: кукумізинподібний [Glycine max]	556	556	94%	0,0	42%	60
ХР 003524182.1	ПРОГНОЗОВАНА: субтилізинподібна протеаза SDDI-подібна [Glycine max]	552	552	94%	0,0	43%	61
ХР 003534221.1	ПРОГНОЗОВАНИЙ: субтилізинподібний протеазаподібний [Glycine max]	546	546	94%	0,0	41%	62
ХР 003547892.1	ПРОГНОЗОВАНИЙ: субтилізинподібний протеазаподібний [Glycine max]	545	545	94%	0,0	41%	63
ХР 003539821.1	ПРОГНОЗОВАНИЙ: субтилізинподібний протеазаподібний [Glycine max]	544	544	94%	0,0	43%	64
ХР 003538129.1	ПРОГНОЗОВАНИЙ: субтилізинподібний протеазаподібний [Glycine max]	537	537	94%	0,0	43%	65
ХР 003538919.1	ПРОГНОЗОВАНИЙ: субтилізинподібний протеазаподібний [Glycine max]	526	526	97%	2e-177	41%	66
ХР 003516513.1	ПРОГНОЗОВАНИЙ: субтилізинподібною протеазаподібного [Glycine max]	525	525	97%	4e-177	40%	67
ХР 003540860.1	ПРОГНОЗОВАНИЙ: субтилізинподібний протеазаподібний [Glycine max]	520	520	90%	1e-174	43%	68
ХР 003538985.1	ПРОГНОЗОВАНИЙ: субтилізинподібний протеазаподібний [Glycine max]	518	518	90%	3e-174	43%	69

Доступ	Опис	Макс. бал	Загальний бал	Пошукове покриття	Е значення	Макс. ідент.	SEQ ID
ХР 003523991.1	ПРОГНОЗОВАНИЙ: субтилізинподібний протеазаподібний [Glycine max]	518	518	99%	3e-174	40%	70
ХР 003538797.1	ПРОГНОЗОВАНИЙ: субтилізинподібний протеазаподібний [Glycine max]	518	518	99%	4e-174	41%	71
ХР 003523496.1	ПРОГНОЗОВАНИЙ: субтилізинподібний протеазаподібний [Glycine max]	514	514	90%	1e-172	43%	72

В альтернативних варіантах втілення, ATSBT5.2-подібний протеїн, який кодується нуклеїновими кислотами з будь-якої рослини, може бути застосований, щоб здійснити на практиці даний винахід; наприклад, нуклеїнова кислота з будь-якого ATSBT5.2-подібного протеїну, що кодується геном будь-якої рослини, може бути застосована, включаючи будь-який ATSBT5.2-подібний протеїн, який кодується послідовністю нуклеїнової кислоти з будь-якої родини генів *Arabidopsis*, наприклад, будь-який ATSBT5.2-подібний протеїн, який кодується послідовністю нуклеїнової кислоти з родини *Arabidopsis*, наприклад, *Arabidopsis thaliana*, може бути застосована, щоб здійснити на практиці композиції та способи за даним винаходом, таку як послідовності нуклеїнової кислоти, які кодують поліпептид, що має амінокислотну послідовність з SEQ ID NO:2 або SEQ ID NO: 4. Такі нуклеотидні послідовності включають нуклеотидну послідовність з SEQ ID NO: 1 або SEQ ID NO: 2.

В альтернативних варіантах втілення, можуть застосовувати ATSBT5.2-подібний протеїн, який кодується нуклеїновими кислотами, що має від 75% до 100% ідентичності послідовності до будь-яких нуклеотидних послідовностей вище, які включають ті, що мають 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% або 100% ідентичність послідовності до нуклеотидної послідовності, яка кодує амінокислотну послідовність з будь-якої з SEQ ID NO:2, SEQ ID NO:4, SEQ ID NO:5, SEQ ID NO:6, SEQ ID NO:7, SEQ ID NO:8, SEQ ID NO:9, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO:13, SEQ ID NO:14, SEQ ID NO:15, SEQ ID NO:16, SEQ IDNO:17, SEQ IDNO:18, SEQ ID NO: 19, SEQIDNO:20, SEQ ID NO:21, SEQIDNO:22, SEQ ID NO:23, SEQ ID NO:24, SEQ ID NO:25, SEQ ID NO:26, SEQ ID NO:27, SEQ ID NO:28, SEQ ID NO:29, SEQ ID NO:30, SEQ ID NO:31, SEQ ID NO:32, SEQ ID NO:33, SEQ ID NO:34, SEQ ID NO:35, SEQ ID NO:36, SEQ ID NO:37, SEQ ID NO:38, SEQ ID NO:39, SEQ ID NO:40, SEQ ID NO:41, SEQ ID NO:42, SEQ ID NO:43, SEQ ID NO:44, SEQ ID NO:45, SEQ ID NO:46, SEQ ID NO:47, SEQ ID NO:48, SEQ ID NO:49, SEQ ID NO:50, SEQ ID NO:51, SEQ ID NO:52, SEQ ID NO:53, SEQ ID NO:54, SEQ ID NO:55, SEQ ID NO:56, SEQ ID NO:57, SEQ ID NO:58, SEQ ID NO:59, SEQ ID NO:60, SEQ ID NO:61, SEQ ID NO:62, SEQ ID NO:63, SEQ ID NO:64, SEQ ID NO:65, SEQ ID NO:66, SEQ ID NO:67, SEQ ID NO:68, SEQ ID NO:69, SEQ ID NO:70, SEQ ID NO:71 або SEQ ID. No.72, таку як нуклеотидна послідовність, що має 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% або 100 % ідентичність послідовності до будь-якої нуклеотидної послідовності з SEQ ID NO: 1 або SEQ ID NO:3.

Композиції та способи, описані в даному документі, можуть комбінуватися з композицією та способами, описаними в W02008/134571 або PCT/EP12/22331 (обидва включені в даний документ у вигляді посилання), щоб додатково балансувати зі щільністю продихових клітин та продихового отвору, та, таким чином, обміном CO₂ та водою у відповідь на різні орієнтири навколишнього середовища.

Винахід, таким чином, крім того, передбачає в альтернативних варіантах втілення, способи регулювання або зміни ефективності використання води замикаючої клітини, рослини, листка рослини, органу рослини або частини рослини; або модулювання швидкості росту або продукування біомаси в рослині, листку рослини, органі рослини або частині рослини; або модулювання чутливості до діоксиду вуглецю (CO₂) рослини, листка рослини, органу рослини або частини рослини; або зміни обміну діоксиду вуглецю (CO₂) та/або води в замикаючій клітині рослини, листку рослини, органі рослини або частині рослини; або зміни

поглинання CO₂; або зміни толерантності до посухи у рослини, листку рослини, органі рослини або частині рослини; або регулювання резистентності або толерантності до тепла у рослини, листку рослини, органі рослини або частині рослини; або модулювання щільності продихових клітин рослини, листку рослини, органу рослини або частини рослини; всі в умовах підвищеного атмосферного діоксиду вуглецю, які включають:

(а) зміну експресії та/або активності нуклеїнової кислоти, що експресує апопластичний субтилізінподібний серинендопептидазоподібний протеїн (ATSBT5.2-подібний протеїн), який є здатним до розщеплення або розщеплює EPF2 протеїн (фактор епідермального формування 2) або ATSBT5.2-подібний ген або мПНК (матрична), яка кодує поліпептид з ендопептидазною активністю відповідно до способів за винаходом; та

(b) зміну експресії та/або активності CO₂-чутливого протеїну або карбоангідрази відповідно до способів, описаних в винаході; або

(c) зміну експресії та/або активності

i. нуклеїнової кислоти, яка експресує OST1 (Відкриті продихи 1, також відомі як SnRK2.6) протеїнкіназу, або ген OST1-протеїнкінази, або мПНК (матрична), яка кодує поліпептид з активністю OST1 протеїнкінази; або

ii. нуклеїнової кислоти, яка експресує SnRK2.2- або SnRK2.3-протеїнкіназу або ген SnRK2.2- або SnRK2.3- протеїнкінази або мПНК (матрична) яка кодує поліпептид з активністю SnRK2.2- або SnRK2.3 протеїнкінази (SnRK2 гени є генами SNF1 пов'язаної підродини протеїнкінази 2) (SNF1 є "не ферментуючою сахарозою 1").

В альтернативних варіантах втілення, будь-яка карбоангідраза (карбонатдегідратаза) може бути застосована, наприклад, включаючи рослинні або бактеріальні карбоангідразні (карбонатдегідратазні) ферменти. Ілюстративні карбоангідразні (карбонатдегідратазні) ферменти, які можуть бути застосовані, щоб здійснити на практиці даний винахід, включають карбоангідразні (карбонатдегідратазні) ферменти, виділені або отримані з:

Рису (*Oryza sativa*)

NM_001072713 (= Genbank номер доступу)

Oryza sativa (*japonica* cultivar-group) Osl2g0153500 (Osl2g0153500) мПНК, повний cds

gi| 1 15487387 |ref|NM_001072713.11 |1 15487387]

NM_001072308 (= Genbank номер доступу)

Oryza sativa (*japonica* cultivar-group) Osl IgOI 53200 (Osl IgOI 53200) мПНК, повний cds

gi| 1 15484228 |ref|NM_001072308.1 |1 15484228]

NM_001069944 (= Genbank номер доступу)

Oryza sativa (*japonica* cultivar-group) Os09g0464000 (Os09g0464000) мПНК, повний cds

gi| 1 15479630 |ref|NM_001069944.1 |1 15479630]

NM_001069887 (= Genbank номер доступу)

Oryza sativa (*japonica* cultivar-group) Os09g0454500 (Os09g0454500) мПНК, повний cds

gi| 1 15479516 |ref|NM_001069887.11 |1 15479516]

NM_001068550 (= Genbank номер доступу)

Oryza sativa (*japonica* cultivar-group) Os08g0470200 (Os08g0470200) мПНК, повний cds

gi| 1 15476837 |ref|NM_001068550.1 |1 15476837]

NM_001068366 (= Genbank номер доступу)

Oryza sativa (*japonica* cultivar-group) Os08g0423500 (Os08g0423500) мПНК, повний cds

gi| 1 15476469 |ref|NM_001068366.1 |1 15476469]

NM_001064586 (= Genbank номер доступу) *Oryza sativa* (*japonica* cultivar-group) Os06g0610100 (Os06g0610100) мПНК, повний cds

gi| 115468903 |ref|NM_001064586.11 |115468903]

NM_001053565 (= Genbank номер доступу)

Oryza sativa (*japonica* cultivar-group) Os02g0533300 (Os02g0533300) мПНК, повний cds

gi|115446500 |ref|NM_001053565.1 |115446500]

NM00_1050212 (= Genbank номер доступу)

Oryza sativa (*japonica* cultivar-group) Os01g0640000 (Os01g0640000) мПНК, повний cds

gi|115438794 |ref|NM_001050212.1 |115438794]

NM_001050211 (= Genbank номер доступу)

Oryza sativa (*japonica* cultivar-group) Os01g0639900 (OsO Ig0639900) мПНК, частковий cds

gi| 115438792 |ref|TslM_001050211.1 |115438792]

EF576561

Oryza sativa (*indica* cultivar-group) клон OSS-385-480-G10 карбоангідраза мПНК, частковий

cds

- gi|149392692|gb|EF576561.11[149392692]
AF182806
Oryza sativa карбоангідраза 3 мРНК, повний cds
gi|5917782|gb|AF182806.1 |AF182806[5917782]
5 U08404
Oryza sativa хлоропласна карбоангідраза мРНК, повний cds
gi|606816|gb|U08404.1|OSU08404[606816]
- Кукурудзи: (Zea mays)
10 NM_001111889
Zea mays карбоангідраза (LOC542302), мРНК
gi|162459146|ref|NM_001111889.1 |[162459146]
U08403
Zea mays Golden Bantam карбоангідраза мРНК, повний cds
15 gi|606814|gb|U08403.1 |ZMU08403 [606814]
U08401
Zea mays карбоангідраза мРНК, повний cds
gi|606810|gb|U08401.1 |ZMU08401[606810]
M95073
20 Zea mays передбачуваний гомолог мРНК карбоангідрази, частковий cds gi|168561
|gb|M95073.1 |MZEORFN[168561]
- Coі:(Glycine max)
J239132
25 Glycine max мРНК для карбоангідрази
gi|4902524|emb|AJ239132.11[4902524]
- Помідора (Lycopersicon)
AJ849376
30 Lycopersicon esculentum мРНК для хлоропластної карбоангідрази (ca2 ген)
gi|56562176|emb|AJ849376.1|[56562176]
AJ849375 Lycopersicon esculentum мРНК для карбоангідрази (cal ген)
gi|56562174|emb|AJ849375.1 |[56562174]
- Тютюну (Nicotiana)
AF492468
35 Nicotiana langsdorffii x Nicotiana sanderae nectarin III (NEC3) мРНК,
повний cds
gi|29468279|gb|AF492468.11[29468279]
40 AF454759
Nicotiana tabacum бета-карбоангідраза (CA) мРНК, повний cds; ядерний ген для
хлоропластного продукту
gi|22550385|gb|AF454759.2|[22550385]
AB009887
45 Nicotiana tabacum мРНК для карбоангідрази, частковий cds
gi|8096276|dbj|AB009887.1 |[8096276]
AB012863
Nicotiana paniculata мРНК for NPCA1, повний cds
gi|3061270|dbj|AB012863.1 |[3061270]
50 L19255
Nicotiana tabacum хлоропласна карбоангідраза мРНК, 3' кінцева
gi|310920|gb|L19255.1 |TOBCARANHУ[310920]
M94135
Nicotiana tabacum ген хлоропластної карбоангідрази, повний cds
55 gi|170218|gb|M94135.1 |TOBCLCAA[170218]
AY974608
Nicotiana benthamiana клон 30F62 хлоропластної карбоангідрази мРНК, частковий cds;
ядерний ген для хлоропластного продукту
gi|62865756|gb|AY974608.1 |[62865756]
60 AY974607

- Nicotiana benthamiana клон 30C84 хлоропласної карбоангідрази мРНК, частковий cds;
ядерний ген для хлоропласного продукту
gi|62865754|gb|AY974607.1 |[62865754]
AY974606
- 5 Nicotiana benthamiana клон 3 OB 10 хлоропласної карбоангідрази мРНК, частковий cds;
ядерний ген для хлоропласного продукту
gi|62865752|gb|AY974606.1 |[62865752]
- 10 Ячмінь (Hordeum)
L36959
Hordeum vulgare карбоангідраза мРНК, повний cds
gi|558498|gb|L36959.1 |BLYCA[558498]
- 15 Бавовник (Gossypium)
AF132855
Gossypium hirsutum карбоангідразна ізоформа 2 (C A2)
мРНК, частковий cds; ядерний ген для пластидного продукту
gi|4754914|gb|AF132855.1 |AF 132855[4754914]
AF1 32854 Gossypium hirsutum карбоангідразна ізоформа 1 (CAI) мРНК, частковий cds;
20 ядерний ген для пластидного продукту
gi|4754912|gb|AF132854.1 |AF132854[4754912]
- 25 Тополя (Populus)
U55837
Populus tremula x Populus tremuloides карбоангідраза (CAIa) мРНК, ядерний ген, що кодує
хлоропласний протеїн, повний cds
gi| 1354514|gb|U55837.1 |PTU55837[1354514]
U55838
Populus tremula x Populus tremuloides карбоангідраза (CAIb) мРНК, ядерний ген що кодує
30 хлоропласний протеїн, повний cds
gi| 1354516|gb|U55838.1 |PTU55838[1354516]
- 35 Огірок
DQ641 132
Cucumis sativus клон CU8F3 мРНК карбоангідрази, частковий cds
gi| 17663159|gb|DQ641 132.1 |[117663159]
- 40 Люцерна
X93312
M. sativa мРНК для карбоангідрази
gi| 1938226|emb|X93312.1 |[1938226]
- 45 Квасоля
AJ547634
Phaseolus vulgaris часткова мРНК для карбоангідрази (ca gene)
gi|28556429|emb|AJ547634.1 |[28556429]
- 50 Горошок
X52558
Горохом сар мРНК для карбоангідрази (EC 4.2.1.1)
gi|20672|emb|X52558.11 [20672]
M63627
P. sativum карбоангідраза мРНК, повний cds
gi| 169056|gb|M63627.1 |ГОРОХОМСАМРА[169056]
55
- Груша
AF 195204
Pyrus pyrifolia штам Whangkeumbaе карбоангідразна ізоформа 1 (CAI)
мРНК, повний cds
60 gi|8698882|gb|AF195204.1 |AF195204[8698882]

Слива
EF640698

5 Prunus dulcis клон Pdbcs-E45 передбачувана мРНК карбоангідрази, частковий cds gi|148807206|gb|EF640698.1 [[148807206]

Вігна
AF 139464

10 Vigna radiata карбоангідраза (CipCal) мРНК, повний cds; ядерний ген для хлоропластного продукту
gi|8954288|gb|AF139464.2|AF139464[8954288]

В альтернативних варіантах втілення, карбоангідраза, яка кодується нуклеїновими кислотами, з будь-якого гена карбоангідрази, наприклад, включаючи рослинні та бактеріальні гени, може бути застосована, щоб здійснити на практиці даний винахід; наприклад, може бути застосована нуклеїнова кислота з будь-якого гена карбоангідрази будь-якої рослини, включаючи будь-яку послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує карбоангідрази, з будь-якої родини гену *Arabidopsis*, наприклад, будь-яка послідовність нуклеїнової кислоти, який кодує карбоангідразу, з родини *Arabidopsis*, наприклад, *Arabidopsis thaliana*, може бути застосована, щоб здійснити на практиці композиції та способи за даним винаходом, така як послідовності нуклеїнової кислоти, які кодують поліпептид, що має амінокислотну послідовність з SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 90, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 108, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 116 або SEQ ID NO: 118. Такі нуклеотидні послідовності включають нуклеотидну послідовність з SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 115 або SEQ ID NO: 117.

В альтернативних варіантах втілення, можуть бути застосовані карбоангідрази, які кодуються нуклеїновими кислотами, що мають від 75% до 100% ідентичності послідовності до будь-яких нуклеотидних послідовностей, описаних вище, які включають ті, що мають 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% або 100 % ідентичність послідовності до нуклеотидної послідовності, яка кодує амінокислотну послідовність з будь-якою з SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 90, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 108, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 116 або SEQ ID NO: 118, такої як нуклеотидна послідовність, що має 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% або 100 % ідентичність послідовності до будь-якої нуклеотидної послідовності з SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 115 або SEQ ID NO: 117.

В альтернативних варіантах втілення, гени, які кодують OST1, SnRK2.2- або SnRK2.3-протеїнкіназу, включають гени, які кодують поліпептид з активністю OST1 протеїнкінази, які мають від 75% до 100% ідентичності послідовності амінокислотній послідовності з SEQ ID NO: 12 або SEQ ID NO: 14, включаючи ті, які мають 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% або 100 % ідентичність послідовності до амінокислотної послідовності з SEQ ID NO: 84 або SEQ ID NO: 86. Такі нуклеотидні послідовності можуть мати 71%, 72%, 73%, 74%, 75%, 76%, 77%, 78%, 79%, 80%, 81%, 82%, 83%, 84%, 85%, 86%, 87%, 88%, 89%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99% або 100 % ідентичність послідовності до нуклеотидної послідовності з SEQ ID NO: 83 або 85.

В альтернативних варіантах втілення, композиції та способи за винаходом включають комбінації, в яких карбоангідраза може представляти собою або 3 карбоангідразу 4 або 3 карбоангідразу 1. В альтернативних варіантах втілення, альтернативними (ілюстративними) комбінаціями є:

60 і) Експресуючий, підвищуючий експресію, підвищуючий регулювання поліпептид з

OST1 протеїнкіназою, що має від 75% до 100% ідентичності послідовності до амінокислотної послідовності з SEQ ID 84 або SEQ ID No 86.

xi) Експресуючий, підвищуючий експресію, підвищуючий регулювання поліпептид з активністю 3 карбоангідрази, що має розподіл амінокислотної послідовності від 75% до 100% ідентичності послідовності до амінокислотної послідовності з SEQ ID 79 (CA1) або SEQ ID 73, та експресуючий, знижуючий експресію або знижуючий регулювання ATSBT5.2-подібний поліпептид з від 75% до 100% ідентичністю послідовності до амінокислотної послідовності з SEQ ID 2, та експресуючий, підвищуючий експресію або підвищуючий регулювання поліпептид з OST1 протеїнкіназою, що має від 75% до 100% ідентичності послідовності до амінокислотної послідовності з SEQ ID 84 або SEQ ID No 86.

xii) Знижуючий експресію, знижуючий регулювання поліпептид з активністю 3 карбоангідрази, що має розподіл амінокислотної послідовності від 75% до 100% ідентичності послідовності до амінокислотної послідовності з SEQ ID 79 (CA1) або SEQ ID 73, та експресуючий, підвищуючий експресію або підвищуючий регулювання ATSBT5.2-подібний поліпептид з від 75% до 100% ідентичністю послідовності до амінокислотної послідовності з SEQ ID 2, та експресуючий, підвищуючий експресію або підвищуючий регулювання поліпептид з OST1 протеїнкіназою, що має від 75% до 100% ідентичності послідовності до амінокислотної послідовності з SEQ ID 84 або SEQ ID No 86.

xiii) Знижуючий експресію, знижуючий регулювання поліпептид з активністю 3 карбоангідрази, що має розподіл амінокислотної послідовності від 75% до 100% ідентичності послідовності до амінокислотної послідовності з SEQ ID 79 (CA1) або SEQ ID 73, та експресуючий, знижуючий експресію або знижуючий регулювання ATSBT5.2-подібний поліпептид з від 75% до 100% ідентичністю послідовності до амінокислотної послідовності з SEQ ID 2, та експресуючий, підвищуючий експресію або підвищуючий регулювання поліпептид з OST1 протеїнкіназою, що має від 75% до 100% ідентичності послідовності до амінокислотної послідовності з SEQ ID 84 або SEQ ID No 86.

xiv) Знижуючий експресію, знижуючий регулювання поліпептид з активністю 3 карбоангідрази, що має розподіл амінокислотної послідовності з від 75% до 100% ідентичністю послідовності до амінокислотної послідовності з SEQ ID 79 (CA1) або SEQ ID 73, та експресуючий, підвищуючий експресію або підвищуючий регулювання ATSBT5.2-подібний поліпептид з від 75% до 100% ідентичністю послідовності до амінокислотної послідовності з SEQ ID 2, та знижуючий експресію або знижуючий регулювання поліпептид з OST1 протеїнкіназою, що має від 75% до 100% ідентичності послідовності до амінокислотної послідовності з SEQ ID 84 або SEQ ID No 86.

xv) Знижуючий експресію, знижуючий регулювання поліпептид з активністю 3 карбоангідрази, що має розподіл амінокислотної послідовності від 75% до 100% ідентичності послідовності до амінокислотної послідовності з SEQ ID 79 (CA1) або SEQ ID 73, та експресуючий, знижуючий експресію або знижуючий регулювання ATSBT5.2-подібний поліпептид з від 75% до 100% ідентичністю послідовності до амінокислотної послідовності з SEQ ID 2, та експресуючий, знижуючий експресію або знижуючий регулювання поліпептид з OST1 протеїнкіназою, що має від 75% до 100% ідентичності послідовності до амінокислотної послідовності з SEQ ID 84 або SEQ ID No 86.

В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає комбінації між підвищуючим регулювання одним протеїном та понижуючим регулювання експресії іншим протеїном, наприклад, як сформульовано в параграфах іще з i) по xv), які можуть бути здійснені, як описано в даному документі.

В альтернативних варіантах втілення, експресія або підвищуючий регулювання експресії протеїн можуть бути досягнуті шляхом введення (наприклад, за рахунок трансформації або сшивання з трансгенною рослиною) рекомбінантного гена, що містить один, декілька або всі з наступних функціонально зв'язаних фрагментів:

- i. рослинний, здатний до експресії промотор;
- ii. необов'язково гетерологічний, ДНК фрагмент, який кодує ATSBT5.2-подібний поліпептид та
- iii. необов'язково, термінація транскрипції та сигнал поліаденілювання;

Рослинні (здатні до експресії) промотори

В альтернативних варіантах втілення, нуклеїнові кислоти, протеїн, що кодується послідовностями або генами, які застосовують, щоб здійснити на практиці винахід, є функціонально зв'язаними з рослинним, здатним до експресії промотором, промотором, який індукується, конститутивним промотором, специфічним промотором замикаючої клітини, промотором, що індукується посухою, промотором, що індукується стресом, або активним

промотором замикаючої клітини. Промотори, які застосовують, щоб здійснити на практиці винахід, включають сильний промотор, зокрема в замикаючих клітинах рослини, та, в деяких варіантах втілення, існує специфічна замикаюча клітина, наприклад, промотори, описані в W02008/134571.

В альтернативних варіантах втілення, нуклеїнові кислоти, протеїн-кодуючі послідовності або гени також можуть бути функціонально зв'язаними з будь-яким конститутивним та/або специфічним до рослини, або специфічним до клітини рослини промотором, наприклад, промотор вірусу мозаїки цвітної капусти (CaMV) 35S, промотор маннопінсинтази (MAS), 1' або 2' промотор, одержаний з Т-ДНК *Agrobacterium tumefaciens*, промотор вірусу мозаїки нарочника 34S, промотор актину, промотор рисового актину, промотор убіквітину, наприклад, промотор кукурудзяного убіквітину-1, тощо.

Приклади конститутивних рослинних промоторів, які можуть бути корисними для експресування послідовностями у відповідності з винаходом включають: промотор вірусу мозаїки цвітної капусти (CaMV) 35S, який надає конститутивну, високого рівня експресію в більшості рослинних тканинах (дивись, наприклад, Odell et al. (1985) *Nature* 313: 810-812); промотор нопалінсинтази (An et al. (1988) *Plant Physiol.* 88: 547-552); та промотор октопінсинтази (Fromm et al. (1989) *Plant Cell* 1 : 977-984).

Різноманітність промоторів рослиного гену, що регулює ген експресії у відповідь на сигнали навколишнього середовища, гормональні, хімічні, експериментальні сигнали, та в способі активування тканини, може бути застосована для експресії послідовності в рослинах. Вибір промотора в значній мірі ґрунтується на фенотипі, що викликає зацікавленість, та визначають за такими чинниками, як тканина (наприклад, насінина, фрукт, корень, пилло, васкулярна тканина, квітка, плодолистик, тощо), здатність до індукування (наприклад, у відповідь на uszkodження, спеку, холод, посуху, світло, патогени, тощо), час, стадія розвитку, тощо.

Чисельні відомі промотори були охарактеризовані та можуть бути застосовані, щоб стимулювати експресію полінуклеотиду, що застосовують, щоб здійснити на практиці винахід, наприклад, в трансгенній рослині або клітині, що цікавить. Наприклад, специфічні промотори тканини включають: насінина-специфічні промотори (такі як напін, фазеолін або DC3 промотор, описаний в Патент США № 5,773,697), плід-специфічні промотори, які є активними під час дозрівання плоду (такі як dru 1 промотор (Патент США № 5,783,393), або 2A1 1 промотор (наприклад, дивись Патент США № 4,943,674) та промотор томатної полігалактуронази (наприклад, дивись Bird et al. (1988) *Plant Mol. Biol.* 11: 651-662), корінь-специфічні промотори, такі як ті, що розкриті в патентах США №№ 5,618,988, 5,837,848 та 5,905,186, пилло-активні промотори, такі як PTA29, PTA26 та PTA1 3 (наприклад, дивись Патент США № 5,792,929), промотори, активні в васкулярній тканині (наприклад, дивись Ringli та Keller (1998) *Plant Mol. Biol.* 37: 977-988), квітка-специфічний (наприклад, дивись Kaiser et al. (1995) *Plant Mol. Biol.* 28: 231-243), пилло (наприклад, дивись Baerson et al. (1994) *Plant Mol. Biol.* 26: 1947- 1959), плодолистик (наприклад, дивись Ohi et al. (1990) *Plant Cell* 2:, пилло та насінний зачаток (наприклад, дивись Baerson et al. (1993) *Plant Mol. Biol.* 22: 255-267), промотори, що індукують ауксин (такі як ті, що описані в van der Kop et al. (1999) *Plant Mol. Biol.* 39: 979-990 або Baumann et al., (1999) *Plant Cell* 11: 323-334), промотор, що індукує цитокінін (наприклад, дивись Guevara-Garcia (1998) *Plant Mol. Biol.* 38: 743-753), промотори, чутливі до гіббереліну (наприклад, дивись Shi et al. (1998) *Plant Mol. Biol.* 38: 1053-1060, Willmott et al. (1998) *Plant Molec. Biol.* 38: 817-825), тощо.

Додаткові промотори, які можуть бути застосовані, щоб здійснити на практиці даний винахід, є такими, що викликають експресію у відповідь на нагрівання (наприклад, дивись Ainley et al. (1993) *Plant Mol. Biol.* 22: 13-23), світло (наприклад, горохом rbcS-3A промотор, Kuhlemeier et al. (1989) *Plant Cell* 1: 471-478, та кукурудзяний rbcS промотор, Schaffner та Sheen (1991) *Plant Cell* 3: 997-1012); пошкодження (наприклад, надріз, Siebertz et al. (1989) *Plant Cell* 1: 961-968); патогени (такі як PR-I промотор, описаний в Buchel et al. (1999) *Plant Mol. Biol.* 40: 387-396, та PDF 1.2 промотор, описаний в Manners et al. (1998) *Plant Mol. Biol.* 38: 1071-1080), та хімічні речовини, такі як метилжасмонат або саліцилова кислота (наприклад, дивись Gatz (1997) *Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol.* 48: 89-108). До того ж, час експресії може контролюватись шляхом застосування промоторів, таких як ті, що діють при старінні (наприклад, дивись Gan та Amasino (1995) *Science* 270: 1986-1988); або затримці розвитку насінини (наприклад, дивись Odell et al. (1994) *Plant Physiol.* 106: 447- 458).

В альтернативних варіантах втілення, застосовують промотори, тканино-специфічні та/або специфічні до стадії розвитку, наприклад, промотор, який може стимулювати транскрипцію тільки в межах певного періоду часу стадії розвитку в тому, що тканина. Дивись, наприклад,

Blazquez (1998) Plant Cell 10:791- 800, який характеризує генний промотор *Arabidopsis* LEAFY. Дивись також Cardon (1997) Plant J 12:367-77, описуючи фактор транскрипції SPL3, який розпізнає збережений мотив послідовності в ділянці промотора гена ідентичності *A. thaliana* квіткової меристеми API; та Mandel (1995) Plant Molecular Biology, Vol. 29, pp 995-1004, що описує промотор меристеми eIF4. Специфічні промотори тканини, які є активними протягом всього життєвого циклу певної тканини, можуть бути застосовані. В одному аспекті, нуклеїнові кислоти за винаходом є функціонально зв'язані з промотором активним, в першу чергу, тільки в клітинах волокна бавовника, в одному аспекті, нуклеїнові кислоти за винаходом є функціонально зв'язаними з промотором активним, в першу чергу, під час стадій подовження клітини волокна бавовника, наприклад, як описано Rinehart (1996) раніше. Нуклеїнові кислоти можуть бути функціонально зв'язаними з Fb12A генним промотором, щоб бути переважно експресованими в клітинах волокна бавовника (Ibid). Дивись також, John (1997) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 89:5769-5773; John, et al., патенти США №№ 5,608,148 та 5,602,321, які описують волокно-специфічні промотори бавовника та способи конструювання трансгенних бавовникових рослин. Коренево-специфічні промотори також можуть застосовувати, щоб експресувати нуклеїнові кислоти за винаходом. Приклади коренево-специфічних промоторів включають промотор з гену алкогольдегідрогенази (DeLisle (1990) Int. Rev. Cytol. 123:39-60). Інші промотори, які можуть бути застосовані, щоб експресувати нуклеїнові кислоти за винаходом, включають, наприклад, специфічні до насінного зачатку, зародково-специфічні, ендоспермально-специфічні, оболонково-специфічні, специфічні до покриття насінини промотори, або певна їх комбінація; листок-специфічний промотор (дивись, наприклад, Busk (1997) Plant J. 11 :1285 1295, який описує листок-специфічний промотор у кукурудзи); ORF 13 промотор з *Agrobacterium rhizogeni* (що демонструє високу активність в коріннях, дивись, наприклад, Hansen (1997) раніше); пилко-специфічний промотор кукурудзи (дивись, наприклад, Guerrero (1990) Mol. Gen. Genet. 224:161 168); промотор помідора, активний під час дозрівання плоду, старіння та опадання листя та, в меншій мірі, квітів, може бути застосований (дивись, наприклад, Blume (1997) Plant J. 12:731 746); маточка-специфічний промотор з SK2 гену картоплі (дивись, наприклад, Ficker (1997) Plant Mol. Biol. 35:425 431); Blec4 ген з гороху, який є активним в епідермальній тканині вегетативних та квіткових апексів трансгенної люцерни, що робить його корисним інструментом для цільової експресії чужорідних генів в епідермальний шар пагонів або волокон, що активно ростуть; BEL1 ген специфічний для насінного зачатку (дивись, наприклад, Reiser (1995) Cell 83:735-742, GenBankNo. U39944); та/або, промотор в Klee, патенті США № 5,589,583, який описує ділянку рослинного промотора, що є здатною до забезпечення високих рівнів транскрипції в меристематичній тканині та/або клітинах, які швидко діляться.

В альтернативних варіантах втілення, рослинні промотори, які є такими, що індукуються під дією рослинних гормонів, таких як ауксини, застосовують, щоб експресувати нуклеїнові кислоти, які застосовують, щоб здійснити на практиці винахід. Наприклад, винахід може застосовувати фрагмент промотора елементів ауксин-відповідь EI (AuxREs) в сої (*Glycine max* L.) (Liu (1997) Plant Physiol. 115:397- 407); ауксин-чутливий промотор GST6 *Arabidopsis* (також до саліцилової кислоти та перекису водню) (Chen (1996) Plant J. 10: 955-966); промотор здатний до індукування ауксином parC з тютюну (Sakai (1996) 37:906-913); елемент відповіді рослинного біотина (Streit (1997) Mol. Plant Microbe Interact. 10:933-937); та, промотор чутливий до абсцизової кислоти стресового гормону (Sheen (1996) Science 274:1900-1902).

В альтернативних варіантах втілення, нуклеїнові кислоти, які застосовують, щоб здійснити на практиці винахід, крім того, можуть бути функціонально зв'язаними з рослинними промоторами, які є такими, що індукуються під дією хімічних реагентів, які можуть бути застосовуваними до рослини, такі як гербіциди або антибіотики. Наприклад, застосованим може бути кукурудзяний In2-2 промотор, активований бензолсульфонамідними гербіцидними антидотами (De Veylder (1997) Plant Cell Physiol. 38:568-577); застосування різних гербіцидних антидотів індукуює певні рівні експресії генів, включаючи експресію в корені, гідатодах, та апікальній меристемі пагона. Кодуюча послідовність може знаходитись під контролем, наприклад, промотора, який індукуються тетрацикліном, наприклад, як описано з трансгенними тютюновими рослинами, що включають *Avena sativa* L. (овес) ген аргініндекарбоксилази (Masgrau (1997) Plant J. 11 :465-473); або, елемент чутливий до саліцилової кислоти (Stange (1997) Plant J. 11:1315-1324). Використовуючи хімічно- {наприклад, гормоно- або пестицид-} індуковані промотори, тобто, промотор чутливий хімічних речовин, який можуть застосовувати для трансгенної рослини на полі, експресія поліпептиду за винаходом може бути індукованою на специфічній стадії розвитку рослини.

В альтернативних варіантах втілення, винахід, крім того, передбачає трансгенні рослини,

що містять ген, що індукується, який кодує поліпептиди, які застосовують, щоб здійснити на практиці винахід, чий діапазон господарів є обмеженим цільовими видами рослин, такими як кукурудза, рис, ячмінь, пшениця, картопля або інші культури, що індукуються на будь-якій стадії розвитку культури.

5 В альтернативних варіантах втілення, тканино-специфічний рослинний промотор може стимулювати експресію функціонально пов'язаних послідовностей в тканинах інших ніж цільові тканини. В альтернативних варіантах втілення, тканино-специфічний промотор, що стимулює експресію переважно в цільовій тканині або клітинному типі, але також може призводити до деякої експресії в інших тканинах, що також використовується.

10 В альтернативних варіантах втілення, властива поліпептиду експресія може вимагати область поліаденілювання в 3'-кінці кодувальної ділянки. Область поліаденілювання може бути одержана з природного гена, з безлічі інших рослинних (або тваринних або інших) генів, або з генів в агробактеріальній Т-ДНК.

Антисмислові інгібіторні молекули

15 В альтернативних варіантах втілення, знижуюча регуляція ATSBT5.2-подібних протеїнових генів, CO₂-чутливі гени або OST1, SnRK2.2 або SnRK2.3 гени або транскрипти можуть бути отримані шляхом введення рекомбінантного гену, що експресує інгібіторну РНК, спрямовану на гени ATSBT5.2-подібного протеїну, CO₂-чутливі гени або OST1, або по-окремі, або разом.

20 В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає антисмислові інгібіторні молекули, які містять послідовність, яку застосовують, щоб здійснити на практиці даний винахід (які включають як смислові, так та антисмислові ланцюжки), наприклад, які спрямовані на гени ATSBT5.2-подібного протеїну, CO₂-чутливі гени або OST1, SnRK2.2 або SnRK2.3 гени або транскрипти. Нуклеїнові кислоти, що зустрічаються в природі, або синтетичні нуклеїнові
25 кислоти можуть бути застосовані як антисмислові олігонуклеотиди. Антисмислові олігонуклеотиди можуть бути будь-якої довжини; наприклад, в альтернативних аспектах, антисмислові олігонуклеотиди становлять від приблизно 5 до 100, від приблизно 10 до 80, від приблизно 15 до 60, від приблизно 18 до 40. Оптимальна довжина може бути визначена шляхом рутинного відбору. Антисмислові олігонуклеотиди можуть бути присутніми в будь-якій
30 концентрації. Оптимальна концентрація може бути визначена шляхом рутинного відбору. Широка різновидність синтетичних, та тих, що не зустрічаються в природі, аналогів нуклеотиду та нуклеїнової кислоти є відомою, що може вирішити дану потенційну проблему. Наприклад, пептидні нуклеїнові кислоти (PNAs), які містять неіонні скелети, такі як N-(2-аміноетил)гліцинові одиниці, можуть бути застосовані. Антисмислові олігонуклеотиди, що
35 мають тіофосфатні зв'язки також можуть бути застосовані, як описано в WO 97/03211; WO 96/39154; Mata (1997) Toxicol Appl Pharmacol 144:189-197; Anticismissloviy Therapeutics, ed. Agrawal (Humana Press, Totowa, NJ., 1996). Антисмислові олігонуклеотиди, які мають синтетичні скелетні аналоги ДНК за умови, що винахід також може включати дитіофосфат, метилфосфонат, фосфорамідат, складний алкілфосфотриєфір, сульфамат, 3'-тіоацеталь, метилен(метиліміно), 3'-N-карбамат, та морфолінокарбамат нуклеїнових кислот, як описано
40 вище.

РНК інтерференція (РНКі)

В одному аспекті, винахід передбачає РНК інгібіторну молекулу, так-звану "РНКі" молекулу, яка містить послідовність, що застосовується, щоб здійснити на практиці даний
45 винахід. В альтернативних варіантах втілення, РНКі молекула містить дволанцюжкову РНК (длРНК) молекулу. РНКі молекула може містити дволанцюжкову РНК (длРНК) молекулу, наприклад, siРНК, міРНК (мікроРНК), штучну мікроРНК, та/або коротку самогібридизуючу РНК (сгРНК) молекули. РНКі молекула, наприклад, siРНК (мала інгібіторна РНК), міРНК, або штучна мікроРНК, може інгібувати експресію гена ATSBT5.2-подібного протеїна, CO₂Sen гени
50 або OST1 гени, та/або міРНК (мікроРНК), щоб інгібувати трансляцію серинендопептидази, апопластичного субтилізинподібного серинендопептидазоподібного протеїну, ATSBT5.2-подібного протеїну, субтилізинподібної серинендопептидазної родини протеїну або ендопептидази, CO2Sen гену або OST1 гену.

В альтернативних аспектах, РНКі має приблизно 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21,
55 22, 23, 24, 25 або більше дуплексних нуклеотидів в довжину. Тоді як винахід не є обмеженим будь-яким конкретним механізмом дії, РНКі може входити в клітину та спричиняти руйнування одностанцюжкової РНК (олРНК) подібних або ідентичних послідовностей, включаючи ендегенні мРНК. Коли клітину піддають дії дволанцюжкової РНК (длРНК), мРНК з гомологічного гена є селективно зменшеною шляхом процесу який, називається РНК інтерференція (РНКі).
60 Можливий основний механізм, що обумовлює РНКі, наприклад, siРНК для інгібування

транскрипції та/або міРНК, щоб інгібувати трансляцію, представляє собою розрив дволанцюжкової РНК (длРНК), узгоджуючи послідовність специфічного гену на коротких фрагментах, які названі короткою інтерферуючою РНК, яка призводить в дію розкладання мРНК, що узгоджує її послідовність. В одному аспекті, РНКі' за винаходом застосовують в терапії сайленсингу гена, дивись, наприклад, Shuey (2002) Drug Discov. Today 7:1040- 1046. В одному аспекті, винахід передбачає способи селективного руйнування РНК, застосовуючи РНКі за винаходом. Спосіб можуть здійснювати на практиці *in vitro*, *ex vivo* або *in vivo*. В одному аспекті, РНКі молекули за винаходом можуть бути застосовані, щоб згенерувати втрату функції мутація в клітині, рослинній тканині, або органі, або насінні, або рослині.

В альтернативних варіантах втілення, внутрішньоклітинне введення РНКі (наприклад, міРНК, штучна мікроРНК або siРНК) здійснюють шляхом інтерналізації специфічного ліганда клітини-мішені, зв'язаної з РНК зв'язуючим протеїном, що містить РНКі (наприклад, мікроРНК), що адсорбується. Ліганд є специфічним до унікального поверхневого антигену клітини-мішені. Ліганд може бути спонтанно інтерналізованим після зв'язування з поверхневим антигеном клітини. Якщо унікальний поверхневий антиген клітини не є природно інтерналізованим після зв'язування зі своїм лігандом, інтерналізація може бути стимульована шляхом введення аргінін-збагаченого пептида, або іншого мембрано проникного пептиду, в структуру ліганда, або РНК зв'язуючого протеїна, або приєднання такого пептиду до ліганда або РНК зв'язуючого протеїна. Дивись, наприклад, публікації заявок на патент США №№ 20060030003; 20060025361; 20060019286; 20060019258. В одному аспекті, винахід передбачає препарати на основі ліпідів для доставки, наприклад, введення нуклеїнових кислот за винаходом, як ліпідних частинок нуклеїнової кислоти, яка містить РНКі молекулу, в клітину, дивись, наприклад, публікація заявки на патент США № 20060008910.

В альтернативних варіантах втілення, способи одержання та застосування РНКі молекул, наприклад, siРНК, штучної мікроРНК та/або міРНК, для селективного руйнування РНК, включають, наприклад, ті що в патенті США № 6,506,559; 6,511,824; 6,515,109; 6,489,127.

В альтернативних варіантах втілення, застосовують відомі та стандартні способи одержання конструктів експресії, наприклад, векторів або плазмід, за яким інгібіторний полінуклеотид (наприклад, дуплексна siРНК за винаходом) є транскрибованим. Регуляторна ділянка (наприклад, промотор, енхансер, сайленсер, донор сплайсованого фрагменту, акцептор, тощо) може бути застосована для транскрибування РНК ланцюга або РНК ланцюгів інгібіторного полінуклеотиду з конструкту експресії. При одержанні дуплексної siРНК (наприклад, до гена ATSBT5.2-подібного протеїну, CO₂Sen гена, або OST1, SnRK2.2 або SnRK2.3 гена) інгібіторної молекули, смислові та антисмислові ланцюги мішенної частини IRES-мішені можуть бути транскрибовані як два окремих РНК ланцюги, що будуть ренатурувати разом, або як одинарний РНК ланцюг, що буду утворювати самогібридизуючу петлю та ренатурувати сам з собою.

Наприклад, в альтернативних варіантах втілення, конструкт, що спрямовує частину гена ATSBT5.2-подібного протеїна, CO₂Sen гена або OST1, SnRK2.2 або SnRK2.3 гена, вводять між двома промоторами (наприклад, двома рослинними, вірусними, бактеріофаговими Т7 або іншими промоторами), таким чином, що транскрипція відбувається двоспрямовано та в результаті буде призводити до комплементарних РНК ланцюгів, що далі можуть ренатурувати з утворенням інгібіторної siРНК за винаходом. Альтернативно, частина-мішень гена ATSBT5.2-подібного протеїну, CO₂Sen гена або OST1, SnRK2.2 або SnRK2.3 може бути сконструйована як перша та друга кодуюча ділянка разом на одинарному векторі експресії, де перша кодуюча ділянка гена-мішені знаходиться в смисловій орієнтації по відношенню до свого контролюючого промотора, та де друга кодуюча ділянка гена знаходиться в антисмисловій орієнтації по відношенню до свого контролюючого промотору. Якщо транскрипція смислових та антисмислових кодуючих ділянок мішенної частини гена-мішені відбувається з двох окремих промоторів, результатом може бути два окремих РНК ланцюги, які можуть потім ренатурувати з утворенням гена або інгібіторної siРНК, наприклад, інгібіторної siРНК гена ATSBT5.2-подібного протеїна, CO₂Sen гена або OST1, SnRK2.2 або SnRK2.3 гена, які застосовують, щоб здійснити на практиці винахід.

В альтернативних варіантах втілення, транскрипція смислової та антисмислової мішенної частини нуклеїнової кислоти - мішені, наприклад, гена ATSBT5.2-подібного протеїна, CO₂Sen гена, або OST1, SnRK2.2 або SnRK2.3 гена, контролюється одинарним промотором, та одержаний в результаті транскрипт може представляти собою одинарний самогібридизуючий РНК ланцюг, що є само-комплементарним, наприклад, утворює дуплекс шляхом загинання самого на себе, утворюючи (наприклад, ген ATSBT5.2-подібний протеїн, CO₂Sen ген або OST1, SnRK2.2 або SnRK2.3 ген) інгібіторну siРНК молекулу. В даній конфігурації, спейсер,

наприклад, нуклеотидів, між смисловими та анти смисловими кодуєми ділянками мішенної частини (наприклад, ATSBT5.2-подібного протеїна, гена CO₂Sen або OST1, SnRK2.2 або SnRK2.3) гена-мішені може покращити здатність одинарного ланцюга РНК утворювати самогібридизуючу петлю, де самогібридизуюча петля містить спейсер. В одному варіанті втілення, спейсер має довжину нуклеотидів від приблизно 5 до 50 нуклеотидів. В одному аспекті, смислові та антисмислові кодуєчі ділянки siРНК кожна може бути на окремому векторі експресії та під контролем свого власного промотора.

Інгібіторні рибозими

В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає рибозими здатні до зв'язування ATSBT5.2-подібного протеїну, CO₂ сенсора та/або OST1, SnRK2.2 або SnRK2.3, що кодуєть послідовність, ген або одиницю генетичного коду. Дані рибозими можуть інгібувати генну активність шляхом, наприклад, спрямування мРНК.

Стратегії для розробки рибозим та відбору ген-специфічної антисмислової послідовності для спрямування є добре описаними в науковій та патентній літературі, та кваліфікований фахівець може сконструювати такі рибозими, застосовуючи реагенти та послідовності, які використовують, щоб здійснити на практиці даний винахід.

Рибозими діють шляхом зв'язування з РНК-мішенями за рахунок зв'язування частини РНК-мішені рибозими, яка утримується в безпосередній близькості до ферментативної частини РНК, яка розщеплює РНК-мішень. Таким чином, рибозима розпізнає та зв'язує РНК-мішень за рахунок комплементарного спарювання основ, та одноразово зв'язаного з правильним сайтом, діє ферментативно, щоб розщепити та інактивувати РНК-мішень. Розщеплення РНК-мішені за таким способом буде руйнувати його здатність спрямовувати синтез кодованого протеїну, якщо розщеплення відбувається в кодуєчій послідовності. —Після цього рибозима зв'язувалась та розщеплювала свою РНК-мішень, вона може бути вивільнена з тієї РНК, щоб зв'язати та розщепити нові мішені неодноразово.

Рослини, які містять нуклеїнові кислоти за даним винаходом

В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає трансгенні рослини, частини рослини, органи рослини або тканину, та насіння, які містять нуклеїнові кислоти, поліпептиди, експресійні касети або вектори, або трансфіковану або трансформовану клітину за винаходом. Винахід, крім того, передбачає рослинні продукти, наприклад, насіння, листя, екстракти та подібне, які містять нуклеїнову кислоту та/або поліпептид відповідно до винаходу. В альтернативних варіантах втілення, трансгенні рослина можуть бути двосім'ядольними (дводольними) або односім'ядольними (однودольними). Винахід, крім того, передбачає способи одержання та застосування даних трансгенних рослин та насіння. Трансгенна рослина або клітина рослини, що експресує поліпептид за представленим винаходом, може бути сконструйована у відповідності з будь-яким способом, відомим в даній галузі з рівня техніки. Дивись, наприклад, Патент США № 6,309,872.

Нуклеїнові кислоти та конструкти експресії, які застосовують, щоб здійснити на практиці винахід, можуть бути введені в клітину рослин будь-яким способом. Наприклад, нуклеїнові кислоти або конструкти експресії можуть бути введені в геном потрібної рослини-господаря, або, нуклеїнові кислоти або конструкти експресії можуть бути епісомами. Введення в геном потрібної рослини можуть бути такими, що ATSBT5.2-подібний протеїн або CO₂Sen протеїн господаря продукування є регульованими ендегенними транскрипційними або трансляційними елементами контролю, або гетерологічним промотором, наприклад, промотором за даним винаходом. Винахід, крім того, передбачає "нокаут-рослини", в яких вставка генної послідовності шляхом, наприклад, гомологічної рекомбінації, розривала експресію ендегенного гену. Способи генерування "нокаут" рослин є добре відомими в даній галузі з рівня техніки.

Нуклеїнові кислоти та поліпептиди, які застосовують, щоб здійснити на практиці винахід, можуть бути експресовані або введені в будь-яку рослину, частину рослини, клітину рослини або насінину. Трансгенні рослини за винаходом, або рослина або клітина рослини, яка містить нуклеїнову кислоту, яку застосовують, щоб здійснити на практиці даний винахід (наприклад, трансфікована, інфікована або трансформована клітина) можуть бути двосім'ядольними або односім'ядольними. Приклади однودольних, які містять нуклеїнову кислоту за даним винаходом, наприклад, як однودольні трансгенні рослини за винаходом, є травами, такими як лугові (блакитна трава, мятлик), кормові трави, такі як вівсяниця, плевел, травами помірної кліматичної зони, такі як полевиця, та зерновими, наприклад, пшеницею, вівсом, житом, ячменем, рисом, сорго та кукурудзою (кукурудза). Приклади дводольних, які містять нуклеїнову кислоту за даним винаходом, наприклад, як дводольні трансгенні рослини за винаходом, є тютюном, бобами, такими як люпин, картоплею, цукровим буряком, горохом,

квасолею та соєю, та хрестоцвітними рослинами (родина Brassicaceae), такі як цвітна капуста, ріпак, та тісно пов'язаними з модельним організмом *Arabidopsis thaliana*. Таким чином, рослина або клітина рослини, яка містить нуклеїнову кислоту за даним винаходом, включаючи трансгенні рослини та насіння за винаходом, включають широкий діапазон рослин, включаючи, але не обмежуючись цим, види з роду *Anacardium*, *Arachis*, *Asparagus*, *Atropa*, *Avena*, *Brassica*, *Citrus*, *Citrullus*, *Capsicum*, *Carthamus*, *Cocos*, *Cojfea*, *Cucumis*, *Cucurbita*, *Daucus*, *Elaeis*, *Fragaria*, *Glycine*, *Gossypium*, *Helianta* таким чином, *Heterocallis*, *Hordeum*, *Hyoscyamus*, *Lactuca*, *Linum*, *Lolium*, *Lupinus*, *Lycopersicon*, *Malus*, *Manihot*, *Majorana*, *Medicago*, *Nicotiana*, *Olea*, *Oryza*, *Panieum*, *Pannisetum*, *Persea*, *Phaseolus*, *Pistachia*, *Pisum*, *Pyrus*, *Prunus*, *Raphanus*, *Ricinus*, *Secale*, *Senecio*, *Sinapis*, *Solarium*, *Copro*, *Theobromus*, *Trigonella*, *Triticum*, *Vicia*, *Vitis*, *Vigna*, та *Zea*.

Нуклеїнові кислоти та поліпептиди, які застосовують, щоб здійснити на практиці даний винахід, можуть бути експресовані в або введені в будь-яку клітину рослини, орган, насінину або тканину, включаючи диференційовані та недиференційовані тканини або рослини, включаючи, але не обмежуючись цим, корені, стеблі, пагони, сім'ядолі, епикотиль, гіпокотиль, листя, пилки, насіння, пухлинну тканину та різні форми клітин у культурі, такі як поодинокі клітини, протопласта, зародкова та калюсна тканина. Рослинні тканини можуть бути в рослинах або в органі, тканині або клітині культури.

Трансгенні рослини

В альтернативних варіантах втілення, винахід передбачає трансгенні рослини, клітини рослини, органи, насіння або тканини, які містять та які експресують нуклеїнові кислоти, які застосовують, щоб здійснити на практиці даний винахід, наприклад, гени ATSBT5.2-подібного протеїну, гени CO₂Sen та протеїни та гени OST1, SnRK2.2 або SnRK2.3; наприклад, винахід передбачає рослини, наприклад, трансгенні рослини, клітини рослини, органи, насіння або тканини, що показують покращений ріст в умовах обмеженої води; таким чином, винахід передбачає рослини толерантні до посухи, клітини рослини, органи, насіння або тканини (наприклад, зернові культури).

Трансгенні рослина за даним винаходом, крім того, можуть включати обладнання необхідне для експресування або видозміни активності поліпептиду, кодованого ендегічним геном, наприклад, шляхом видозміни стану фосфорилування поліпептиду, щоб підтримувати її в активованому стані.

Трансгенні рослини (або клітини рослини, або експланти рослини, або рослинні тканини), яким вводяться полінуклеотиди, які застосовують, щоб здійснити на практиці винахід, та/або, в яких експресують поліпептиди, які застосовують, щоб здійснити на практиці винахід, можуть отримувати, використовуючи різноманітність добре відпрацьованих методик, як описано вище.

Наступні конструювання вектору, найбільш типово експресійна касета, включаючи полінуклеотид, наприклад, який кодує фактор транскрипції або гомолог фактору транскрипції, за винаходом, стандартні способи можуть бути застосовані для введення полінуклеотиду в рослину, клітину рослини, експланту рослини або рослинну тканину, що цікавить. В одному аспекті клітина рослини, експлантат або тканина можуть бути регенерованими для одержання трансгенної рослини.

Рослина може бути будь-якою вищою рослиною, включаючи голонасінні, односім'ядольні та двосім'ядольні рослини. Прийнятні протоколи є доступними для Leguminosae (люцерни, сої, конюшини, тощо), Umbelliferae (моркви, селери, пастернаку), Cruciferae (капусти, редьки, рапсу, броколі тощо), Curcubitaceae (динь та огірків), Gramineae (пшениці, кукурудзи, рису, ячменю, проса тощо), Solanaceae (картоплі, томата, тютюну, перців тощо) та різних інших сільськогосподарських культур. Дивись протоколи, описані в Ammirato et al., 20 eds., (1984) Handbook of Plant Cell Culture-Crop Species, Macmillan Publ. Co., New York, N. Y.; Shimamoto et al. (1989) Nature 338: 274-276; Fromm et al. (1990) Bio/Technol. 8: 833-839; та Vasil et al. (1990) Bio/Technol. 8: 429-434.

Трансформація та регенерація клітин як односім'ядольних та двосім'ядольних рослин на даний час є стандартною процедурою, та вибір найбільш прийнятної методики трансформації може бути визначений практикуючим фахівцем. Вибір способу буде варіювати залежно від типу рослини, яку слід трансформувати; кваліфіковані в даній галузі фахівці будуть визначати прийнятність конкретних способів для наданих типів рослини. Прийнятні способи можуть включати, але не обмежуються цим: електропорацію протопластів рослин; опосередковану ліпосомами трансформацію; опосередковану поліетиленгліколем (ПЕГ) трансформацію; трансформацію з використанням вірусів; мікроін'єкцію в клітини рослин; бомбардування мікроснарядом клітин рослин; вакуум-інфільтрацію; та

В альтернативних варіантах втілення, винахід застосовує опосередковану *Agrobacterium tumefaciens* трансформацію. Трансформація означає введення нуклеотидної послідовності в рослину способом, який викликає стабільну або транзиторну експресію цієї послідовності.

Успішні приклади модифікації характеристик рослин шляхом трансформації з клонованими послідовностями, які служать для ілюстрації існуючого знання в даній галузі технології, включають, наприклад: Патент США №№ 5,571,706; 5,677,175; 5,510,471; 5,750,386; 5,597,945; 5,589,615; 5,750,871; 5,268,526; 5,780,708; 5,538,880; 5,773,269; 5,736,369 та 5,619,042.

В альтернативних варіантах втілення, наступні трансформації, рослини відбирають з використанням домінантного селектованого маркера, включеного у вектор трансформації. Такий маркер може надавати стійкість до антибіотиків або гербіцидів трансформованим рослинам, та відбір трансформантів можуть здійснювати шляхом піддавання рослин дії відповідних концентрацій антибіотика або гербіциду.

В альтернативних варіантах втілення, після того, як трансформовані рослини відбирають, та вирощують, щоб дозріти, ті рослини, які показують модифіковану ознаку, ідентифікують. Модифікована ознака може бути будь-якою з тих ознак, що описані вище. В альтернативних варіантах втілення, підтверджується, що модифікована ознака є обумовленою змінами рівня експресії або активності трансгенного поліпептиду, або полінуклеотид може бути визначений шляхом аналізування мРНК експресії, з використанням Нозерн-блотів, ЗТ-ПЛР або мікроматриць, або експресії протеїну з використанням імуноблотів або Вестерн-блотів або аналізів зсуву в гелі.

Нуклеїнові кислоти та конструкти експресії за винаходом можуть бути введені в клітину рослини будь-якими способами. Наприклад, нуклеїнові кислоти або конструкти експресії можуть бути введені в геном потрібного рослини-господаря, або, нуклеїнові кислоти або конструкти експресії можуть бути епісомами. Введення в геном потрібної рослини може бути таким, що продукування CO₂ сенсору господаря регулюється елементами ендегенного транскрипційного або трансляційного контролю.

В альтернативних варіантах втілення, винахід, крім того, передбачає "нокаут рослини", в яких вставка послідовності гену шляхом, наприклад, гомологічної рекомбінації, перервала експресію ендегенного гена. Способи генерування "нокаут" рослин є добре відомими в даній галузі з рівня техніки, дивись, наприклад, Strepp (1998) Proc Natl. Acad. Sci. USA 95:4368-4373; Miao (1995) Plant J 7:359-365. Дивись обговорення щодо трансгенних рослин, нижче.

В альтернативних варіантах втілення, одержання трансгенних рослин або насіння включає введення послідовностей, які застосовують, щоб здійснити на практиці винахід, та, в одному аспекті (необов'язково), маркерних генів в експресії конструкту-мішені (наприклад, плазмиду), разом з розташуванням послідовностей промотора та термінатора. Це може включати перенесення модифікованого гена в рослину за допомогою прийнятного способу. Наприклад, конструкт може бути введений безпосередньо в геномну ДНК клітини рослини з використанням способів, таких як електропорація та мікроін'єкція протопласти клітини рослини, або конструкти можуть бути введені безпосередньо в рослинну тканину з використанням балістичних способів, таких як бомбардування частинками ДНК. Наприклад, дивись, наприклад, Christou (1997) Plant Mol. Biol. 35:197-203; Pawlowski (1996) Mol. Biotechnol. 6:17-30; Klein (1987) Nature 327:70-73; Takumi (1997) Genes Genet. Syst. 72:63-69, у яких обговорюється застосування бомбардування частинками для введення трансгенів у пшеницю; та Adam (1997) раніше, стосовно застосування бомбардування частинками для введення YAC в клітини рослини. Наприклад, Rinehart (1997) раніше, використовував бомбардування частинками для генерування трансгенних рослин бавовнику. Прилад для прискорення частинок є описаним в патенті США № 5,015,580; та, комерційно доступний прилад для прискорення частинок BioRad (Biolistics) PDS-2000; дивись, також, John, патент США №. 5,608,148; та Ellis, патент США №. 5,681,730, які описують опосередковану частинками трансформацію голонасінних рослин.

В альтернативних варіантах втілення, протопласти можуть бути іммобілізованими та ін'єкційно введеними з нуклеїновими кислотами, наприклад, експресія конструкту. Хоча регенерація рослини з протопластів не є легкою із зерновими, регенерація рослини є можливою у бобових, з використанням соматичного ембріогенезу з одержаного протопласта калюсу. Організовані тканини можуть бути трансформованими з голою ДНК з використанням способу генного пістолета, в якому ДНК наносять на мікроснаряди з вольфраму, вприскування 1/100 розміру клітин, які несуть ДНК глибоко в клітини та органели. Трансформовану тканину потім індукують, щоб регенерувати, як правило, шляхом соматичного ембріогенезу. Даний спосіб був успішним у декількох видів злаків, включаючи кукурудзу та рис.

В альтернативних варіантах втілення, третя стадія може включати відбір та регенерацію цілих рослин, здатних передавати включений ген-мішень наступному поколінню. Такі способи

регенерації ґрунтуються на маніпуляції певними фітогормонами в середовищі, якому росте культура тканини, як правило, яке ґрунтуються на біоцидному та/або гербіцидному маркері, що був введений разом з потрібними нуклеотидними послідовностями. Регенерація рослини з культивованих протопластів є описаним в Evans et al., *Protoplasts Isolation and Culture*, Handbook of 35 Plant Cell Culture, pp. 124-176, MacMillan Publishing Company, New York, 1983; та Binding, *Regeneration of Plants, Plant Protoplasts*, pp. 21-73, CRC Press, Boca Raton, 1985. Регенерація, крім того, може бути одержаною з калюсу рослин, експлантатів, органів або їх частин. Такі способи регенерації є описаними в загальному вигляді в Klee (1987) *Ann. Rev. of Plant Phys.* 38:467-486. Для одержання цілих рослин з трансгенних тканин, таких як незрілі зародки, їх можуть вирощувати в контрольованих умовах навколишнього середовища в серії середовищ, що містять живильні речовини та гормони, процес відомий як тканинне культивування. Як тільки цілі рослини утворюються та продукують насінину, починається оцінювання цього потомства.

В альтернативних варіантах втілення, після того, як експресійну касету стабільно вводять в трансгенні рослини, вона може бути введена в інші рослини шляхом статевого схрещування. Будь-яку кількість стандартних способів селекції може бути застосована, в залежності від видів, які піддають схрещуванню. Оскільки трансгенна експресія нуклеїнових кислот за винаходом призводить до змін у фенотипі, рослини, які містять рекомбінантні нуклеїнові кислоти за винаходом, можуть бути схрещені статевим шляхом з другою рослиною, щоб одержати кінцевий продукт. Таким чином, насінина за винаходом може бути одержана зі схрещення між двома трансгенними рослинами за винаходом, або зі схрещення між рослиною за винаходом та іншою рослиною. Бажані ефекти (наприклад, експресія поліпептидів за винаходом, щоб одержати рослину, у якої зміненою є поведінка цвітіння) можуть бути посилені, коли обидві батьківські рослини експресують поліпептиди, наприклад, ATSBT5.2-подібний поліпептид, CO₂ сенсор та ген OST1, SnRK2.2 або SnRK2.3 за винаходом. Бажані ефекти можуть передаватися наступним поколінням рослини стандартними способами розмноження.

Винахід далі буде описаний з посиланням на приклади, описані в даному документі; однак, слід розуміти, що винахід не обмежується такими прикладами.

ПРИКЛАДИ

Наступні не обмежуючі приклади демонструють, що гени та протеїни CO₂ сигнального шляху та субтилізинподібного серинендопротеазаподібного протеїна, такого як ATSBT5.2, або гомологічні або ортологічні гени можуть модулювати продихову щільність, продиховий індекс та/або продиховий розмір, в тому числі в комбінації з генами та протеїнами, включеними в модулювання продихового руху, такі як чутливі до CO₂ гени або OST1, SnRK2.2, або SnRK2.3.

Якщо не вказане інше, в прикладах, всі способи рекомбінантного ДНК здійснюють відповідно до стандартних протоколів, як описано в Sambrook et al. (1989) *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, Second Edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press, NY та та Volumes 1 and 2 of Ausubel et al. (1994) *Current Protocols in Molecular Biology*, Current Protocols, USA. Стандартні матеріали та способи молекулярної роботи з рослиною є описаними в *Plant Molecular Biology Labfax* (1993) by R.D.D. Croy, спільно опублікована з BIOS Scientific Publications Ltd (UK) та Blackwell Scientific Publications, UK. Інші посилання щодо стандартних способів молекулярної біології включають Sambrook та Russell (2001) *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, Third Edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press, NY, Volumes I and II of Brown (1998) *Molecular Biology LabFax*, Second Edition, Academic Press (UK). Стандартні матеріали та способи для полімеразних ланцюгових реакцій можуть бути знайдені в Dieffenbach and Dveksler (1995) *PCR Primer: A Laboratory Manual*, Cold Spring Harbor Laboratory Press, та в McPherson et al. (2000) *PCR - Basics: From Background to Bench*, First Edition, Springer Verlag, Germany.

Протягом опису та прикладів робляться посилання на наступні послідовності:

SEQ ID 1: нуклеотидна послідовність субтилізинподібного серинендопротеазаподібного протеїну ATSBT5.2 з *Arabidopsis*, сплайс-варіант nr 1 (TAIR AT1G20160.1)

SEQ ID No 2: амінокислотна послідовність субтилізинподібного серинендопротеазаподібного протеїну ATSBT5.2 з *Arabidopsis*, сплайс-варіант nr 1 (TAIR AT1G20160.1) SEQ ID No 3: нуклеотидна послідовність субтилізинподібного серинендопротеазаподібного протеїна ATSBT5.2 з *Arabidopsis*, сплайс-варіант nr 2 (TAIR AT1G20160.2) SEQ ID No 4: амінокислотна послідовність субтилізинподібного серинендопротеазаподібного протеїну ATSBT5.2 з *Arabidopsis*, сплайс-варіант nr 2 (TAIR AT1G20160.2)

- SEQ ID No 65: амінокислотна послідовність субтилізинподібної протеази з *Glycine max*, що має значну ідентичність послідовності до ATSBT5.2 (XP_003538129.1)
- SEQ ID No 66: амінокислотна послідовність субтилізинподібної протеази з *Glycine max*, що має значну ідентичність послідовності до ATSBT5.2 (XP_003538919.1)
- 5 SEQ ID No 67: амінокислотна послідовність субтилізинподібної протеази з *Glycine max*, що має значну ідентичність послідовності до ATSBT5.2 (XP_003516513.1)
- SEQ ID No 68: амінокислотна послідовність субтилізинподібної протеази з *Glycine max*, що має значну ідентичність послідовності до ATSBT5.2 (XP_003540860.1)
- 10 SEQ ID No 69: амінокислотна послідовність субтилізинподібної протеази з *Glycine max*, що має значну ідентичність послідовності до ATSBT5.2 (XP_003538985.1)
- SEQ ID No 70: амінокислотна послідовність субтилізинподібної протеази з *Glycine max*, що має значну ідентичність послідовності до ATSBT5.2 (XP_003523991.1)
- SEQ ID No 71: амінокислотна послідовність субтилізинподібної протеази з *Glycine max*, що має значну ідентичність послідовності до ATSBT5.2 (XP_003538797.1)
- 15 SEQ ID No 72: амінокислотна послідовність субтилізинподібної протеази з *Glycine max*, що має значну ідентичність послідовності до ATSBT5.2 (XP_003523496.1)
- SEQ ID No 73: нуклеотидна послідовність β -карбоангідрази 4 (CA4) з *Arabidopsis* (Atlg70410)
- 20 SEQIDNO:74: нуклеотидна послідовність β -карбоангідрази 4 (CA4) з *Arabidopsis* - кодує послідовності.
- SEQ ID NO:75: амінокислотна послідовність β -карбоангідрази 4 (CA4) з *Arabidopsis*.
- SEQ ID NO:76: нуклеотидна послідовність β -карбоангідрази 6 (CA6) з *Arabidopsis* (Atlg58180)
- 25 SEQIDNO:77: нуклеотидна послідовність β -карбоангідрази 6 (CA6) з *Arabidopsis* - кодує послідовності.
- SEQ ID NO:78: амінокислотна послідовність β -карбоангідрази 6 (CA6) з *Arabidopsis*.
- SEQ ID NO:79: нуклеотидна послідовність β -карбоангідрази 1 (CA1) з *Arabidopsis* - варіант 1
- 30 SEQ ID NO:80: амінокислотна послідовність β -карбоангідрази 1 (CA1) з *Arabidopsis* - варіант 1
- SEQ ID NO:81: нуклеотидна послідовність β -карбоангідрази 1 (CA1) з *Arabidopsis* - варіант 2
- SEQ ID NO:82: амінокислотна послідовність β -карбоангідрази 1 (CA1) з *Arabidopsis* - варіант 2
- 35 SEQ ID NO:83: нуклеотидна послідовність OST1 протеїнкінази цДНК з *Arabidopsis* - варіант 1
- SEQ ID NO:84: амінокислотна послідовність OST1 протеїнкінази цДНК з *Arabidopsis* - варіант 1
- 40 SEQ ID NO:85: нуклеотидна послідовність OST1 протеїнкінази цДНК з *Arabidopsis* - варіант 2
- SEQ ID NO:86: амінокислотна послідовність OST1 протеїнкінази цДНК з *Arabidopsis* - варіант 2
- SEQ ID NO:87: нуклеотидна послідовність *A. thaliana* β -карбоангідрази 2 (CA2) цДНК (At5g14740)
- 45 SEQ ID NO:88: амінокислотна послідовність *A. thaliana* β -карбоангідрази 2 (CA2) (At5g14740)
- SEQ ID NO:89: нуклеотидна послідовність *A. thaliana* α -карбоангідрази 1 (CA1) цДНК (At3g52720)
- 50 SEQ ID NO:90: амінокислотна послідовність *A. thaliana* α -карбоангідрази 1 (CA1) (At3g52720)
- SEQ ID NO:91: нуклеотидна послідовність *A. thaliana* α -карбоангідрази 2 (CA2) цДНК (At2g28210)
- SEQ ID NO:92: амінокислотна послідовність - *A. thaliana* α -карбоангідрази 2 (CA2) (At2g28210)
- 55 SEQ ID NO:93: нуклеотидна послідовність *A. thaliana* α -карбоангідрази 3 (CA3) цДНК (At5g04180)
- SEQ ID NO:94: амінокислотна послідовність *A. thaliana* α -карбоангідрази 3 (CA3) (At5g04180)
- SEQ ID NO:95: нуклеотидна послідовність *A. thaliana* α -карбоангідрази 4 (CA4) цДНК

- (At4g20990)
 SEQ ID NO:96: амінокислотна послідовність *A. thaliana* α -карбоангідрази 4 (CA4)
 (At4g20990)
 SEQ ID NO:97: нуклеотидна послідовність *A. thaliana* α -карбоангідрази 5 (CA5) цДНК
 5 (Atlg08065)
 SEQ ID NO:98: амінокислотна послідовність *A. thaliana* α -карбоангідрази 5 (CA5)
 (Atlg08065)
 SEQ ID NO:99: нуклеотидна послідовність *A. thaliana* α -карбоангідрази 6 (CA6) цДНК
 (At4g21000)
 10 SEQ ID NO: 100: амінокислотна послідовність *A. thaliana* α -карбоангідрази 6 (CA6)
 (At4g21000)
 SEQ ID NO:101: нуклеотидна послідовність *A. thaliana* α -карбоангідрази 7 (CA7) цДНК
 (Atlg08080)
 SEQ ID NO: 102: амінокислотна послідовність *A. thaliana* α -карбоангідрази 7 (CA7)
 15 (Atlg08080)
 SEQ ID NO:103: нуклеотидна послідовність *A. thaliana* α -карбоангідрази 8 (CA8) цДНК
 (At5g56330)
 SEQ ID NO: 104: амінокислотна послідовність *A. thaliana* α -карбоангідрази 8 (CA8)
 (At5g56330)
 20 SEQ ID NO: 105: нуклеотидна послідовність *A. thaliana* β -карбоангідрази 3 (CA3) цДНК
 (Atlg23730)
 SEQ ID NO: 106: амінокислотна послідовність *A. thaliana* β -карбоангідрази 3 (CA3) цДНК
 (Atlg23730)
 SEQ ID NO: 107: нуклеотидна послідовність *A. thaliana* β -карбоангідрази 5 (CA5) цДНК
 25 (At4g33580)
 SEQ ID NO: 108: амінокислотна послідовність *A. thaliana* β -карбоангідрази 5 (CA5) цДНК
 (At4g33580)
 SEQ ID NO: 109: нуклеотидна послідовність *A. thaliana* γ -карбоангідрази 1 (CA1) цДНК
 (Atgl9580)
 30 SEQ ID NO:I 10: амінокислотна послідовність *A. thaliana* γ -карбоангідрази 1 (CA1) цДНК
 (Atgl9580)
 SEQ ID NO:I 11: нуклеотидна послідовність *A. thaliana* γ -карбоангідрази 2 (CA2) цДНК
 (Atlg47260)
 SEQ ID NO:I 12: амінокислотна послідовність *A. thaliana* γ -карбоангідрази 2 (CA2)
 35 (Atlg47260)
 SEQ ID NO:I 13: нуклеотидна послідовність *A. thaliana* γ -карбоангідрази 3 (CA3) цДНК
 (At5g66510)
 SEQ ID NO:I 14: амінокислотна послідовність *A. thaliana* γ -карбоангідрази 3 (CA3)
 (At5g66510)
 40 SEQ ID NO:I 15: нуклеотидна послідовність *A. thaliana* γ -карбоангідрази подібного 1 (CAL1)
 цДНК (At5g63510)
 SEQ ID NO:I 16: амінокислотна послідовність *A. thaliana* γ -карбоангідрази подібного 1
 (CAL1) (At5g63510)
 SEQ ID NO:I 17: нуклеотидна послідовність *A. thaliana* γ -карбоангідрази 2 (CAL2) цДНК
 45 (At3g48680)
 SEQ ID NO:I 18: амінокислотна послідовність *A. thaliana* γ -карбоангідрази 2 (CAL2)
 (At3g48680)
 SEQ ID NO. 119: амінокислотна послідовність STOMAGEN
 SEQ ID NO. 120: амінокислотна послідовність EPF2-Long
 50 SEQ ID NO. 121: амінокислотна послідовність EPF 1
 SEQ ID NO. 122: амінокислотна послідовність EPF2.
 Приклад 1: CO₂ регуляція продихового розвитку карбоангідразою
 Даний приклад представляє дані, що демонструють або встановлюють, в тому числі, що
 55 *sa1ca4* мутанти є ослабленими в їх здатності регулювати продихову провідність та закриття у
 відповідь на зміни концентрацій атмосферного CO₂; що *sa1ca4* епідермісу листка показує
 підвищену продихову щільність, продиховий індекс та/або продиховий розмір, та фенотип
 продихового індексу, в порівнянні з немутантним типом епідермісу листка; що відомі
 компоненти шляху продихового розвитку опосередковують підвищену продихову щільність;
 що ферментативна активність карбоангідрази є критичною для фенотипу продихової

щільності; та, що підвищена продихова щільність *sa1ca4* мутанта в результаті призводить до прохолоднішої (в порівнянні з немутантним типом) температури листка, та що підвищені швидкості евапотранспірації в *sa1ca4* мутантних рослин в результаті призводять до понижених температур листка в порівнянні з немутантним типом листя.

5 Як сигнали розрізняються та трансдукується під час регуляції продихового розвитку за рівнями атмосферного діоксиду вуглецю (CO_2), не відомо. На даний момент, продемонстровано, що один мутант, *hie1*, показує де-регуляцію CO_2 -контрольованого продихового розвитку. Ми маємо ізольовані мутанти карбоангідрази *Arabidopsis*, які показують знижену відповідь продихового руху на зміни рівнів атмосферного CO_2 ². Дані рослини 10 демонструють, по відношенню до немутантного типу рослин, порушення CO_2 контролю продихового розвитку. Ми досліджували молекулярний та генетичний механізми опосередкування CO_2 -регульованого продихового розвитку в даних мутантів. Ми використовували специфічні маркери до клітинної лінії, конфокальну мікроскопію та мутанти в CO_2 комплексі сигнальної системи, щоб охарактеризувати CO_2 -контрольований фенотип 15 продихового розвитку в *Arabidopsis*. Дослідження комплементациї з гетерологічною експресією карбоангідрази в наших мутантах показує, що CO_2 контроль функції продихового розвитку відбувається через механізми клітина-клітина сигнальної системи та відбувається під час визначеної фази специфікації лінії продихових клітин. Ми проводили експерименти з CO_2 -залежними системами в спробі отримати кандидатів клітина-клітина сигнальної системи.

20 *Карбоангідраза контролює CO_2 регуляцію газообміну*

Рослини реагують на зміни в рівнях атмосферного CO_2 . Специфічно, продихи, які є порами на епідермісі повітряних структур рослини, демонструють короткотермінову відповідь на високі рівні CO_2 шляхом опосередкування продихового закриття (дивись WT на фігурах 8 та 9). Однак, мало відомо про ранні механізм(и) сигнальної системи після початкового 25 розпізнавання CO_2 в рослинах. Раніше ми вже повідомляли про CO_2 продихову відповідь *Arabidopsis* рослин, що несуть мутації в генах бета-карбоангідрази *Ca1* та *Ca4* (Hu et al, 2010). Мутанти *sa1ca4* є ослабленими в своїй здатності регулювати продихову провідність та закриття у відповідь на зміни в концентраціях атмосферного CO_2 . Дану де-регуляцію видно з рівня інтактного листка, а також на конкретному продиховому рівні, як проілюстровано на 30 фігурах 8 та 9 (дивись *sa1ca4* на фігурах 8 та 9).

Продихова щільність також є контрольованою генами карбоангідрази

Мутантні *sa1ca4* рослини показують не великі відмінності фенотипу або росту при порівнянні з немутантним типом рослин (фігура 10A). Час цвітіння та життєздатність насінини в даних рослин є також подібними до немутантного типу. Клітини мостоподібного епітелію в 35 мутантному епідермісі листка є подібними за розміром та формою до тих, що немутантного типу. Подібні до немутантного типу продихи в епідермісі мутанта демонструють відстань мінімум в одну (покриття) клітину між сусідніми продихами (фігура 10B). Цікаво, що епідерміс *sa1ca4* листка показує підвищену продихову щільність та фенотип продихового індекса в порівнянні з епідермісом листка немутантного типу (фігура 10C).

40 *Геномна комплементация та над-експресія з або AtCa1, або AtCA4 відновлює мутантного фенотипу продихової щільності*

Комплементация з геномними копіями з або *AtCa1*, або *AtCa4* відновлює продихову щільність та індекси фенотипів до рівнів немутантного типу (Hu et al., 2010; фігура 11A). Дослідження комплементациї з цДНК *AtCa1* або *AtCa4* також незалежно доповнює фенотип 45 мутанта (дані не показані). Більш того, над-експресія даних генів зменшувала продихову щільність мутантів до дещо нижчої, ніж у немутантного типу (Hu et al., 2010; фігура 11B), що далі вказує на роль даних карбоангідраз в модулюванні продихового розвитку.

MUTE експресія в розвитку листя корелює з фенотипом продихової щільності мутанта

Далі, ми хотіли встановити, чи відомі компоненти продихового шляху, пов'язаного з 50 розвитком (Bergmann та Sack, 2007) були включеними в підвищену продихову щільність в *sa1ca4* мутанті. Ми вибрали MUTEpro::nucGFP (MacAlister et al., 2007; Pillitteri et al., 2008) маркерну експресію як індикатор, що інформує нас чи підвищена продихова щільність в нашому мутанті була опосередкована членами відомого шляху продихового розвитку. Підвищена кількість MUTE експресуючих клітин корелює з фенотипом продихової щільності 55 нашого *sa1ca4* мутанта (фігури 12A та 12B). В результаті, відомі компоненти шляху продихового розвитку опосередковують підвищену продихову щільність.

Чи є структура або активність карбоангідрази важливою для модулювання продихової щільності? Оскільки вивчення гена *Arabidopsis* бета карбоангідрази (*CA1* та *CA4*) показало комплементацию з мутантним фенотипом продихової щільності в *sa1ca4*, ми поставили 60 запитання чи була протеїнова структура сама по собі або ферментативна активність, що була

необхідною/достатньою для комплементатії. Для вирішення даного питання, ми вирішили включити неспоріднену альфа карбоангідразу з низькою ідентичністю послідовності до *Arabidopsis* CA1 та CA4 генів в нашому дослідженні комплементатії studies. Ми створили лінії комплементатії, що експресують дану віддалену карбоангідразу з *Homo sapiens* (CA-II) в *sa1ca4* мутанті. Ми дослідили три незалежні Т-ДНК лінії, та в усіх трьох ми бачили комплементатію з *sa1ca4* фенотипом продигової щільності, таким чином, встановивши, що ферментативна активність карбоангідрази є критичною для фенотипу продигової щільності.

Як ми можемо ідентифікувати більше гравців в даному шлясі? Скринінг теплового зображення

Підвищена продигова щільність *sa1ca4* мутанта (фігура 10C) в результаті призводить до прохолоднішої (в порівнянні з немутантним типом) температури листка (фігура 17A). Ми продемонстрували, що підвищені швидкості евапотранспірації в *sa1ca4* мутантних рослинах в результаті призводять до понижених температур листка в порівнянні з немутантним типом листя. Ми скористалися даним тепловим фенотипом, щоб розробити скринінг для кандидатів в енхансер та супресор (фігури 17B та C) нашого мутантного фенотипу, застосовуючи мутувавши рослинні популяції. Ми вибрали активації мічення, як наш основний підхід мутагенезу, та скомбінували з інфрачервоним тепловим зображенням, щоб провести високий пропускний скринінг в *sa1ca4* генетичному фоні.

Посилання прикладу 1:

Bergmann, D. C. and F. D. Sack (2007). "Stomatal development." *Annu Rev Plant Biol* 58: 163-181.

Hu, FL, Boisson-Dernier, A., Israelsson-Nordstrom, M., Bohmer, M., Xue, S., Ries, A., Godoski, J., Kuhn, J.M., and Schroeder, J.I. (2010). Carbonic anhydrases are upstream regulators of CO₂ - controlled stomatal movements in guard cells. *Nature Cell Biology* 12, 87- 93; sup pp 81-18.

MacAlister, C. A., K. Ohashi-Ito, and Bergmann, D. C. (2007). "Transcription factor control of asymmetric cell divisions that establish the stomatal lineage." *Nature* 445(7127): 537-540.

Pillitteri, L. J., N. L. Bogenschutz, and Torii, K. U. (2008). "The bHLH protein, MUTE, controls differentiation of stomata and the hydathode pore in *Arabidopsis*." *Plant Cell Physiol* 49(6): 934-943.

Приклад 2: Контроль діоксиду вуглецю продигового розвитку, застосовуючи карбоангідразу. EPF2 та секретована CO₂-регульована субтилізинподібна серинпротеаза (CRSP)

Стимули навколишнього середовища, включаючи підвищений CO₂, вологість та посуху регулюють продиговий розвиток¹⁻³, та ключові механізми, які опосередковують сприйняття та передачу даних стимулів, залишаються невідомими. Для адаптації споживання CO₂ до втрати води, рослини регулюють розвиток пор продигового газообміну в епідермісі. Різні види рослини показують зниження в продиговій щільності у відповідь на постійне зростання атмосферного CO₂⁴. На сьогоднішній день тільки один мутант, *hie*, пошкоджений при біосинтезі воска клітинної стінки, був ідентифікований, що показує дерегуляцію відповіді на даний CO₂-контрольований продиговий розвиток, *hie* мутантні листя демонструють підвищену продигову щільність, на відміну від зниження, при підвищенні CO₂. В даному документі ми показуємо, що недавно виділений *Arabidopsis thaliana* карбоангідразні двоспрямовані мутантні рослини⁶ демонструють інверсія в своїй відповіді на підвищений CO₂, які показують підвищений продиговий розвиток при підвищених рівнях CO₂. Ми показуємо, що даний фенотип продигового розвитку є специфічно пов'язаним з порушеннями в CO₂ чутливості та сигнальною трансдукцією та не є наслідком зміненої транспірації або продигової провідності. Ми охарактеризували механізми, що опосередковують дану відповідь та передбачають докази неклітинної автономної регуляції CO₂-контрольованого продигового розвитку за рахунок карбоангідрази. Транскриптомні аналізи РНК-секвенування показують, що позаклітинний про-пептидний ген *Epf2*^{7, 8}, але не *Epf1*, є CO₂-індукованим та є важливим для CO₂ контролю продигового розвитку.

Застосовуючи протеомні для клітинної стінки та CO₂-залежні транскриптомні аналізи РНК-секвенування, ми ідентифікували нову CO₂-індуковану позаклітинну протеазу, CRSP (CO₂ чутливу секретовану протеазу), як ключовий медіатор CO₂ контрольованого продигового розвитку, що може розщеплювати EPF2 *in vitro*. Модель сигнальної системи сигналів навколишнього середовища під час специфікації долі клітини з'являється з даного дослідження, та наші результати ідентифікують основу механізмів, за допомогою яких постійне підвищення атмосферного CO₂ знижує продиговий розвиток в листі через не клітинну автономну карбоангідраза-контрольовану експресію протеази CRSP та про-пептиду EPF2, таким чином, пригнічуючи продиговий розвиток.

Обмін CO₂ та втрата води між рослинами та атмосферою залежить від кількості продихів та розміру продигового розкриття, та рослини розвивали тонко організовані механізми щодо

контролю даного надмірного виділення^{1-3,9-11}. Екофізіологічні дослідження надали велике значення важливості продихової щільності в контексті глобальної екології та зміни клімату¹². Рослини адаптуються до постійного зростання рівнів атмосферного CO₂ шляхом зниження їх продихової щільності (кількість продихів на площу епідермальної поверхні)⁴. Недавні зусилля в дослідженні призвели до відкриття генів та механізмів, які функціонують в продиховому розвитку та шляхах структурування^{1-3, 7, 8, 13-20}, та докази передбачають, що сигнальна система клітина-клітина є включеною в дані процеси²⁰. Тільки одне дослідження, що повідомляє про де-регуляцію репресії продихового розвитку, опосередковану підвищенням CO₂, ідентифікувало мутант в *hie* гені, який є включеним в in біосинтез воску листка, та продумувало зміну проникності позаклітинної матриці замикаючої клітини та, в результаті, дифузії можливого(их) позаклітинного(их) сигналу(ів), що опосередковують продиховий розвиток⁵. Механізми, що лежать в основі, які опосередковують підвищеної CO₂-регуляції продихового розвитку, залишилися неясними.

В недавньому дослідженні, ми ідентифікували мутації в гені β-карбоангідрази *Arabidopsis AtCa1* (At3g01500) та *AtCa4* (Atlg70410), які є порушеними в швидкій короткостроковій відповіді на індукований CO₂ продиховий рух⁶. Ми досліджували, чи довгостроковий CO₂ контроль продихового розвитку змінюватиметься в *sa1ca4* двоспрямованому мутанті рослин. Мутант *sa1ca4* та немутований тип рослин морфологічно не відрізняються (фіг. 1a). Не було знайдено очевидних відхилень в продиховій формі або розмірі у *sa1ca4* мутанта (фіг. 1b). Ми аналізували продиховий індекс немутантного типу та *sa1ca4* мутантних рослин, які росли при низькому (150 м.ч.) та підвищеному (500 м.ч.) CO₂ (продиховий індекс = відсоток епідермальних клітин, які є продихами). В немутантному типі (Columbia), рослини які росли при підвищеному [CO₂] 500 м.ч. мають, в середньому, на 8,9% менше продихів, ніж у рослин, які росли при низькому CO₂ (фіг. 1c, d; подібно до C24 екотипу⁵). Цікаво, що *sa1ca4* мутант не показав індукованої підвищенням CO₂ репресії продихового індекса, але неочікувано, середнє 22,1% зростання продихового індексу ($P = 0,02306$, фіг. 1c, d). Аналогічні результати були отримані, коли проаналізували вимірювання продихової щільності (фіг. 1e). Тільки інший відомий мутант, що погіршував CO₂ контроль продихового розвитку, *hie*, також показав дану інвертовану CO₂ відповідь, з підвищенням продиховим індексом при підвищеному CO₂.

Дослідження епідермісу *sa1ca4* мутантних рослин показав, що суміжні продихи мали, щонайменше, одну епідермальну клітину між ними, вказуючи, що відстань в прсторі посилюється на ранніх стадіях розвитку протодерми (фіг. 1b). Дане припускає, що більший продиховий індекс, який спостерігається в *sa1ca4* мутанті, дає результати від специфікації ранніх подій долі клітини в протодермі, що розвивається, як протилежне до позаматкового продихового розвитку в зрілому епідермісі.

Немутантний тип та *sa1ca4* мутантні рослини, які росли при 150 м.ч. CO₂ були меншими ніж їх аналоги, які росли при 500 м.ч.; сім'ядолі та листя немутантного типу та *sa1ca4* мутанту були подібними за розміром та формою при обох концентраціях CO₂ (Фіг. 1a). Оскільки саджанці, які росли при 150 м.ч. CO₂ мають менші площі листка (фіг. 1a), такі відмінності в розмірах можуть генерувати артефакти при вимірюванні та застосуванні продихової щільності (кількість продихів на одиницю площі епідермісу листка; фіг. 1e). Таким чином, в даному дослідженні, ми консервативно використовувати аналізи продихового індекса (які вимірюють відсоток клітин епідермісу, які є продихами), в якості надійного показника в порівнянні продихових розвиткових змін між CO₂ обробками. До того ж, так як декілька стимулів навколишнього середовища можуть впливати на продиховий розвиток, для всіх експериментів, немутантний тип контролів вирощували пліч-о-пліч та аналізували з відповідними мутантами в сліпих генотипних аналізах.

Ми трансформували *sa1ca4* мутант з одиночними геномними конструктами, що експресують або *AtCa1* (At3g01500), або *AtCa4* (Atlg70410), та дослідили комплементацию іншої відповіді продихового розвитку на CO₂. Шість незалежних ліній комплементации, які аналізували для або *AtCa1*, або *AtCa4*, показали значну супресію інверсії, індукованої підвищенням CO₂, продихового індексу, виявлену в *sa1ca4* двоспрямованих мутантних рослинах (фіг. 1f, g). На відміну від цього, *sa1ca4* мутантні листя показали в середньому на 20,9% більше продихів, ніж немутантний тип при підвищеному CO₂. Комплементовані лінії показали різні рівні супресії, опосередкованої підвищенням CO₂ в продиховому розвитку в порівнянні з *sa1ca4* двоспрямованими мутантними рослинами (фіг. 1f, g).

Гени β-карбоангідрази *CA1* (At3g01500) та *CA4* (Atlg70410) є високо експресованими в замикаючих клітинах⁶. Для того, щоб отримати чітку картину того, що відбувається в клітинних типах та на стадіях розвитку, на яких βCA1 та βCA4 опосередковують CO₂ контроль продихового розвитку, ми дослідили ефекти переважної експресії даних нативних

карбоангідраз *Arabidopsis* в зрілих замикаючих клітинах^{6,21}, як YFP злитих протеїнах (фіг. 2a-c). Дані дослідження специфічної комплементції клітинного типу показали, що CO₂ контроль продихового розвитку може бути частково відновлений в *ca1ca4* мутанті за рахунок або CA1, або CA4 експресії, переважно, в зрілих замикаючих клітинах (фіг. 2a-d). Даний результат передбачає попередній доказ щодо неклітинного автономного характеру CO₂ сигнальної системи, опосередкованої даними карбоангідразами, які виділені зі зрілих замикаючих клітин під час специфікації протодермальної клітинної долі в сім'ядолях та листі, що розвиваються (фіг. 2a-d).

Наступне питання, яке ми поставили, чи є важливими ферментна активність карбоангідрази або специфічна структура *AtfiCA1* та *AtfiCA4* для опосередкування CO₂ контролю продихового розвитку. Ми трансформували *ca1ca4* мутант з неродинним людським α -CAII 6, як YFP злитим протеїном, під контролем переважного промотора зрілої замикаючої клітини (pGCI; фіг. 2b,c). Людський α CAII низьку протеїнову ідентичність послідовності до *Arabidopsis* β CAI (9%) та β CA4 (12%) 6 та як такий, є ідеальним кандидатом для даних досліджень. В усіх трьох незалежних лініях комплементції, які досліджували, інверсія, індукована високим CO₂ в продиховому індексі *ca1ca4* мутантних рослин, була частково супресована спрямованою експресією зрілої замикаючої клітини людського гена карбоангідрази (фіг. 2e). Даний результат припускає, що каталітична активність карбоангідрази може бути потрібною для CO₂ контролю продихового розвитку. Більш того, дані одержані результати демонструють, що активність карбоангідрази в зрілих замикаючих клітинах може функціонувати в сприйнятному/початковому сигнальному реле CO₂ та, що даний сигнал, який сприймається, може бути безклітинно автономно трансльований зі зрілих замикаючих клітин (фіг. 2b) в протодермальні клітини, що розвиваються (фіг. 2a-e), щоб опосередковують CO₂ контроль продихового розвитку.

Швидкості транспірації листка контролюють продиховий розвиток²². Оскільки рівні CO₂ впливає на транспірацію шляхом регулювання продихових рухів^{9,12}, на додаток продихового розвитку, ми досліджували чи є відмінними процеси контролювання транспірації та CO₂ контролю продихових рухів від CO₂ регуляції продихового розвитку. Ми вибрали відкриті продихи 1 (OST1) протеїнкінази мутанту для даних досліджень, як OST1, є регулятором в зворотному напрямку ABA-індукованого продихового закриття, та мутації в даному гені в результаті призводять до рослин, які показують вищу швидкість транспірації²³. Більш того, OST1 є ключовим медіатором CO₂-індукованого продихового закриття в напрямку транскрипції карбоангідраз²⁴ та чи CO₂ контроль продихового розвитку потрібний *Ost1* є невідомим. Таким чином, ми досліджували чи показують *ost1* мутантні рослини також інверсію відповіді CO₂-контрольованого продихового розвитку, *ost1* мутантні рослини, які росли при підвищеному CO₂, показували в середньому на 7,3% зниження в продиховому індексі (фіг. 2f). Більш того, *ost1-1* мутантні листя мали дещо вищий продиховий індекс в порівнянні з немутантним типом листя при низькому та підвищеному CO₂ (фіг. 2f, $P = 0,097$ при 150 м.ч.). В результаті, ми робимо висновок, що перервані продихові рухи та підвищена транспірація в *ost1* мутанті²³ не перешкоджає здатності рослини регулювати продиховий розвиток у відповідь на CO₂. Більш того, OST1 функціонує при CO₂ контролі продихових рухів в напрямку транскрипції CAs24, але не в CO₂ контролі продихового розвитку (фіг. 2f), що показує важливий момент дивергенції в CO₂ сигнальному шляху для даних двох різних відповідей.

Для отримання початкового уявлення про регуляторні механізми, через які сигнальна система підвищеного CO₂ здійснює репресію продихового розвитку, ми проводили високу пропускну РНК-Seq, транскриптоміку на незрілих *Arabidopsis* саджанцях, які росли при низькому та підвищеному CO₂. Дані аналізи та незалежні дослідження одинарного гена qPCR сім'ядоль, що розвиваються, показують підвищену регуляцію *Epf2*^{7,8} транскриптів в немутантному типі та різку знижуючу регуляцію в *ca1ca4* мутанті (фіг. 3a). Наші аналізи комплементції зрілої замикаючої клітини підтверджують роль сигнальної системи клітина-клітина в репресії продихового розвитку, опосередкованій підвищеним CO₂ (фіг. 2). Секретовані EPF пептиди були ідентифіковані як позаклітинні ліганди, що опосередковують клітина-клітина контроль продихового розвитку^{7,8,16}. EPF2 діє в зворотньому напрямку транскрипції MUTE, раніше на стадії специфікації долі протодермальної клітини та, контролює вхід клітини в продихову лінію шляхом обмеження асиметричних ділень^{7,8}. Ми трансформували та дослідили немутантний тип та *ca1ca4* мутантні рослини, які несуть MUTEpro::nucGFP конструктор. *Mute*^{17,18} експресія представляє собою надійний індикатор входження клітин продихової лінії, тому що він є індукованим спочатку 1 під час специфікації меристемоїда та не є тимчасово експресованою. В порівнянні з немутантним типом, *ca1ca4* рослини експресували MUTEpro::GFP на 33% більше клітин, в середньому, при підвищеному

CO₂, але не при низькому CO₂ (фіг. 3b-d). Експресія MUTEpro::nucGFP корелює з підвищеним продиховим індексом, знайденим при підвищеному CO₂ в *sa1ca4* мутантних листях (фіг. 1c) та припускає, що підвищений продиховий розвиток в мутантах прогресує за рахунок компонентів в зворотньому напрямку транскрипції MUTE. Ці дані добре корелюють з нашими спостереженнями за експресією *Epf2* гену у відповідь на підвищення CO₂. Ми дослідили чи повинна була б генетична пертурбація *Epf2* в результаті призвести до аномальних відповідей продихового розвитку на [CO₂]. Суттєво, що незалежні одинарні мутантні алелі, які застосовують для *epf2*, показують чітку інверсію в CO₂ контролі продихового розвитку (фіг. 4a), в середньому, на 23,4% (фіг. 4a) більше продихів при підвищеному CO₂, в порівнянні з рослинами, які росли при низькому CO₂. Недавні дослідження показують, що EPF2-ERECTA утворюють пару ліганд-рецептор²⁵. Ми дослідили актуальність даного виявлення щодо CO₂ контролю продихового розвитку та знайшли, що *erecta*, *erecta-подібного1*, *erecta-подібного2/+* потрібні мутантні листя (*er,erllr12/+*) показують інверсію у відповіді продихового розвитку при підвищеному CO₂ (фіг. 3e), яка є подібною до *epf2* одинарних мутантів. Дані додаткові генетичні показники вказують на шлях за яким статус CO₂ є сигнальним в рослинах при підвищеному CO₂ за рахунок знижувачого регулювання пари ліганд-рецептор під час продихового розвитку.

З іншого боку, *epfl-1* мутант, який діє в напрямку транскрипції MUTE в продиховому розвитку¹⁶, не показує інверсію відповіді CO₂-контрольованого продихового розвитку на підвищений CO₂ (додаткова фіг. 1a), у відповідності з нашим виявленням, що CO₂ регулює продиховий розвиток в зворотньому напрямку транскрипції *Mute* експресії (фіг. 3-d). Мутація відповідного негативного регуляторного секретованого пептида, *challah*²⁶, також не інвертувала CO₂-контрольовану відповідь, що розвивається (Фіг. 5b). Дані виявлення переконливо припускають, що EPF2 є медіатором в зворотньому напрямку транскрипції специфікації CO₂-регульованої долі клітини, що CA1 та CA4 контролюють CO₂ регуляцію *Epf2* експресії, та що EPF2 є ключовим трансдуктором репресії підвищеного CO₂-наданого продихового розвитку в протодермі сім'ядоль та листя, що розвиваються.

EPF2 належить до родини 11 EPF та EPFL пептидних протеїнів, які, як прогнозовано, мають передбачуваний сайт розщеплення, який при розщепленні перетворює про-пептид в активний лігандний лізоформ пептиду^{19, 20, 25}. Таким чином, ми досліджували мутант в *Sdd 1* гені, який, як було показано, є негативним регулятором продихового розвитку, та який кодує позаклітинну субтилізинподібну серинпротеазу¹⁵. Продиховий індекс *sddl-1* мутанта є набагато вищим, ніж його C24 немутантний тип доступу; Фіг. 4b). *sddl-1* мутант показує, в середньому, на 4,2% зниження в продиховому індексі при підвищеному CO₂, подібне до немутантного типу C24 базової лінії (Фіг. 4b). Даний результат демонструє, що SDD1 не є включеним в CO₂ контроль продихового розвитку, у відповідності з дослідженнями, які припускають, що SDD1 не функціонують за таким самим шляхом, що та EPF2 7,8 та що позаклітинні протеази, які функціонують в EPF1, EPF2 та STOMAGEN шляху, залишаються невідомими.

Ми припустили, що може існувати відмінна позаклітинна протеаза, яка опосередковує CO₂ контроль продихового розвитку. SDD1 належить до широкої родини субтилізинподібної серинпротеази (субтилази), яка містить 56 членів. Ми здійснили протеомні аналізи апопластичних протеїнів in листі та ідентифікували дві субтилізинподібні серинпротеази, SBT3.13 та SBT5.2 (фіг. 4c), які є віддалено пов'язаними з SDD1. Цікаво, що qPCR дані сім'ядоль, які розвиваються, показують різке збільшення *Sbt5.2* транскрипту в немутантному типі при підвищеному CO₂ (Фіг. 4d). На відміну від цього, *sa1ca4* мутант втрачає силу, показуючи дане підвищення в *Sbt5.2* транскрипті та замість цього показує знижувачу регуляцію *Sbt5.2* при підвищеному CO₂ (фіг. 4d), подібному до CO₂ регуляції *Epf2* експресії (фіг. 3a). Ми назвали дану протеазу (*Sbt5.2*) *Crsp* CO₂ чутливою секретованою протеазою. Ми досліджували алелі 2Т-ДНК вставки для CO₂ контролю продихового розвитку для кожної з даних позаклітинних протеаз. Цікаво, що алелі *crsp* мутанта показують дерегуляцію продихового розвитку застосовуючи більше продихів при підвищеному CO₂, ніж при низькому CO₂ (фіг. 4e). Для визначення, чи може EPF2 про-пептид бути розщеплений CRSP, ми конструювали синтетичні пептиди, що охоплює сайти прогнозованого EPF2 розщеплення та піддає дії даного пептиду (*synEPF2*) до *in vitro* протеолізу з використанням CRSP синтезованого *in vitro* (екстракт з системи пшеничних зародків). Пептид *synEPF2* є оточеним фрагментів флуорофору та гасителя, та флуоресценція може бути вимірною, коли взаємодія гаситель-флуорофор порушується розщепленням *synEPF2*. CRSP протеаза показує різке розщеплення *synEPF2 in vitro*, та дане розщеплення анулюється шляхом включення інгібіторів протеази в реакцію (фіг. 7). На даний час, відомо, що ніякі сигнали навколишнього середовища, які опосередковують контроль продихового розвитку за рахунок позаклітинних

про-пептидів EPF1, EPF2, та STOMAGEN або SDD1 протеази. Разом з тим, дані виявлення вказують на нову позаклітинну протеазу, CRSP, яка функціонує як медіатор відповіді CO₂-контрольованого продихового розвитку, та, крім того, припускають важливу можливість того, що власна активність негативного регулятора EPF2 залежить від CRSP функції.

Підвищення атмосферного CO₂ викликає репресію продихового розвитку та, крім того, зменшує розмір продихових пор рослин, що викликає зростання температури листка завдяки зниженню здатності рослини до евапотранспіративного охолодження, в той же час, одночасно зменшуючи коефіцієнт транспірації рослин. Дане явище в поєднанні зі зростаючою недостатністю свіжої води для сільського господарства прогнозує сильний негативний вплив на здоров'я рослини^{12, 27-29}. На даний час, пропонується, що тільки відомий мутантний ген, *hie*, що демонструє де-регуляцію CO₂ контролю продихового розвитку, має пошкодження проникності стінки в замикаючій клітині, яка може змінювати дифузійну здатність позаклітинних детермінант долі продихової клітини. Однак, молекулярні механізми, що опосередковують CO₂ контроль продихового розвитку, залишаються невідомими. Ми виявили ключові елементи шляху, що довго був предметом пошуку, за яким підвищений CO₂ контролює долю клітини та продиховий розвиток в рослинах⁴. Результати наших досліджень ідентифікують три нових ключових гравця в CO₂ контролі продихового розвитку: *pCAI/pCA4*, *CRSP* та *EPF2*.

Представлені дані вказують на основу CO₂ контролю продихового розвитку, в якому β -карбоангідрази CA1 та CA4 функціонують неклітинно-автономно в каталітичній трансдукції сигналу підвищеного [CO₂]. Підвищення CO₂ індукує *Epf2* та *Crsp* мРНК в немутантному типі, але не в *ca1ca4* мутантних листях (фіг. 3а та 4d). Ми проідентифікували позаклітинну протеазу, CRSP, що є дуже важливим для CO₂-індукованої репресії продихового розвитку. Прогнозується, що EPF2 пептиди є розщеплюваними для сигнальної системи під час репресії продихового розвитку^{19,20}, але не за допомогою SDD1 протеази^{7,8}. Таким чином, CRSP може розщеплювати та активувати EPF2 для опосередкування репресії продихового розвитку під дією стимулу при підвищеному CO₂. У генетичних мутантів, порушення даної індукції, опосередкованої підвищеним CO₂ сигнальної системи *Crsp* та *Epf2*, які конкурують за позаклітинні сигнали, що сприяють продиховому розвитку, зокрема в STOMAGEN пептиді²⁰, могло б спричинити інвертований CO₂ контроль продихового розвитку, знайдений в даному документі для *ca1ca4*, *epf2* та *crsp* мутантів. Оскільки рослини ростуть та адаптуються до постійного зростання рівнів атмосферного CO₂, розуміння ключових генетичних гравців, які опосередковують дану відповідь, що розвивається, у CO₂-контрольованій рослині, є критичними для сільськогосподарських відповідних зусиль, спрямованих на підвищення якості води при застосованні для продуктивності та стійкості до тепла у рослин.

Способи:

Рослина, яку вирощували, та статистичні аналізи: Зазначається, що абсолютні продихові показники та ступінь зміни в показниках варіювали не в значній мірі від експеримента до експеримента, аналогічно до попередніх досліджень⁵. Крім того, оскільки чисельні стимули навколишнього середовища можуть впливати на продиховий розвиток та базову лінію контролю продихової щільності, або показники можуть варіювати в значній мірі від експеримента до експеримента, для всіх експериментів, немутантні типи контролів вирощували пліч-о-пліч та дані в межах кожного експеримента аналізували з відповідними мутантами в сліпих аналізах генотипу.

Більш того, всі експерименти були повторені, щонайменше, три рази, та проводили сліпі експерименти, в яких або генотип, або як генотип, так та CO₂ концентрація (подвійне сліпе) були невідомими експериментатору до того як дані кількісного аналізу були повністю отриманими для всіх типів експериментів.

В усіх фігурах, статистичні порівняння проводили з використанням комплексу програмного забезпечення OriginPro 8.6 для індивідуальних генотипів між обробками CO₂, або в порівнянні з WT, або даними *ca1ca4* мутанта з використанням ANOVA та Bonferoni післяекспериментальних досліджень. *** = $P < 0,00005$, ** = $P < 0,005$, * = $P < 0,05$.

Апопластичні протеомні аналізи проводили на листку віком 8 тижнів.

Посилання прикладу 2

1 Bergmann, D. C. & Sack, F. D. Stomatal Development. Annual Review of Plant Biology 58, 163-181 (2007).

2 Pillitteri, L. J. & Torii, K. U. Mechanisms of Stomatal Development. Annu Rev Plant Biol (2012).

3 Nadeau, J. A. & Sack, F. D. Control of stomatal distribution on the Arabidopsis leaf surface. Science 296, 1697-1700 (2002).

4 Woodward, F. I. Stomatal numbers are sensitive to increases in CO₂ from pre- industrial levels. *Nature* 327, 617-618 (1987).

5 Gray, J. E. et al. The HIC signaling pathway links CO₂ perception to stomatal development. *Nature* 408, 713-716 (2000).

6 Hu, H. et al. Carbonic anhydrases are upstream regulators of CO₂-controlled stomatal movements in guard cells. *Nat Cell Biol* 12, 87-93 (2010).

7 Hara, K. et al. Epidermal Cell Density is Autoregulated via a Secretory Peptide, EPIDERMAL PATTERNING FACTOR 2 in Arabidopsis Leaves. *Plant and Cell Physiology* 50, 1019-1031 (2009).

8 Hunt, L. & Gray, J. E. The signaling peptide EPF2 controls asymmetric cell divisions during stomatal development. *Curr Biol* 19, 864-869 (2009).

9 Kim, T. FL, Bohmer, M., Hu, H., Nishimura, N. & Schroeder, J. I. Guard cell signal transduction network: advances in understanding abscisic acid, CO₂, and Ca²⁺ signaling. *Annu Rev Plant Biol* 61, 561-591, doi: 10.1146/annurev-arplant-042809-112226 (2010).

10 Stahlberg, R., Van Volkenburgh, E. & Cleland, R. E. Long-distance signaling within *Coleus x hybridus* leaves; mediated by changes in intra-leaf CO₂? *Planta* 213, 342- 351 (2001).

11 Woodward, F. I. Potential impacts of global elevated CO₂ concentrations on plants. *Curr Opin Plant Biol* 5, 207-211 (2002).

12 Hetherington, A. M. & Woodward, F. I. The role of stomata in sensing and driving environmental change. *Nature* 424, 901-908 (2003).

13 Dong, J. & Bergmann, D. C. Stomatal patterning and development. *Curr Top Dev Biol* 91, 267-297 (2010).

14 Torii, K. U. et al. The Arabidopsis ERECTA gene encodes a putative peptidyl protein kinase with extracellular leucine-rich repeats. *Plant Cell* 8, 735-746 (1996). 15 Von Groll, U., Berger, D. & Altmann, T. The subtilisin-like serine protease SDD1 mediates cell-to-cell signaling during Arabidopsis stomatal development. *Plant Cell* 14, 1527-1539 (2002).

16 Hara, K., Kajita, R., Torii, K. U., Bergmann, D. C. & Kakimoto, T. The secretory peptide gene EPF1 enforces the stomatal one-cell-spacing rule. *Genes Dev* 21, 1720-1725 (2007).

17 MacAlister, C. A., Ohashi-Ito, K. & Bergmann, D. C. Transcription factor control of asymmetric cell divisions that establish the stomatal lineage. *Nature* 445, 537-540 (2007).

18 Pillitteri, L. J., Sloan, D. B., Bogenschutz, N. L. & Torii, K. U. Termination of asymmetric cell division and differentiation of stomata. *Nature* 445, 501-505 (2007).

19 Kondo, T. et al. Stomatal density is controlled by a mesophyll-derived signaling molecule. *Plant Cell Physiol* 51, 1-8 (2010).

20 Sugano, S. S. et al. Stomagen positively regulates stomatal density in Arabidopsis. *Nature* 463, 241-244 (2010).

21 Yang, Y., Costa, A., Leonhardt, N., Siegel, R. S. & Schroeder, J. I. Isolation of a strong Arabidopsis guard cell promoter and its potential role as a research tool. *Pl. Methods* 4, 1-15 (2008).

22 Lake, J. A. & Woodward, F. I. Response of stomatal numbers to CO₂ and humidity: control by transcription rate and abscisic acid. *New Phytol* 179, 397-404 (2008).

23 Mustilli, A. C., Merlot, S., Vavasseur, A., Fenzi, F. & Giraudat, J. Arabidopsis OST1 protein kinase mediates the regulation of stomatal aperture by abscisic acid and acts upstream of reactive oxygen species production. *Plant Cell* 14, 3089-3099 (2002).

24 Xue, S. et al. Central functions of bicarbonate in S-type anion channel activation and OST1 protein kinase in CO₂ signal transduction in guard cell. *EMBO J* 30, 1645- 1658 (2011).

25 Lee, J. S. et al. Direct interaction of ligand-receptor pairs specifying stomatal patterning. *Genes Dev* 26, 126-136 (2012).

26 Abrash, E. B. & Bergmann, D. C. Regional specification of stomatal production by the putative ligand CHALLAH. *Development* 137, 447-455 (2010).

27 Sellers, P. J. Modeling the exchanges of energy, water, and carbon between continents and the atmosphere. *Science* 275, 502-509 (1997).

28 LaDeau, S. L. & Clark, J. S. Rising CO₂ levels and the fecundity of forest trees. *Science* 292, 95-98 (2001).

29 Battisti, D. S. & Naylor, R. L. Historical warnings of future food insecurity with unprecedented seasonal heat. *Science* 323, 240-244 (2009).

30 Redei, G. P. A heuristic glance at the past of Arabidopsis genetics., 1-15 (World Scientific, Singapore., 1992).

31 Shpak, E. D., McAbee, J. M., Pillitteri, L. J. & Torii, K. U. Stomatal patterning and differentiation by synergistic interactions of receptor kinases. *Science* 309, 290-293 (2005).

32 Masle, J., Gilmore, S. R. & Farquhar, G. D. The ERECTA gene regulates plant transcription efficiency in Arabidopsis. *Nature* 436, 866-870 (2005).

Приклад 3: Карбоангідрази. EPF2 та нова протеаза опосередковують CO₂ контроль продихового розвитку

Даний приклад представляє дані, що демонструють ефективність композицій та способів за винаходом в опосередкуванні, або контролюванні, або модифікуванні CO₂ контролю продихової функції та розвитку.

В даному документі ми показуємо, що недавно виділені *Arabidopsis* карбоангідразні двоспрямовані мутантні рослини⁶ демонструють інверсію в своїй відповіді на підвищений CO₂, які показують підвищений продиховий розвиток при підвищених рівнях CO₂. Ми демонструємо, що даний фенотип продихового розвитку є пов'язаними з пошкодженнями в чутливості до CO₂, та сигнальною трансдукцією, та не є послідовністю зміненої транспірації або продиховою провідністю. Ми охарактеризували механізми, що опосередковують дану відповідь та демонструють неклітинну автономну регуляцію CO₂-контрольованого продихового розвитку карбоангідразою. Транскриптомні RNA-Seq аналізи показують, що позаклітинний про-пептидний ген *EPF2*^{7,8}, але не *EPF1*, індукується при підвищеному CO₂ в немутантному типі, але не в *sa1ca4* мутантних листях. Крім того, *EPF2* має важливе значення для CO₂ контролю продихового розвитку. Застосовуючи протеомний та CO₂-залежний транскриптомний аналізи клітинної стінки, ми ідентифікували нову, CO₂-індуковану позаклітинну протеазу, CRSP (CO₂ чутливу секретовану протеазу), як ключовий медіатор CO₂ контрольованого продихового розвитку, що може розщеплювати EPF2 пептид сигнальної системи. Модель для CO₂ сигнальної системи під час специфікації долі протодермальної клітини виникає з даного дослідження. Наші результати ідентифікують основу механізмів, за рахунок яких постійне зростання атмосферного CO₂ зменшує продиховий розвиток в листі через неклітинну автономну карбоангідраза-контрольовану експресію протеази CRSP та про-пептиду EPF2, які, в свою чергу, репресують продиховий розвиток.

В недавньому дослідженні, ми ідентифікували мутації в *Arabidopsis* β-карбоангідразних генах *CA1* (At3g01500) та *CA4* (Atlg70410), які є зменшеними в швидкій короткостроковій відповіді індукованого CO₂ продихового руху⁶. Хоча *sa1ca4* рослини показують вищу продихову щільність, невідомим залишається те, чи впливатиме CO₂ контроль продихового розвитку на дані рослини⁶.

Ми досліджували, чи змінюється довгостроковий CO₂ контроль продихового розвитку у *sa1ca4* двоспрямовано мутантних рослин. Мутант *sa1ca4* та немутантний тип рослини морфологічно не відрізняються в наших умовах росту (фігура 18a, або фіг. 1a з прикладу 3). Неочевидні аберації в продиховій формі або розмірі були знайдені у *sa1ca4* мутанта (фігура 18b, або фіг. 1b з прикладу 3). Ми аналізували продиховий індекс немутантного типу та *sa1ca4* мутантних рослин, які росли при низькому (150 м.ч.) та підвищеному (500 м.ч.) CO₂ (продиховий індекс = відсоток епідермальних клітин, які є продихами). В немутантному типі (Columbia), рослини, які росли при підвищеному [CO₂] 500 м.ч. мають, в середньому, на 8,9% менше продихів, ніж рослини, які росли при низькому CO₂ (фігура 18c, або фіг. 1c, d з прикладу 3); аналогічний до C24 екотипу⁵). Мутант *sa1ca4* не показав репресію продихового індексу, індуковану підвищеним CO₂, але, що цікаво, в середньому, на 22,1% підвищується продиховий індекс ($P = 0,02306$, фігура 18c, d, або фіг. 1c, d з прикладу 3). Аналогічні результати були отримані, коли аналізували вимірювання продихової щільності (фігура 18e, або фіг. 1e з прикладу 3). На даний момент інший відомий мутант, який порушував CO₂ контроль продихового розвитку, *hie*, також показує дану інвертовану CO₂ відповідь, з підвищеним продиховим індексом при підвищеному CO₂⁵.

Дослідження епідермісу *sa1ca4* мутантних рослин показало, що сусідні продихи мали, щонайменше, одну епідермальну клітину між ними, показуючи, що поділи простору є вимушеними в мутанті під час розвитку протодерми (фігура 18b, або фіг. 1b з прикладу 3). Це припускає, що вища продиховий індекс, яка спостерігається в *sa1ca4* мутанті може відбуватися в результаті подій ранньої специфікації долі рослини в розвитку протодерми на відмінну від ектопічного продихового розвитку в зрілому епідермісі. Немутантний тип та *sa1ca4* мутантні рослини, які росли при 150 м.ч. CO₂, були меншими, ніж їх аналоги, які росли при 500 м.ч.; сім'ядолі та листя немутантного типу та *sa1ca4* мутанту були подібними за розміром та формою при кожній концентрації CO₂ (фігура 18a, або фіг. 1a з прикладу 3). Оскільки саджанці, які росли при 150 м.ч. CO₂ мають менші площі листка (фігура 18a, або фіг. 1a з прикладу 3), такі відмінності в розмірі можуть генерувати артефакти при аналізуванні продихової щільності (фігура 18e, або фіг. 1e з прикладу 3). Таким чином, в даному дослідженні, ми використовуємо аналізи продихового індексу, як надійного показника при порівнянні змін продихового розвитку між CO₂ обробками. До того ж, так як безліч стимулів навколишнього середовища може впливати на продиховий розвиток, для всіх експериментів,

немутантного типу контролі вирощували пліч-о-пліч та аналізувались з відповідними мутантами в сліпих генотипних аналізах.

Ми трансформували *sa1ca4* мутант з одинарними геномними конструктами, що експресують або *CA1* (At3g01500), або *CA4* (Atlg70410), та досліджували комплементацію їх відповідей продишового розвитку на CO_2 . П'ять з шести рандомізовано змінених, незалежних трансформованих ліній для або *CA1*, або *CA4* гена показали значну супресію інверсії, індукованої підвищенням CO_2 в продишовому індексі, виявлену в *sa1ca4* двоспрямовано мутантних рослинах (фігура 18f, g, або фіг. 1f, g з прикладу 3). На відміну від цього, *sa1ca4* мутантні листя показали в середньому на 20,9% більше продихів, ніж немутантний тип при підвищеному CO_2 . Комплементовані лінії показали варіювання рівнів супресії інвертованого фенотипу продишового розвитку *sa1ca4* двоспрямованих мутантних рослин (фігура 18f, g, або фіг. 1f, g з прикладу 3).

Для того, щоб отримати чітку картину того, що відбувається на стадії(ях) розвитку, на яких *fiCA1* та *OCA4* опосередковують CO_2 контроль продишового розвитку, ми досліджували ефекти переважної експресії даних нативних *Arabidopsis* карбоангідраз в зрілих замикаючих клітинах^{6,21}, як YFP злитих протеїнів (фігура 19 a, b, c, або фіг. 2a-c з прикладу 3). Дані аналізи клітинно-типової специфічної комплементації показали, що підвищений продишовий розвиток при підвищеному CO_2 в *sa1ca4* мутанті може бути пригнічений шляхом переважної експресії або *CA1*, або *CA4* в зрілих замикаючих клітинах (фігура 19 b, c, d, або фіг. 2b-d з прикладу 3). Даний результат передбачає первинний доказ щодо неклітинного автономного характеру CO_2 сигнальної системи, опосередкованої даними карбоангідразами під час специфікації долі протодермальної клітини в розвитку сім'ядолі.

Далі ми детально дослідили чи є важливими ферментна активність карбоангідрازی або специфічна структура βCA1 та βCA4 для того, щоб опосередковувати CO_2 контроль продишового розвитку. Ми трансформували *sa1ca4* мутант з неспорідненим людським $\alpha\text{-CAII}^6$ як YFP злитим протеїном під контролем переважного промотора зрілої замикаючої клітини (pGCI; фігура 19 b, c, або фіг. 2b, c з прикладу 3). Людський αCAII має низьку протеїнову ідентичність послідовності до *Arabidopsis* pCAI (9%) та pCA4 (12%)⁶, та, як такий, є ідеальним кандидатом для даних досліджень. В усіх трьох досліджуваних незалежних трансформованих клітинних лініях, індукована підвищенням CO_2 інверсія продишового індексу *sa1ca4* мутантних рослини була частково пригнічена експресією, спрямованою зрілою замикаючою клітиною, людського гена карбоангідрازی (фігура 19 e, або фіг. 2e з прикладу 3). Даний результат припускає, що каталітична активність карбоангідраз може бути потрібною для CO_2 контролю продишового розвитку. Більш того, дані виявлення показують, що активність карбоангідрازی в зрілих замикаючих клітинах можуть функціонувати в переключенні сприйняття або початкового сигналу CO_2 , та що CO_2 сигнал може бути переданий неклітинно автономно від зрілих замикаючих клітин (фігура 19 b, або фіг. 2b з прикладу 3) до протодермальних клітин, які розвиваються (фігура 19 a, c, або фіг. 2a, c з прикладу 3), щоб опосередковувати CO_2 модуляцію продишового розвитку.

Швидкості транспірації листка контролюють продишовий розвиток²². Оскільки рівні CO_2 впливають на транспірацію за рахунок регулювання продишових рухів^{6,9,11}, ми досліджували чи відрізняються процеси регулювання транспірації та продишові рухи, індуковані CO_2 , від CO_2 регуляції продишового розвитку. Ми вибирали протеїніназний генний мутант з відкритими продихами 1 (*OST1*) для даних досліджень, оскільки *OST1* є регулятором в зворотньому напрямку транскрипції ABA-індукованого продишового закриття, та мутації в даному гені в результаті призводять до рослин, які показують вищу швидкість транспірації²³.

Більш того, *OST1* є ключовим медіатором CO_2 -індукованого продишового закриття в напрямку транскрипції карбоангідраз²⁴, та є невідомим, чи потрібен *OST1* CO_2 контролю продишового розвитку. Таким чином, ми досліджували чи *ostl-3* мутантні рослини також покажуть інверсію відповіді CO_2 -контрольованого продишового розвитку, *ostl-3* мутантні рослини, які росли при підвищеному CO_2 показали, в середньому, 7,3% зниження в продишовому індексі (фіг. 2f з прикладу 3). Більш того, *ostl-3* мутантні листя мали дещо більші середні продишові показники (фіг. 2f з прикладу 3) в порівнянні з немутантним типом листя при низькому та підвищеному CO_2 (фіг. 2f, $P = 0,097$ при 150 м.ч.). Таким чином, ми зробили висновок, що переривання продишових рухів та підвищена транспірація у *ostl* мутантів не викликає CO_2 -індукованої інвертованої відповіді продишового розвитку. Дані виявлення показують точку розбіжності в контролюванні CO_2 сигнальних шляхів продишових рухів та продишового розвитку.

Для того, щоб отримати чітку картину того, що відбувається в регуляторних механізмах, за допомогою яких сигнальна система підвищеного CO_2 здійснює вплив на неклітинну автономну

репресію продигового розвитку, ми провели з високою продуктивністю RNA-Seq транскриптоміку на незрілих *Arabidopsis* саджанцях, які росли при низькому та підвищеному CO₂. Дані аналізи та незалежні дослідження одинарного гена qPCR щодо розвитку сім'ядоль показують CO₂-індуковану підвищену регуляцію *EPF2*^{7,8} транскриптів у немутантного типу та

різко знижуючу регуляцію у *sa1ca4* мутанта (фіг. 3а з прикладу 3). Наші аналізи комплементації зрілої замикаючої клітини сприяють ролі сигнальної системи клітина-клітина в репресії продигового розвитку, опосередкованої підвищеним CO₂ (фіг. 2 з прикладу 3). Секретовані EPF про-пептиди сигнальної системи були ідентифіковані як позаклітинні про-пептидні ліганди, які опосередковують клітина-клітина контроль продигового розвитку^{7,8,13}.

EPF2 є раннім медіатором специфікації долі протодермальної клітини та контролює вхід клітини в продигову лінію за рахунок обмеження асиметричних ділень^{7,8}. *MUTE*^{14,15} експресія є достовірним індикатором входження клітин в продигову лінію, тому що він, крім того, є попередньо та специфічно індукованим під час меристемоїдної диференціації^{76,77}. Ми трансформували та досліджували немутантний тип та *sa1ca4* мутантні рослини, що несуть *MUTEpro::nucGFP* конструкт^{74,75}. В порівнянні з немутантним типом, *sa1ca4* рослини експресували *MUTEpro::GFP* в 33% більше клітинах, в середньому, при підвищеному CO₂, але не при низькому CO₂ (фіг. 3b-d). *MUTEpro::nucGFP* експресія корелює з підвищеним продиговим індексом, знайденим при підвищеному CO₂ в *sa1ca4* мутантних листях (фіг. 3c з прикладу 3), та припускає, що підвищений продиговий розвиток при підвищеному CO₂ в *sa1ca4* рослинах прогресує за рахунок компонентів в зворотньому напрямку транскрипції *MUTE*. Ці дані корелюють з нашими спостереженнями за експресією *EPF2* гена у відповідь на підвищення CO₂.

Ми аналізували чи повинна була б генетична пертурбація *EPF2* в результаті призвести до аномальної відповіді продигового розвитку на концентрацію CO₂, або [CO₂]. Два незалежні одинарні мутантні алелі, які досліджували для *epf2*, показують чітку інверсію в CO₂ контролі продигового розвитку (фіг. 3е), в середньому, з на 23,4% (фіг. 3е з прикладу 3) більше продихів при підвищеному CO₂, в порівнянні з рослинами, які росли при низькому CO₂. Навпаки, *epfl-1* мутант, який діє, крім того, в напрямку транскрипції в продиговому розвитку¹³, не показує інверсію відповіді CO₂-контрольованого продигового розвитку на підвищений CO₂ (додаткова фіг. 1а з прикладу 3). Мутація спорідненого негативного регуляторного секретованого пептида, *challah*²⁵, також не інвертувала відповідь CO₂-контрольованого розвитку (додаткова фіг. 1b з прикладу 3). Дані виявлення переконливо припускають, що SA1 та SA4 контролюють CO₂ регуляцію *EPF2* експресії, та що EPF2 є ключовим трансдуктором репресії продигового розвитку, що знаходиться під впливом підвищеного CO₂, в протодермі.

EPF2 належить до родини 11 EPF та EPFL пептидних протеїнів, які, як прогнозується, мають сайт розщеплення, який при розщепленні перетворює про-пептид в активну ізоформу пептидного ліганда^{16,17,26}. Таким чином, ми досліджували мутант в *SDD1* гені, які, як показано, є негативним регулятором продигового розвитку, та які кодують позаклітинну субтилізинподібну серинпротеазу²⁰. Продиговий індекс *sddl-1* мутанта є набагато вищим, ніж відповідний C24 немутантного типу доступ (Фіг. 4а). Мутант *sddl-1* показує, в середньому, 4,2% зниження продигового індексу при підвищеному CO₂, аналогічному до немутантного типу C24 базової лінії (фіг. 4а з прикладу 3). Даний результат показує, що SDD1 протеаза не є включеною в CO₂ контроль продигового розвитку, що узгоджується з дослідженнями, які припускають, що SDD1 не функціонує за тим самим шляхом, як та EPF2^{7,8}, та, що позаклітинні протеази, які функціонують в EPF1, EPF2 та STOMAGEN шляхах, залишаються невідомими.

Ми припустили, що може(уть) існувати неспівпадаюча(і) позаклітинна(і) протеаза(и), яка опосередковує CO₂ контроль продигового розвитку. SDD1 належить до більш широкої, 56 членної родини субтилізинподібної серинпротеази (субтилази). Ми продовжили протеомні аналізи апопластичних протеїнів в листях та ідентифікували субтилізинподібну серинпротеазу, SBT5.2 (фіг. 4b та додаткова фіг. 2 з прикладу 3), яка має віддалені родинні зв'язки з SDD1. Цікаво, що qPCR дані розвитку сім'ядоль показують різке зростання в *SBT5.2* транскрипті у немутантного типу при підвищеному CO₂ (фіг. 4с з прикладу 3). На відміну від цього, *sa1ca4* мутант має недоліки, що показує дане зростання в *SBT5.2* транскрипті та, навпаки, показує знижуючу регуляцію *SBT5.2* при підвищеному CO₂ (фіг. 4с), аналогічно до CO₂ регуляції *EPF2* експресії (фіг. 3а з прикладу 3). Ми назвали дану протеазу (SBT5.2) CRSP щодо CO₂ чутливої секретованої протеази. Ми досліджували дві Т-ДНК вставки алелей (фіг. 4d та додаткова фіг. 3 з прикладу 3) щодо CO₂ контролю продигового розвитку для даної позаклітинної протеази. Цікаво, що два неспівпадаючі *crsp* мутантні алелі (додаткова фіг. 3 з прикладу 3) показують регуляцію продигового розвитку, з більшими продигами при підвищеному CO₂, ніж при низькому CO₂ (фіг. 4d з прикладу 3).

Для того, щоб визначити чи може EPF2 про-пептид бути розщепленим CRSP, ми сконструювали синтетичний пептид, що охоплює прогнозований EPF2 сайт розщеплення, та даний пептид (synEPF2) *in vitro* піддавали протеолітичним аналізам з використанням CRSP, синтезованого *in vitro* (екстракт з системи пшеничних зародків). Пептид synEPF2 розташовують застосовуючи флуорофорні речовини та речовини-гасники, та флуоресценція може вимірюватись, коли взаємодія гасник-флуорофор порушується за рахунок розщеплення synEPF2. CRSP протеаза показує стійке розщеплення synEPF2 *in vitro*, та дане розщеплення припиняють шляхом додавання інгібіторів протеази в реакцію (фіг. 4е з прикладу 3). На даний момент, є відомими сигнали не навколишнього середовища, які опосередковують контроль

продихового розвитку через позаклітинні про-пептиди EPF1, EPF2, та STOMAGEN або SDD1 протеази. Разом з цим, дані виявлення вказують на позаклітинну протеазу CRSP, ідентифіковану в даному документі як медіатор відповіді CO₂-контрольованого продихового розвитку та, крім того, припускають збуджуючу можливість, що властива активність негативного регулятора EPF2 залежить від CRSP функції.

Підвищення атмосферного [CO₂] викликає репресію продихового розвитку у рослин. Це викликає підвищення температури листка завдяки зниженню евапотранспіративної охолоджуючої здатності у рослини, тоді як, одночасно відбувається зростання коефіцієнту транспірації рослин¹⁹. Дане явище, поєднане з підвищенням недостачі свіжої води для сільськогосподарських рослин, є прогнозованим^{11,27-29} щодо різкої негативної дії на здоров'я рослини. Ми виявили ключові елементи довгоочікуваного шляху, за яким підвищений CO₂ контролює долю клітини та продиховий розвиток в рослинах⁴. Результати нашого дослідження ідентифікують три нових ключових гравця в CO₂ контролі продихового розвитку: βCA1/βCA4, CRSP та EPF2.

Представлені дані вказують на шлях та основу CO₂ контролю продихового розвитку, в якому β-карбоангідрази CA1 та CA4 функціонують неклітинно автономно в каталітично трансдукуючому з підвищенням [CO₂] сигналі. Підвищення CO₂ індукує EPF2 та CRSP мРНКs в немутантному типі, але не в *ca1ca4* мутантних листях (фіг. 3а та 4с з прикладу 3). Ми проідентифікували позаклітинну протеазу, CRSP, яка є суттєво важливою індукованої CO₂ репресії продихового розвитку. EPF2 пептиди, як прогнозується, є активованими за рахунок розщеплення, таким чином, репресією сигнальної системи продихового розвитку^{16,17,26}, але не SDD1 протеазою^{7,8}. CRSP може розщеплювати EPF2, та наші дані показують, CRSP міг би активувати EPF2, щоб опосередковувати репресію продихового розвитку при стимулі підвищеного CO₂. За відсутності індукування *Crsp* та *Epf2*, опосередкованого підвищенням CO₂, конкуренція позаклітинних сигналів, які сприяють продиховому розвитку, зокрема, STOMAGEN пептид^{18,19,29}, частково можуть робити внесок в інвертований CO₂ контроль продихового розвитку, знайдений в даному документі для *ca1ca4*, *epf2* та *crsp* мутантів (фіг. 1, 3 та 4). Механізми, про які доповідається в даному документі, крім того, можуть допомогти в розумінні природної мінливості у відповіді продихового розвитку на підвищений CO₂ у *Arabidopsis* та інших видів рослини³⁰. Оскільки рослини ростуть та глобально відповідають на постійне зростання рівнів атмосферного CO₂, розуміння ключових генетичних гравців, що опосередковують CO₂-контрольовану відповідь рослини, яка розвивається, має вирішальне значення для відповідних зусиль у сільському господарстві, спрямованих на підвищення ефективності застосування води або на стійкість рослин до тепла.

Способи

Аналіз росту рослини та зображення. Немутантний тип (Columbia, C24 та Ler доступи) та індивідуальні мутантні саджанці вирощували в камерах Персиваля для росту рослини в ідентичних умовах щодо світла, вологості та температури з концентрацією CO₂, тільки яку змінювали (низька = 100 м.ч. або підвищена = 500 м.ч.). Т-ДНК вставки алелей, які застосовували, представляли собою: SALK_132812C = *crsp-1*, SALK_099861C = *crsp-2*, SALK_102777 = *epf2-1*, GK-673E01 = *epf2-2*. В попередніх аналізах трансформанта *ca1ca4*, YFP злиття карбоангідраз не використовували⁶, приймаючи до уваги те, що в даному документі YFP злиття застосовували, щоб встановити експресію CAs, залежну від стадії розвитку. Саджанці вирощували протягом 10 днів, в які вказують at which point, абаксимальний епідермальні поверхні зрілих сім'ядоль з 10 незалежних саджанців одержували зображення, застосовуючи фарбування йодидом пропідіуму та конфокальний мікроскоп (два зображення, що не перекриваються, на сім'ядолі для загального *n* = 20 на генотип на CO₂ обробку). Зображення отримували від центру сім'ядолі, в сторону протилежну від краю та центральної жилки. Рахували епідермальні клітини та кількісно визначали продихову щільність та індекс (Продихова щільність = кількість продихів на мм²; Продиховий індекс = Відсоток клітин епідермісу, які є продихами; S.I. = 100* [Кількість продихів]/[Кількість продихів + Кількість

клітин мостоподібного епітелію]], використовуючи зображення J. Зазначається, що абсолютні продихові показники та ступінь зміни в показниках дещо варіювали від експеримента до експеримента, аналогічно до попередніх досліджень⁵. До того ж, оскільки безліч стимулів навколишнього середовища можуть впливати на продиховий розвиток та контроль фонові

5 продихової щільності, або показники можуть дещо варіювати від експеримента до експеримента, для всіх експериментів, немутантний тип контролів вирощували пліч-о-пліч та дані в межах кожного експеримента аналізували з відповідними мутантами. Крім того, всі експерименти повторювали, щонайменше, три рази, та проводили сліпі експерименти, в яких або генотип, або як генотип, так та CO₂ концентрацію (подвійне сліпе) були невідомими

10 експериментатору до тих пір, доки кількісний аналіз не був завершений для всіх типів експериментів.

Статистичні аналізи. В усіх фігурах, статистичні порівняння проводили з використанням комплекту програмного забезпечення OriginPro 8.6 для індивідуальних генотипів між CO₂ обробками або в порівнянні з WT або даними для *ca1ca4* мутант, застосовуючи ANOVA та Тьюкі післяекспериментальні дослідження. *** = $P < 0,00005$, ** = $p < 0,005$, * = $P < 0,05$. Для всіх фігур: $n = 20$, зображення аналізували на генотип та CO₂ обробку; планки похибок показують стандартну похибку.

qPCR аналізи. qPCR експерименти проводили на цДНК, синтезованих з загальної РНК, екстрагованої з 500 об'єднаних саджанців з різними CO₂ обробками 5 DAG. Проводили три

20 біологічних повтори, та нормалізували експресію гена-кандидата до *CLATHRIN* гена. Послідовності праймера, які застосовували для qPCR, були такими як наступні: *EPF2.For*: CGCCGCGTGTCTTTTGGTCG (SEQ ID NO: 123), *EPF2.Rev*: CGGCGTTTTT CTTTT CT CCGCCA (SEQ ID NO: 124), *CL A THRIN.For*: ATACGCGCTGAGTTCCC (SEQ ID NO: 125), *CLATHRIN.RQY*: CTGACTGGCCCTGCTT (SEQ ID NO: 126), *CRSP.For*: ATGGCAGCTCCTCATGTTTCAGC (SEQ ID NO: 127), *CRSP.Rev*: CGTT GTTT GTTT G AGT CGCT GTT G (SEQ ID NO: 128).

In vitro розщеплення синтетичного EPF2. Синтезували 30 AA частковий EPF2 пептид, який включав прогнозований сайт розщеплення та обмежувався за допомогою флуорофорної речовини та речовини гасника, (LifeTein Inc.): Дабцил-

30 SKNGGVEMEMYP TGS SLPDCSYACGACSPC- Glu(EDANS) (SEQ ID NO: 122). STREP II-мічену CRSP протеазу синтезували, використовуючи TnT SP6 зародкову експресійну систему пшениці з високим виходом (Promega) та чистили, використовуючи STREP-TACTIN MACROPREP™ смоли (IBA). 100 мкл *in vitro* реакції розщеплення в IX PBS інкубували при 30 °C в 96 лунковому планшеті для зчитування (Berthold Mithras LB 940) та зчитування флуоресценції одержували кожні 10 хвилин після струшування планшета протягом 1 секунди. Кінцеву концентрацію 30 мкМ synEPF2 та приблизно 10 пікомолей CRSP протеази застосовували в реакціях. Включення 1:20 розбавлення рослинного протеазного інгібіторного коктейлю (Sigma) та пептид або тільки CRSP протеаза застосовували, як контролі. Дані флуоресценції нормалізували для фонові флуоресценції, використовуючи тільки буферні

40 контролі, та зміну у відносній флуоресценції розраховували шляхом віднімання початкового вимірювання флуоресценції для кожного зразка. Представлені середні значення ($n = 2$) та планки похибок представляють собою середньоквадратичне відхилення. В незалежних експериментах при різних концентраціях протеази (20 пікомолей) та synEPF2 (50 μ M), одержували аналогічні результати ($n = 2$).

Виділення апопластичного пептиду. Розетки з 10 ґрунтів, в яких росли рослини (віком 8 тижнів) були вакуум інфільтрованими з 0,3М маніту протягом 2 хвилин при кімнатній температурі, після чого листя центрифугували при 200 x g в бакет-роторі при 4 °C протягом 15 хвилин. Те саме листя інфільтрували знову з 0,2М CaCl₂ в 0,3М маніту протягом 3 хвилин в вакуумі при кімнатній температурі, після чого листя центрифугували при 200 x g в бакет-роторі при 4 °C протягом 20 хвилин. Одержані при швидкому обертанні 19 мл апопластичної рідини, яку проганяли через Amicon Ultra-15 фільтр-колонку (ємністю 15 мл) в бакет-роторі при 4100 обертах на хвилину та 4 °C. Проточну рідину проганяли через колонку 3 рази, щоб отримати кінцевий об'єм 300 мкл в чашці фільтра. 30 мкл коктейля інгібітора протеази (Sigma) додавали до 300 мкл зразку протеїну. 300 мкл розчину протеїну підкислювали 1% ТФО до кінцевої концентрації 1% ТФО. Millipore ZIPTIP™ мікродозатори застосовували відповідно до виробничих протоколів, та зразки протеїну елюювали в серіях розбавлення ацетонітрилом з наступними: 5,10, 20, 30, 40, та 50% ацетонітрil в 0,1% ТФО. Зразки висушували та розчиняли знову в 1 % ТФО та 5% ацетонітрилу. Потім пептиди екстрагували та обезсолювали, застосовуючи Aspire RP30 обезсолюючі колонки (Thermo Scientific).

60 Трипсинізація зразку. Як описано раніше³¹: Зразки розбавляли в TNE (50 mM Tris pH 8,0,

100 мМ NaCl, 1 мМ ЕДТО) буфер. RAPIGEST™ SF реагент (Waters Corp.) додавали до суміші з кінцевою концентрацією 0,1%, та зразки кип'ятили протягом 5 хвилин. ТСЕР (2-карбоксіетил)фосфін) додавали до кінцевої концентрації 1 мМ, та зразки інкубували при 37°C протягом 30 хвилин. Далі, зразки карбоксиметилювали 5 мг/мл йодоацетаміду протягом 30 хвилин при 37°C, з наступною нейтралізацією 2 мМ ТСЕР (кінцева концентрація). Протеїнові зразки, одержані вище, випаровували з трипсином (трипсин:протеїн співвідношення = 1:50) протягом ночі при 37°C RAPIGEST™ розщепляли та видаляли, застосовуючи обробку зразків 250 мМ HCl при 37°C протягом 1 години, з наступним центрифугуванням при 15800 x g протягом 30 хвилин при 4°C. Розчинну фракцію переносили в нову пробірку, та пептиди екстрагували та обезсолювали, застосовуючи Aspire RP30 обезсолюючі колонки (Thermo Scientific). Пептиди, випарені з трипсином та безпосередньо екстраговані пептиди аналізували, застосовуючи високоефективну рідинну хроматографію (ВЕРХ) поєднану з тандемною мас-спектроскопією (РХ-МС/МС), використовуючи наноспрей іонізацію, як описано раніше³² з наступними змінами: експерименти з наноспрей іонізацією здійснювали, застосовуючи QSTAR-Elite гібридну мас-спектрометрію (ABSCIEX) пов'язану з нано-шкалою ВЕРХ з оберненою фазою (Темро), застосовуючи 10 см-100 мікрон ID скляний капіляр, упакований з 5-мкм C18 ZORBAX™ кульками (Agilent Technologies, Santa Clara, CA). Пептиди елюювали з C18 колонки в мас-спектрометрі, використовуючи лінійний градієнт (5-60%) ACN (ацетонітрилу) зі швидкістю потоку 400 мкл/хв протягом 1 години. Буфери, які застосовували, щоб створити ACN градієнт, представляли собою: буфер А (98% H₂O, 2% ACN, 0,2% мурашиної кислоти та 0,005% ТФО) та буфер В (100% ACN, 0,2% мурашиної кислоти та 0,005% ТФО). МС/МС дані отримували за способом, залежним від даних, в якому MSI дані отримували з m/z від 400 до 1800 Да, та МС/МС дані отримували з m/z від 50 до 2 000 Да. МС/МС дані аналізували, використовуючи PROTEIN PILOT 4.0™ (ABSCIEX) для ідентифікації пептиду.

Легенди фігури - дивись опис фігур, посилання зазначені вище - приклад 3

1 Bergmann, D. C. & Sack, F. D. Stomatal Development. Annual Review of Plant Biology 58, 163-181 (2007).

2 Pillitteri, L. J. & Torii, K. U. Mechanisms of Stomatal Development. Annu Rev Plant Biol (2012).

3 Nadeau, J. A. & Sack, F. D. Control of stomatal distribution on the Arabidopsis leaf surface. Science 296, 1697-1700 (2002).

4 Woodward, F. I. Stomatal numbers are sensitive to increases in CO₂ from pre- industrial levels. Nature 327, 617-618 (1987).

5 Gray, J. E. et al. The HIC signalling pathway links CO₂ perception to stomatal development. Nature 408, 713-716 (2000).

6 Hu, H. et al. Carbonic anhydrases are upstream regulators of CO₂-controlled stomatal movements in guard cells. Nat Cell Biol 12, 87-93 (2010).

7 Hara, K. et al. Epidermal Cell Density is Autoregulated via a Secretory Peptide, EPIDERMAL PATTERNING FACTOR 2 in Arabidopsis Leaves. Plant and Cell Physiology 50, 1019-1031 (2009).

8 Hunt, L. & Gray, J. E. The signaling peptide EPF2 controls asymmetric cell divisions during stomatal development. Curr Biol 19, 864-869 (2009).

9 Kim, T. FL, Bohmer, M., Hu, H., Nishimura, N. & Schroeder, J. I. Guard cell signal transduction network: advances in understanding abscisic acid, CO₂, and Ca²⁺ signaling. Annu Rev Plant Biol 61, 561-591, doi: 10.1146/annurev-arplant-042809-112226 (2010).

10 Woodward, F. I. Potential impacts of global elevated CO(2) concentrations on plants. Curr Opin Plant Biol 5, 207-211 (2002).

11 Hetherington, A. M. & Woodward, F. I. The role of stomata in sensing and driving environmental change. Nature 424, 901-908 (2003).

12 Torii, K. U. et al. The Arabidopsis ERECTA gene encodes a putative receptor protein kinase with extracellular leucine-rich repeats. Plant Cell 8, 735-746 (1996).

13 Hara, K., Kajita, R., Torii, K. U., Bergmann, D. C. & Kakimoto, T. The secretory peptide gene EPF 1 enforces the stomatal one-cell-spacing rule. Genes Dev 21, 1720-1725 (2007).

14 MacAlister, C. A., Ohashi-Ito, K. & Bergmann, D. C. Transcription factor control of asymmetric cell divisions that establish the stomatal lineage. Nature 445, 537-540 (2007). 15 Pillitteri, L. J., Sloan, D. B., Bogenschutz, N. L. & Torii, K. U. Termination of asymmetric cell division and differentiation of stomata. Nature 445, 501-505 (2007).

16 Kondo, T. et al. Stomatal density is controlled by a mesophyll-derived signaling molecule. Plant Cell Physiol 51, 1-8 (2010).

17 Sugano, S. S. et al. Stomagen positively regulates stomatal density in Arabidopsis. Nature 463, 241-244 (2010).

18 Bergmann, D. C, Lukowitz, W. & Somerville, C. R. Stomatal development and pattern controlled by a MAPKK kinase. *Science* 304, 1494-1497 (2004).

19 Masle, J., Gilmore, S. R. & Farquhar, G. D. The ERECTA gene regulates plant transpiration efficiency in *Arabidopsis*. *Nature* 436, 866-870 (2005).

5 20 Berger, D. & Altmann, T. A subtilisin-like serine protease involved in the regulation of stomatal density and distribution in *Arabidopsis thaliana*. *Genes Dev* 14, 1119-1131 (2000).

21 Yang, Y., Costa, A., Leonhardt, N., Siegel, R. S. & Schroeder, J. I. Isolation of a strong *Arabidopsis* guard cell promoter and its potential role as a research tool. *Pl. Methods* 4, 1-15 (2008).

10 22 Lake, J. A. & Woodward, F. I. Response of stomatal numbers to CO₂ and humidity: control by transpiration rate and abscisic acid. *New Phytol* 179, 397-404 (2008).

23 Mustilli, A. C, Merlot, S., Vavasseur, A., Fenzi, F. & Giraudat, J. *Arabidopsis* OST1 protein kinase mediates the regulation of stomatal aperture by abscisic acid and acts upstream of reactive oxygen species production. *Plant Cell* 14, 3089-3099 (2002).

15 24 Xue, S. et al. Central functions of bicarbonate in S-type anion channel activation and OST1 protein kinase in CO₂ signal transduction in guard cell. *EMBO J* 30, 1645-1658 (2011).

25 Abrash, E. B. & Bergmann, D. C. Regional specification of stomatal production by the putative ligand CHALLAH. *Development* 137, 447-455 (2010).

26 Lee, J. S. et al. Direct interaction of ligand-receptor pairs specifying stomatal patterning. *Genes Dev* 26, 126-136 (2012).

20 27 Sellers, P. J. Modeling the exchanges of energy, water, and carbon between continents and the atmosphere. *Science* 275, 502-509 (1997).

28 LaDeau, S. L. & Clark, J. S. Rising CO₂ levels and the fecundity of forest trees. *Science* 292, 95-98 (2001).

25 29 Battisti, D. S. & Naylor, R. L. Historical warnings of future food insecurity with unprecedented seasonal heat. *Science* 323, 240-244 (2009).

30 Woodward, F. I., Lake, J. A. & Quick, W. P. Stomatal development and CO₂: ecological consequences. *New Phytologist* 153, 477-484 (2002).

31 Guttman, M. et al. Interactions of the NPXY microdomains of the low density lipoprotein receptor-related protein 1. *Proteomics* 9, 5016-5028 (2009).

30 32 McCormack, A. L. et al. Direct analysis and identification of proteins in mixtures by LC/MS/MS and database searching at the low-femtomole level. *Anal Chem* 69, 767-776 (1997).

Приклад 4: Характеристика генів, механізмів та шляхів, що опосередковують підвищений CO₂ контроль, або репресію, продигового розвитку. Даний представлений приклад описує та представляє дані, які характеризують гени, механізми та шляхи, що опосередковують або контролюють репресію продигового розвитку з підвищеним CO₂.

35 CO₂ контроль продигового розвитку для *erecta* одинарних та двоспрямованих мутантів: Для того, щоб виділити компоненти в напрямку транскрипції сигнальної системи про-пептида EPF2 та субтилізинподібної секретованої протеази CRSP, ми досліджували чи можуть ERECTA трансмембранні рецептор(подібні) кінази бути включеними в даний шлях. Подвійні сліпі експерименти показали, що *erecta* одинарний мутант (*erl05*; в *Columbia* екотипі) також показують стійку де-регуляцію CO₂-контрольованої супресії продигового розвитку. Одинарні мутанти *erl-2* та *erl2-l* показують дещо інвертований ефект, які не є настільки сильними як ERECTA мутантний фенотип (Фіг. 25). Даний результат є важливим для нашої роботи щодо ідентифікування всіх основних компонентів в шляху CO₂-контрольованого продигового розвитку та добре узгоджується з роботою, яка припускає, що ERECTA та EPF2 утворюють ліганд-рецепторні пари. Коли ERECTA (*erl05*) та ERECTA-подібні 1 та 2 (*erl1 erl2*) мутанти є поєднаними в двоспрямований мутант фонових ліній, інвертований фенотип CO₂ контролю продигового розвитку знову є чітко видимим, але не є значно підвищеним в порівнянні з *erl05* одинарним мутантом (Фіг. 26). Комбінація *erl05*, *erl2-l* двоспрямованого мутанту показує найбільш сильну інверсію серед двоспрямованих мутантів (Фіг. 26). Дані дослідження повторювали та додатково досліджували, щоб коригувати ключові медіатори в напрямку транскрипції CRSP та EPF2 в CO₂ сигнальній системі шляху.

Визначення сайту розщеплення синтетичних флуорогенних EPF пептидів, оброблених CRSP та SDD1 протеазами: Висновок є таким, що CRSP протеаза обробляє EPF2. Для того, щоб безпосередньо це дослідити, ми використовували синтетичний пептид та флуорогенний підхід аналізу протеази (Фіг. 27; дивись Фігура 21e, або Фігура 4e з прикладу 3). Попередні аналізи показують, що EPF1 розщеплення за рахунок, як SDD1, так і CRSP показує низьку афінність. Це припускає, що EPF1 розщеплення за допомогою даних протеаз може бути випадковим та неспецифічним щодо довжини пептидної послідовності. Зразки слідів EPF2 розщеплення показують, що EPF2 розщеплення за допомогою CRSP могло б бути

специфічним (в порівнянні з SDD1); ми проводимо детальні тандемні мас-спектрометричні аналізи даних реакцій.

Для того, щоб покращити даний протокол, ми зробили більш коротку реакцію розщеплення протягом 10 хвилин, на відміну від 6 годинних інкубувань, які робили в попередніх експериментах. Більш довгі інкубування можуть дати менш специфічні, повільніші реакції, що також розвиваються.

Ми використовували зародкову систему SP6-TNT-пшениці з високою врожайністю, щоб синтезувати STREPII™ мічені CRSP та SDD1 (контрольні) протеази. Систему IBA-Streptactin застосовували для очистки STREPII™ мічених протеаз, які застосовували в реакціях розщеплення. Контролі включали зародкову систему пшениці самостійно з негативним темплатним контролем води. Застосовували чотири синтетичні флуорогенні субстрати: EPF1, EPF2, EPF2-long та STOMAGEN як наступні:

Таблиця 1

Синтетичні пептидні послідовності разом з приєднаними флуоресцентними фрагментами.

Назва пептиду	Послідовність
STOMAGEN	Дабцил-LLPQVHLLNSRRRHMGISTAPTCTYNECRG-G1u-EDANS, N-термінальний дабцил та C-термінальний Glu-EDANS (SEQ ID NO: 19)
EPF2-Long	Дабцил HKKEISKNGGVEMEMYP TGSSLPDCSYACGACSPCKRVMISFECSVA ESCSVIYRCTCRGRYYHVPSRA-HHHHHH- Glu-EDANS, 75aa, N- термінальний дабцил та C-термінальний Glu-EDANS (SEQ ID NO: 120)
EPF1	Дабцил-KRQRRRPDTVQVAGSRLPDCSHACGSCSPC-Glu-(EDANS)(SEQ ID NO: 121)
EPF2	Дабцил-SKNGGVEMEMYP TGSSLPDCSYACGACSPC-Glu-(EDANS) (SEQ ID NO: 122)

*Розщеплення є "прогнозований", щоб відбутися між redAAs для EPF 1 та EPF2 та підтвердженням для STOMAGEN.

В той же час EPF1 та STOMAGEN в наведеній вище таблиці є негативними контролями, EPF2-long пептид був призначений на майбутнє в експериментах *in planta* з урахуванням того, яке повинно бути дослідження на біоактивність даного синтетичного пептида *in planta*. Сліди зразка EPF2-long пептида при розщепленні за участю CRSP, SDD1 та негативний контроль (WG) показані на фіг. 28. Ми, на даний час, застосовуємо мас-спектрометричні аналізи реакції розщеплення *in vitro*, щоб визначити специфічність розщеплення для пептид-протеазних пар. Ми, крім того, вдосконалюємо та перевіряємо даний спосіб для того, щоб отримати чітку картину точної необхідності щодо сайту розщеплення для EPF2 обробки та біоактивності в польових умовах.

Протеомні дослідження апопластичного цілого зрілого листа для WT, *crsp* та *cal24* мутантів: Ми здійснили декілька підходів, щоб ідентифікувати апопластичні та клітинні оболонко-асоційовані протеїнові медіатори CO₂ сигнальної системи. Наш перший набір даних ідентифікував 688 протеїнів в апопластичних WT та *cal24* мутантних листах. Дані експерименти здійснювали на цілих розетках зрілих рослин, які росли в сукупності на ґрунті. Ми повторювали даний експеримент, та другий набір зрілих рослин, які росли при низькому та підвищеному CO₂ для апопластичної протеоміки, збирали та аналізували на профільний центр UCSD протеоміки. Однак, існувала проблема з полівінілпіролідом, який застосовували, щоб видалити фенольні смоли, та MC сліди об'єднували. Таким чином, ми використовували новий підхід з вакуумною фільтрацією відокремленого листа з екстракційного буфера з наступним слабким віджимом та Amicon колоночною геле-хроматографією. Забруднення мезофілла контролювали за змістом хлорофілу в центрифугаті. Даний новий спосіб застосовували для 20 зрілих листів з WT, *crsp-1* та *cal24* рослин. MC аналізи профільного центру UCSD протеоміки даних малих серій протеїнів давали понад 200 незалежних попадань, включаючи CRSP протеазу (ще раз підтверджуючи нашу попередню ідентифікацію CRSP). Даний новий підхід може бути застосований для більш глибокої ідентифікації протеїнів, присутніх в апопласті та для кандидатів, чия поширенність або посттрансляційний модифікаційний статус змінюється при стресових CO₂ в WT та *cal24*

мутантних рослинах.

Інвертазні попадання в апопластичних протеомних дослідженнях: Ми ідентифікували ІНВЕРТАЗИ в апопластичних зразках. Таблиця 2 нижче налічує 3 інвертазних протеїни та їх спектральні одиниці в наших зразках.

5

Таблиця 2

Ідентифікація інвертази в апопластичних протеомах WT, *cal24* та *crsp* мутантних листях.

Ідентифіковані інвертазапротеїни	Номер доступу	Молекулярна маса	Загальні спектральні одиниці в наших зразках
Рослинний інгібітор суперродини інвертаза/пектин-метилестерази	AT2G45220.1	56 кДа	210
Рослинний інгібітор суперродини інвертаза/пектин-метилестерази	AT2G26440.1	60 кДа	28
Рослинний інгібітор суперродини інвертаза/пектин-метилестерази	AT5G62350.1	22 кДа	9

Аналізи епістаза комбінації of *enf2*, *crsp* та *ca124* мутантів: Важливе питання для доказів *in planta* EFP2 обробки CRSP полягає в тому, чи є CRSP такому самому шлясі як EFP2. Ми схрестили *epf2-1* та *epf2-2* мутанти незалежно з *crsp* одинарними мутантами та підтвердили гомозиготне потомство для обох комбінацій алелів: тобто *epf2-1,crsp* та *epf2-2,crsp*. Обидва набори насіння для даних ліній досліджували щодо CO₂ контролю продигового розвитку та попередні експерименти показують, що виникає інвертований фенотип CO₂ контролю продигового розвитку, який не є адитивним в двоспрямованих мутантах при порівнянні з одинарними мутантами (Фіг. 5). Ланий експеримент можуть повторювати декілька разів в незалежних подвійних сліпих аналізах. Ми, крім того, схрестили *epf2-2,crsp-2* та *calca2ca4* мутанти та підтвердили гетерозиготні F1 рослини, які мають всі 5 мутацій та 4 мутації: або *epf2-2* та *calca2ca4*, або *crsp-2*, *cal*, *ca2* та *ca4*. Схрещення *crsp-4* та *crsp-1* алелів з *epf2-2* також були завершені, та наступним є виділення F1 потомства.

Зразок CRSP експресії та аналізи місцезнаходження *in planta*: Ми генерували CRSPпромотор::GUS плазмиду та трансформували її в WT та *cal24* рослини. Позитивні трансформанти вибирали для обох наборів ліній, та насіння ссипали. GUS дослідження на рослинах можуть проводити далі для детального CRSP місцезнаходження. Крім того, ми конструювали CRSPprom::CRSP-YFP злиття для більш поглиблених досліджень клітинного місцезнаходження та функціональної комплементції *crsp* мутантного фенотипу.

CO₂ контроль продигового розвитку для передбачуваного бікарбонатного транспортеру: BOR5: Наші біоінформаційні аналізи показали, що BOR5 протеїн, який є членом родини бор-транспортерів, має бікарбонатний транспортерний домен. Подвійні сліпі експерименти показують, що *bor5* одинарні мутантні алелі (#20 = GK-703F07.01 та #21 = GK-786H06) не демонструють стійкої де-регуляції (тобто інверсії відповіді WT) в CO₂-контрольованій супресії продигового розвитку (Фіг. 30).

Germplasm: ABA та CO₂ чутлива ознака "Укладання" ліній в *Arabidopsis*: Ми комбінуємо ознаки ABA та CO₂ продигової відповіді для потенційного підвищення ефективності використання води рослиною та її стійкості до посухи. Трансформовані лінії можуть бути генотипованими (наприклад, позитивними) для виділення трансгенних ліній з одиничним локусом – одиничною вставкою, які можуть бути застосовані і наших аналізах посухи. Для досягнення цієї мети, 100 індивідуальних T2 саджанців з 10 незалежних позитивних трансформантів кожен з *abil-2,abi2-2* двоспрямованими та *abil-2,habl-1,pp2ca-1* потрійними мутантами, трансформованими з pGCl::CA1 конструктором, вирощували для cRT-PCR аналізів.

З даних 2000 вихідних рослин, індивідуально збирали насіння та тканину для 445 рослин для перевірки кількості трансгенних вставок.

Газообмін та дослідження, спрямовані на карбоангідразу: Ми спрямовуємо карбоангідразу CA1 на цитоплазматичну мембрану замикаючої клітини та CA4 на хлоропласт *ca1ca4* двоспрямованих мутантних рослин, щоб визначити, чи функція карбоангідраз (CAs) є безпосередньо пов'язаною з їх місцезнаходженням в замикаючих клітинах. Ми провели експерименти з CA4, які, як правило, розташовуються на цитоплазматичній мембрані. Ми злили 55 амінокислот з CplscA протеїном, послідовність проходження хлоропласта, до N-кінця CA4-YFP, та конструктор трансформували в *ca1ca4* двоспрямований мутант. У трансгенних

рослин спостерігали сильний YFP сигнал в хлоропластах, який показує, що CA4 була успішно спрямована в хлоропласти. Потім ми аналізували CO₂ відповіді в даних YFP експресуючих лініях. Цікаво, що хлоропласт, який експресує CA4-YFP, не комплементує чітко або повністю CO₂ малочутливий фенотип *ca1ca4*, як проілюстровано на фіг. 31.

Наші попередні тандемні мас-спектрометричні дані показали, що 107 амінокислот N кінця CA1 є видаленими *in planta*, яка знаходиться у відповідності з моделлю, в якій бета-CAs є посттрансляційно модифікованими даним способом. Ми трансформували конструкт, щоб дати можливість цитоплазматичній мембрані, що спрямовує CA1 за рахунок злиття 12 амінокислотного N-термінального домена міристоїлювання AtCBL1 протеїну, спрямованого на цитоплазматичну мембрану, CA1-YFP пісою делеції першого 107 AA з CA1. *ca1ca4* мутантні рослини трансформували з даним конструктом під контролем промотора замикаючої клітини рGC 1. T1 трансгенні рослини піддавали скринінгу, застосовуючи конфокальну мікроскопію, щоб проаналізувати YFP сигнали, але ми не могли спостерігати YFP сигнали в декількох сотен ліній. З нашого досвіду, трансформація T-ДНК ліній часто може призводити до обмеженої експресії протеїнів на основі попереднього досвіду, та, таким чином, багато ліній, в деяких випадках, потребували в скринінгу, щоб вибрати експресуючі трансформанти. Потім ми піддавали скринінгу за YFP сигналом в замикаючих клітинах T2 покоління трансгенних *ca1ca4* рослин, та ми ідентифікували якусь дуже слабку YFP експресію в цитоплазматичній мембрані. CO₂ відповіді даних ліній можуть бути проаналізовані щодо CO₂ регуляції продихової провідності, застосовуючи LiCOR газообмінний аналізатор, щоб перевірити чи може розташований в цитоплазматичній мембрані CA1 комплементувати CO₂ нечутливість *ca1ca4* рослин.

Аналізи протеїнофосфатаз типу 2C (TP2Cs) в CO-індукованому продиховому закритті: Роль протеїнофосфатази типу 2C (PP2Cs) в CO₂-індукованому продиховому закритті ще не є ясною в наших попередніх аналізах. Тому, ми, крім того, аналізували CO₂ регуляцію газообміну як в Col-, так і Ler-основному доміантному мутанті PP2C *abil-1* та *abi2-1* ліній в інтактних листях. Ми виявили, що *abil-1* та *abi2-1* мутанти в Col екотипі показали дещо ослаблені відповіді на зміни [CO₂] в порівнянні з Col-0 немутованим типом рослин та *abil-1* та *abi2-1* в Ler фоні, який показував часткове ослаблення відповідей на CO₂ зміни, припускаючи, що доміантні *abil-1* та *abi2-1* PP2C фосфатазні протеїни показують умовні або часткові ефекти на CO₂ відповіді.

Недавні дослідження показали, що ангідрази β-вугільної кислота функціонують скоріше в CO₂-індукованому продиховому закритті (Hu et al., 2010), та що бікарбонат (HCO₃⁻) є важливим внутрішньоклітинним сигналом, що тригери активації S-типу аніонних каналів в *Arabidopsis* замикаючих клітинах (Xue et al., 2011). Для подальшого визначення ролі ABI1 та ABI2 в CO₂-індукованій продиховій сигнальній системі, вимірювали аніонні струми, індукований активацією HCO₃⁻ за S-типом в *abil-1* та *abi2-1* в Ler фонових рослинах. В даному документі ми використовували таку ж саму концентрацію внутрішньоклітинного бікарбонату, що й застосовували в Xue et al (Xue et al., 2011). Замикаюча клітина протопласти з *abil-1* та *abi2-1* демонструвала чітке зниження, але все ще функціональні аніонні струми, індуковані HCO₃⁻ активацією, як проілюстровано на фіг. 32.

Представлені вище результати можуть очікуватись, оскільки, очікується, що доміантні мутації в даних двох PP2C (ABI1 та ABI2) понижуючи регулюють активність OST1 протеїнкінази, якв функціонує в CO₂ регуляції газообміну. Для того, щоб в подальшому дослідити, чи дані PP2C функціонують в CO₂ сигнальній системі продихових рухів, ми аналізували квадрупольні нокаут-мутантні рослини в чотирьох функціональній замикаючій клітині PP2Cs (ABI1, ABI2, PP2CA та HAB1). PP2C квадрупольні мутантні рослини, в яких чотири PP2C були «нокаутованими», демонстрували більш близькі CO₂ відповіді подібні до немутантного типу, показуючи, що PP2C можуть впливати на CO₂ відповідь більш опосередковано в порівнянні з OST1 протеїнкіназою.

Разом з цим, дані результати припускають, що CO₂ не може безпосередньо модулювати дані PP2C, але так як дані PP2C взаємодіють з OST1 протеїнкіназою, вони можуть надавати м'який або опосередкований вплив на CO₂ відповідь. Дані результати, крім того, припускають, що дана протеїнофосфатаза не може бути мішенями для модуляції CO₂ відповідей, тоді як вони є гарними мішенями для модулювання АВА відповідей та для "пірамідування" (укладання) експериментів, в яких ми збільшуємо АВА-посухову сигнальну систему та CO₂ сигнальну систему в тих самих рослинах (дивись вище "Germplasm: ABA and CO₂ responsive trait "Stacking" lines in *Arabidopsis*").

Висока пропускна здатність призводить до нового захоплення генів-кандидатів в CO₂ чутливих та сигнальних каскадах

PHK-Seq для Columbia WT та *ca1ca4* мутантні саджанці, які росли при високому та низькому

CO₂ в різні моменти часу: Раніше, доповідали про RNA-Seq аналізи для WT та *sa1ca4* саджанців на 5 день після проростання, дивись також приклад 3, вище. Ми аналізували два нових RNA-Seq експерименти для WT та *sa1ca4* саджанців на 7 та 11 дні після проростання. Дані були отримані при BIOGEM, UCSD секвенуванні об'єкта, та зараз ми маємо декілька в

5 зачній мірі диференціально експресованих (підвищуючи- та знижуючи- регульованих) кандидатів-попадань для WT та *sa1ca4* мутантних зразків саджанців. Для даних досліджень, ми представили 5 мікрограм загального RNA на зразок. Покриття послідовності та % картування ефективностей були чудовими для всіх зразків з > 96,3% картування ефективностей (тобто, картування ефективності зразку до стандартного геному, 95% або

10 вище є чудовим). Крім того, дуже мало генів (<128) показали рівень поминок-позитивних результатів (FDR) за межами прийнятного порогу.

Протеомний профілювання Columbia WT та *sa1ca4* мутантних саджанців, які росли при високому та низькому CO₂: ґрунтуючись на найкращих моментах часу, визначених із використанням RNA-Seq, цілі протеоміка розсади (цілісні гіпокотилі та сім'ядолі можуть бути застосовані для протеїнової екстракції) WT та *sa1ca4* саджанці можуть проводитись із використанням нового протоколу для підвищення протеїнового покриття (ультрацентрифугування, щоб відокремити мікросоми від цитоплазматичних протеїнів). Тканинні зразки для 3 незалежних наборів саджанців можуть бути приготовлені для очистки протеїну, та можуть бути застосовані тільки один раз, ми визначаємо найкращий RNA-Seq

20 момент часу, та що повинен бути подальший момент часу для відбору протеомних проб. Об'єднані результати з даних досліджень та зазначених вище RNA-Seq експериментів можуть бути застосовані для вирішення поставлених наших біологічних цілей систем для мережі та ідентифікації хаба для ключових механізмів, включених в CO₂ регуляцію газообміну у рослин.

Підтвердження фенотипів для активування мічення мутантів та нових протеазних мутантів:

25 Сильні кандидати, виділені з активації, про яку повідомлялось раніше, мічення скринінгу, можуть бути ідентифікованими. Застосовуючи інфра-червону термографію, ми знову провели скринінг 16 з позитивних попадань для супресорної та енхансерної мутантних ліній теплового фенотип *sa1ca4* холодного листка *sa1ca4* мутантних рослин. 10 рослин з 16 незалежних ліній оглядали кожні 2 дні (фіг. 34). Дані експерименти з ІЧ-термографії можуть бути продовжені

30 далі та сильні кандидати (фігура 34; наприклад, лінії 3, 4, та 7) з відтворюваними фенотипами можуть бути охарактеризовані для вставки Т-ДНК геномних фланкуючих ділянок з використанням TAIL-ПЛР, щоб далі визначити передбачувані генетичні локуси, відповідальні за мутантні фенотипи, які спостерігаються.

Наступний ген RNAseq для *htl-2* та Columbia WT замикаючих клітин з епідермальних фрагментів зрілого цілого листка: *htl-2* мутант має фенотип теплішого листка, та розуміння механізмів, включених з даною функцією гена, могло б допомогти в зусиллях щодо розробки стійкості зернових культур до посухи. Для того, щоб визначити транскрипційні мішені HT1, три окремих серії *htl-2* та Columbia WT рослин вирощували в зовнішньому середовищі CO₂, та зразки епідермальних фрагментів, збагачені замикаючими клітинами, збирали для RNA-Seq

40 аналізів. Зріле, здорове листя збирали та змішували в Warring змішувачі, та епідермальні фрагменти, збагачені замикаючими клітинами, промивали та чистили. RNA з даних зразків будуть екстрагувати та піддавати RNA-Seq аналізам, щоб ідентифікувати HT1 мішені (регульовані транскрипційно).

Дослідження фенотипування в умовах обмеження води та посухи:

45 Розробка нових протоколів стресової посухи для ліній над-експресії карбоангідрази, спрямованих на замикаючу клітину.

Перевіряли новий протокол моделювання посухи, який зменшує тривалість часу, необхідну для моделювання умов посухи. При розробці покращених протоколів щодо стресової посухи, ми вирощували рослини в фритованому глинистому ґрунті, який дає швидку втрату води приблизно 10% втрати вмісту води в ґрунті на день. Теплові зображення та маси горщиків записували для спостереження за різницями температури (фігура 34a та 34b) та втратою води (фігури 35 та 36). (n = від 3 до 10 рослин, в залежності від лінії, через те, що деякі рослини гинуть до вимірювання).

50

Рослини вирощували в горщиках площею 2,5 кв.дюйма, розташованих в лінію з агротканиною в нижній частині, щоб стимулювати капілярність та попередити витік в ґрунт. Після маркування кожного горщика номером доступу та реплікації, записували суху масу кожного горщика з тканиною. Горщика заповнювали попередньо висушеним "PROFILE POROUS CERAMIC™ (PPC) "Greens Grade" ґрунтом до приблизно на 1 см нижче верхнього краю горщика (Profile Products LLC, Buffalo Grove, IL). Суху масу ґрунту + горщика записували

60 для кожного горщика. Для видалення пилу та будь-яких можливих солей з глини, нижню

частину кожного піддону заповнювали водою до 2 см вище бічних сторін горщиків, піддони накривали куполами та давали просочуватися протягом ночі. Наступного дня, воду, що залишилася, зливали та повторно заповнювали свіжою водою. Це повторювали в цілому три рази. Потім площину заповнювали V2 концентрованим поживним розчином Гоагlanda (Hoagland), накривали куполами та давали просочуватися протягом ночі. Наступного дня, розчин, що залишився стояти, зливали сифоном, та горщикам давали стекти протягом однієї години. Нижню частину горщиків промокували паперовими рушниками, щоб видалити будь-які крапельки води, що залишилися, та записували насичену масу.

Досліджували шість ліній CA1 та CA4 над-експресії. Col-0, ost-1, та PP2C квадрупольні мутанти були включеними як контролю. *Arabidopsis* насіння стерелізували на поверхні етанолом, потім суспендували в 0,1% агарі в пробірках Епіндорф (Eppendorf) об'ємом 1,5 мл. Пробірки обгортали фольгою та тримали при 4°C протягом 3 днів. Через три дні, насіння поміщали за допомогою піпетки в центр горщика з відповідними помітками. Ґрунт був сильно запотівшим, піддони накривали куполами та переміщали в кімнати для росту, в яких підтримували, в середньому, температура 22°C та вологість 50%. Піддони контролювали щодня протягом проростання, та дані щодо проростання записували для кожного горщика. якщо проростання не відбувалось, в горщик, пересаджували додаткові саджанці з інших горщиків з тим самим номером, коли доступні. Рослини вирощували з 16 годинним світловим днем. В нижні частини піддонів наливали воду до насичення кожного іншого дня, що давало залишатися у воді протягом однієї години, потім залишкову воду зливали сифоном, щоб дати ґрунту насичитись киснем. Рослини удобрювали напів-концентрованим розчином Гоагlanda один раз на тиждень в місці поливу, слідуючі тій самій методиці, яку застосовували для поливу.

Шість тижнів після проростання, горщикам давали стекти протягом однієї години після зливу води та промокували паперовими рушниками, щоб отримати початкову масу. Для насиченої обробки, всі горщики поливали в нижній частині раз на два дні, як описано вище. Масу горщика вимірювали щоденно, як описано вище. Для обробки посухою, розраховували гравметричний вміст води (GWC – маса води на одиницю маси сухого ґрунту) так, що кожен горщик міг бути збереженим на тому ж рівні висихання кожен день. Ми орієнтувались на 100, 90, 80, 70, 60, 50 та 40% води, що залишалась в горщиках при обробці посухою. Дані горщики зважували щоденно та розраховували вміст води, що залишилась. Воду додавали за допомогою піпетки, при необхідності, щоб підтримувати всі горщики з ґрунтом з цільовим вмістом води протягом такого дня. Якщо всі горщики, зазначені вище, залишалися з цільовим вмістом води протягом дня, цільовий вміст води продовжували на наступний день. Коли обробка посухою досягла 40% вмісту води, їх знову поливали до насичення та давали можливість відновитися протягом трьох днів перед тим як проводити кінцеві вимірювання насиченого відновлення.

Насіння можуть пророщувати в MS планшетах, потім переносили як саджанці в фритований глинистий ґрунт, оскільки багато рослин загинули під час проростання. Крім того, суху масу рослина не розраховували для досліджень, які використовували для розробки протоколу щодо посухи, але буде визначатися в подальших дослідженнях з новими СА-над-експресуючими лініями з гомозиготними одинарними вставками. Вимірювання та обробку посухи можуть починати у рослин в ранньому віці, так як рослини почали розпускатися на половині терміну обробки. Крім того, в наступних експериментах, ґрунту можуть давати висохнути до точки, коли *ost1* мутантні рослини починають слабшати, щоб бути впевненим, що рослини піддаються рівню посухи, який викликає сильну фізіологічну відповідь. Оптимальний рівень посухи також можуть утримуватися протягом декількох днів довше, щоб додатково надати стресові умови рослинам для того, щоб відповідь можна було б охарактеризувати більш повно.

Посилання прикладу 4

Hu H, Boisson-Dernier A, Israelsson-Nordstrom M, Bohmer M, Xue S, Ries A, Gadoski J, Kuhn JM, Schroeder JI (2010) Carbonic anhydrases are upstream regulators of CO₂- controlled stomatal movements in guard cells. *Nature Cell Biology* 12: 87-93

Xue S, Hu H, Ries A, Merilo E, Kollist H, Schroeder JI (2011) Central functions of bicarbonate in S-type anion channel activation and OST1 protein kinase in CO₂ signal transduction in guard cell. *EMBO J* 30: 1645-1658.

Приклад 5: Аналізи епістаз комбінацій *enf2* та *crsp* мутантів

Дані представлений приклад описує та представляє дані, які підтверджують, або ні, функцію CRSP та EPF2 в тому самому шляху.

Експеримент щодо CO₂-залежного продигового розвитку для двоспрямованих мутантів *crsp* з *epf2-1* та *epf2-2* незалежно повторювали. Дане дослідження підтверджує, як

проілюстровано на фігурі 37, результати, отримані раніше: комбінації двоспрямованих мутантів не показують адитивні фенотипи в порівнянні з одинарними мутантами, вказуючи, що функція як EPF2, так і CRSP в тому самому шляху для CO₂-залежного продихового розвитку.

5 CO₂ контроль продихового розвитку *erecta* одинарних та двоспрямованих мутантів: Показано, що Er- Epf2 та Erl 1-Epf1 утворюють пари ліганд-рецептор. Попередні експерименти на рецепторному протеїні мутантів залучали ERECTA рецептор, який є включеним в CO₂ контроль продихового розвитку. Нові подвійні сліпі експерименти проводили протягом трьох разів для *erecta* одинарних та двоспрямованих мутантів. SI розрахунки з та без дрібних клітин
10 є показаними на фіг. 38 та 39, відповідно. Дані результати підтверджують попередні результати та далі підкріплюють нашу модель, за якою CO₂ контроль продихового розвитку відбувається за рахунок EPF2 (та його рецептору ERECTA), а не через EPF 1.

Визначення сайту EPF2 розщеплення за допомогою CRSP: *in vitro* реакції розщеплення: Для того, щоб визначити певний сайт розщеплення, де CRSP обробляє EPF2, *in vitro* розщеплення
15 синтетичних EPF2 та CRSP проводилися протягом 30 хвилин. Три види були ідентифіковані в MALDI-TOF-MS аналізі (фіг. 40) та переважаючий пік відповідає найбільшому фрагменту розщеплення: SKNGGVEMEMYPTGSSLPD (SEQ ID NO: 129) (14 попадань). Прогнозується, що відносний вміст даного більшого фрагменту є набагато вищим, ніж у інших видів.

Крім того, детектували два другорядних види: SKNGGVEMEMYPTGSSL (SEQ ID NO: 130)
20 (3 попадання) та SKNGGVEMEMYPTGS (SEQ ID NO: 131) (5 попадань). Крім того, був представлений 30 аа, повної довжини, нерозщеплений пептид (14 попадань).

Апопластами зрілого листка: Підтвердження ідентифікації CRSP з новими попаданнями в протеомних експериментах: 20 зрілих розеток листя WT та cal24 розсікали та виділяли апопластичні протеїни. Більшість протеїнів, понад 70%, які були виділені, анотували як
25 секретовані на TAIR веб-сайті. CRSP протеазу ідентифікували в даних зразках з 21 незалежними пептидними попаданнями.

Описано кількість варіантів втілення за винаходом. Тим не менш, може бути зрозуміло, що різні модифікації можуть бути зроблені без відступу від сутності та обсягу винаходу. Відповідно, інші варіанти втілення знаходяться в межах обсягу наступної формули винаходу.

30

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071__SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
SEQUENCE LISTING

<110> THE REGENTS OF THE UNIVERSITY OF CALIFORNIA
SCHROEDER, Julian I.
ENGINEER, Cawas I.

<120> КОМПОЗИЦІЇ ТА СПОСОБИ, ЩО СПРИЧИНЯЮТЬ РОЗВИТОК ПРОДИХІВ
У ВІДПОВІДЬ НА ДІОКСИД ВУГЛЕЦЮ ТА ЗАСТОСУВАННЯ ДЛЯ
РОЗВИТКУ ПОСУХОСТІЙКОСТІ У РОСЛИН

<130> 00015-221w01/SD2012-290-1-PCT

<140> представляється
<141> 2013-06-21

<150> USSN 61/663,071
<151> 2012-06-22

<160> 133

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1
<211> 2310
<212> ДНК
<213> Arabidopsis thaliana

```

<400> 1
atgaaaggca ttacattctt cacacccttt ttatcatttc tatatctctt atgcatcttg      60
tttatgacag aaactgaagc tgggtcgaga aatgggtgatg gggctctacat tgtctacatg      120
ggatcagctt cctctgctgc aaacgctaata agagctcaaa tactcataaa caccatgttt      180
aaaaggagag caaacgatct tctccacaca tataagcatg gcttctcagg ttttgagctt      240
cgtttgacag cagaagaggc caaggtcata gccaaagaaac cgggagtggt ttcagttttt      300
cctgaccacac acttcagctt tcatacaact cattcatggg actttctcaa gtaccaaaca      360
tcagtaaagg tcgattccgg tccaccttca tcagcctcag atggatcata tgatagcatt      420
gtcgggaattc ttgacacagg gatatggcca gagtcagaga gtttcaatga caaagacatg      480
ggccaattc cgtctcgggt gaaagggtaca tgcattggaag caaaggactt caagtcttcc      540
aactgtaaca gaaagatcat tggagcaaga tactacaaaa atcctgatga tgattcagaa      600
tactatacca caagggatgt catcggtcac gggttctcatg tgcctccac catagctgga      660
tctgccgtgg agaattcttc ctactatggt gtagcttccg ggactgcaaa gggagggttca      720
caaaacgcta gaatcgctat gtacaaagta tgcaatccag ggggatgcac tggctcctct      780
atcttagctg ctttcgatga tgcaatcgca gatggagttg atgttctatc tctgtctctt      840
ggagctccag catacgtctg catcgacttg aacactgatc ctattgccat tggagcgttt      900
cacgcggtgg agcaaggaat cttggtgatc tgctctgcgg gtaatgatgg acctgatggc      960
ggtacagtta ctaatactgc accttgata atgaccgttg ctgccaacac tattgataga     1020
gactttgagt ctgatgttgt actaggcggc aataaagtca tcaagggtga aggtatacac     1080

```

Page 1

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

ttttcaaagc ttagtaaate tcctgtgtat cctctgattc atggcaagtc tgctaagagc      1140
gctgatgcat cagaaggatc agccagggcc tgtgactctg attctctaga tcaagagaag      1200
gtaaaagggg agatttgtgt atgcgagaac gttggtggat catattatgc atcatccgct      1260
agggacgagg tgaagagcaa aggaggtact ggttgctctt ttgtagatga cagaactaga      1320
gcagttgcta gtgcttatgg tagctttcct actaccgtaa ttgactcaaa ggaagcagct      1380
gagatcttct cctacctcaa ctcaacccaa gatcctgttg caacaattct tcccactgca      1440
acagttgaaa agttcacacc tgccccctgt gttgcatatt tttcttccag aggaccttca      1500
agcctcacia gaagcattct caaacctgac attaccgcac caggagtctc gatactcgct      1560
gcattggact gaaacgactc aagcatttca ctggaaggca agccggcttc tcagtataac      1620
gtcatatcag gaacttccat ggcagctcct catgtttcag ctgttgcatc tctgatcaaa      1680
tcacagcctc ccacatgggg tccatccgcg atcagatcag caattatgac aacagcgact      1740
caaacaaaca acgacaaagg tcttataaca acagaaactg gtgcaacagc cacaccttat      1800
gactctggag caggagaact aagctcaaca gcataaatgc aaccaggact agtttacgag      1860
actactgaaa ctgactacct gaactttctc tgttactatg gatataacgt aaccacaata      1920
aaggctatgt caaaagcttt tccagagaat tttacttgcc ctgcagattc caacttagac      1980
ttgatctcca ccatcaatta cccgtcaatt ggaatctctg gattcaaagg aaatggtagc      2040
aagacagtta caagaacagt gaccaatggt ggtgaggacg gtgaggcggg ttacacagtc      2100
agcgttgaaa caccaccagg gttaacatt caagtgcgc cagaaaaact ccaatttaca      2160
aaagatgggt agaagttgac ataccagggt atagtgtctg ctactgcttc acttaagcaa      2220
gatgtatttg gggctcttac ttggtcta at gccaagtaca aggtcagaag cccaattgta      2280
attagtagcg agagtagccg cacaaactga      2310

```

<210> 2
 <211> 769
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 2

Met Lys Gly Ile Thr Phe Phe Thr Pro Phe Leu Ser Phe Leu Tyr Leu
 1 5 10 15

Leu Cys Ile Leu Phe Met Thr Glu Thr Glu Ala Gly Ser Arg Asn Gly
 20 25 30

Asp Gly val Tyr Ile val Tyr Met Gly Ser Ala Ser Ser Ala Ala Asn
 35 40 45

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
Ala Asn Arg Ala Gln Ile Leu Ile Asn Thr Met Phe Lys Arg Arg Ala
50 55 60

Asn Asp Leu Leu His Thr Tyr Lys His Gly Phe Ser Gly Phe Ala Ala
65 70 75 80

Arg Leu Thr Ala Glu Glu Ala Lys Val Ile Ala Lys Lys Pro Gly Val
85 90 95

Val Ser Val Phe Pro Asp Pro His Phe Gln Leu His Thr Thr His Ser
100 105 110

Trp Asp Phe Leu Lys Tyr Gln Thr Ser Val Lys Val Asp Ser Gly Pro
115 120 125

Pro Ser Ser Ala Ser Asp Gly Ser Tyr Asp Ser Ile Val Gly Ile Leu
130 135 140

Asp Thr Gly Ile Trp Pro Glu Ser Glu Ser Phe Asn Asp Lys Asp Met
145 150 155 160

Gly Pro Ile Pro Ser Arg Trp Lys Gly Thr Cys Met Glu Ala Lys Asp
165 170 175

Phe Lys Ser Ser Asn Cys Asn Arg Lys Ile Ile Gly Ala Arg Tyr Tyr
180 185 190

Lys Asn Pro Asp Asp Asp Ser Glu Tyr Tyr Thr Thr Arg Asp Val Ile
195 200 205

Gly His Gly Ser His Val Ser Ser Thr Ile Ala Gly Ser Ala Val Glu
210 215 220

Asn Ala Ser Tyr Tyr Gly Val Ala Ser Gly Thr Ala Lys Gly Gly Ser
225 230 235 240

Gln Asn Ala Arg Ile Ala Met Tyr Lys Val Cys Asn Pro Gly Gly Cys
245 250 255

Thr Gly Ser Ser Ile Leu Ala Ala Phe Asp Asp Ala Ile Ala Asp Gly
260 265 270

Val Asp Val Leu Ser Leu Ser Leu Gly Ala Pro Ala Tyr Ala Arg Ile
275 280 285

Asp Leu Asn Thr Asp Pro Ile Ala Ile Gly Ala Phe His Ala Val Glu
290 295 300

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Gln Gly Ile Leu Val Ile Cys Ser Ala Gly Asn Asp Gly Pro Asp Gly
305 310 315 320

Gly Thr Val Thr Asn Thr Ala Pro Trp Ile Met Thr Val Ala Ala Asn
325 330 335

Thr Ile Asp Arg Asp Phe Glu Ser Asp Val Val Leu Gly Gly Asn Lys
340 345 350

Val Ile Lys Gly Glu Gly Ile His Phe Ser Asn Val Ser Lys Ser Pro
355 360 365

Val Tyr Pro Leu Ile His Gly Lys Ser Ala Lys Ser Ala Asp Ala Ser
370 375 380

Glu Gly Ser Ala Arg Ala Cys Asp Ser Asp Ser Leu Asp Gln Glu Lys
385 390 395 400

Val Lys Gly Lys Ile Val Leu Cys Glu Asn Val Gly Gly Ser Tyr Tyr
405 410 415

Ala Ser Ser Ala Arg Asp Glu Val Lys Ser Lys Gly Gly Thr Gly Cys
420 425 430

Val Phe Val Asp Asp Arg Thr Arg Ala Val Ala Ser Ala Tyr Gly Ser
435 440 445

Phe Pro Thr Thr Val Ile Asp Ser Lys Glu Ala Ala Glu Ile Phe Ser
450 455 460

Tyr Leu Asn Ser Thr Lys Asp Pro Val Ala Thr Ile Leu Pro Thr Ala
465 470 475 480

Thr Val Glu Lys Phe Thr Pro Ala Pro Ala Val Ala Tyr Phe Ser Ser
485 490 495

Arg Gly Pro Ser Ser Leu Thr Arg Ser Ile Leu Lys Pro Asp Ile Thr
500 505 510

Ala Pro Gly Val Ser Ile Leu Ala Ala Trp Thr Gly Asn Asp Ser Ser
515 520 525

Ile Ser Leu Glu Gly Lys Pro Ala Ser Gln Tyr Asn Val Ile Ser Gly
530 535 540

Thr Ser Met Ala Ala Pro His Val Ser Ala Val Ala Ser Leu Ile Lys
545 550 555 560

Page 4

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.tx

Ser Gln His Pro Thr Trp Gly Pro Ser Ala Ile Arg Ser Ala Ile Met
565 570 575

Thr Thr Ala Thr Gln Thr Asn Asn Asp Lys Gly Leu Ile Thr Thr Glu
580 585 590

Thr Gly Ala Thr Ala Thr Pro Tyr Asp Ser Gly Ala Gly Glu Leu Ser
595 600 605

Ser Thr Ala Ser Met Gln Pro Gly Leu Val Tyr Glu Thr Thr Glu Thr
610 615 620

Asp Tyr Leu Asn Phe Leu Cys Tyr Tyr Gly Tyr Asn Val Thr Thr Ile
625 630 635 640

Lys Ala Met Ser Lys Ala Phe Pro Glu Asn Phe Thr Cys Pro Ala Asp
645 650 655

Ser Asn Leu Asp Leu Ile Ser Thr Ile Asn Tyr Pro Ser Ile Gly Ile
660 665 670

Ser Gly Phe Lys Gly Asn Gly Ser Lys Thr Val Thr Arg Thr Val Thr
675 680 685

Asn Val Gly Glu Asp Gly Glu Ala Val Tyr Thr Val Ser Val Glu Thr
690 695 700

Pro Pro Gly Phe Asn Ile Gln Val Thr Pro Glu Lys Leu Gln Phe Thr
705 710 715 720

Lys Asp Gly Glu Lys Leu Thr Tyr Gln Val Ile Val Ser Ala Thr Ala
725 730 735

Ser Leu Lys Gln Asp Val Phe Gly Ala Leu Thr Trp Ser Asn Ala Lys
740 745 750

Tyr Lys Val Arg Ser Pro Ile Val Ile Ser Ser Glu Ser Ser Arg Thr
755 760 765

Asn

<210> 3
<211> 2193
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
<400> 3

Ala Thr Gly Gly Gly Ala Thr Cys Ala Gly Cys Thr Thr Cys Cys Thr
1 5 10 15
Cys Thr Gly Cys Thr Gly Cys Ala Ala Ala Cys Gly Cys Thr Ala Ala
20 25 30
Thr Ala Gly Ala Gly Cys Thr Cys Ala Ala Ala Thr Ala Cys Thr Cys
35 40 45
Ala Thr Ala Ala Ala Cys Ala Cys Cys Ala Thr Gly Thr Thr Thr Ala
50 55 60
Ala Ala Ala Gly Gly Ala Gly Ala Gly Cys Ala Ala Ala Cys Gly Ala
65 70 75 80
Thr Cys Thr Thr Cys Thr Cys Cys Ala Cys Ala Cys Ala Thr Ala Thr
85 90 95
Ala Ala Gly Cys Ala Thr Gly Gly Cys Thr Thr Cys Thr Cys Ala Gly
100 105 110
Gly Thr Thr Thr Thr Gly Cys Ala Gly Cys Thr Cys Gly Thr Thr Thr
115 120 125
Gly Ala Cys Ala Gly Cys Ala Gly Ala Ala Gly Ala Gly Gly Cys Cys
130 135 140
Ala Ala Gly Gly Thr Cys Ala Thr Ala Gly Cys Cys Ala Ala Gly Ala
145 150 155 160
Ala Ala Cys Cys Gly Gly Gly Ala Gly Thr Gly Gly Thr Thr Thr Cys
165 170 175
Ala Gly Thr Thr Thr Thr Thr Cys Cys Thr Gly Ala Cys Cys Cys Ala
180 185 190
Cys Ala Cys Thr Thr Cys Cys Ala Gly Cys Thr Thr Cys Ala Thr Ala
195 200 205
Cys Ala Ala Cys Thr Cys Ala Thr Thr Cys Ala Thr Gly Gly Gly Ala
210 215 220
Cys Thr Thr Thr Cys Thr Cys Ala Ala Gly Thr Ala Cys Cys Ala Ala
225 230 235 240
Ala Cys Ala Thr Cys Ala Gly Thr Ala Ala Ala Gly Gly Thr Cys Gly
Page 6

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 245 250 255

Ala Thr Thr Cys Cys Gly Gly Thr Cys Cys Ala Cys Cys Thr Thr Cys
 260 265 270

Ala Thr Cys Ala Gly Cys Cys Thr Cys Ala Gly Ala Thr Gly Gly Ala
 275 280 285

Thr Cys Ala Thr Ala Thr Gly Ala Thr Ala Gly Cys Ala Thr Thr Gly
 290 295 300

Thr Cys Gly Gly Ala Ala Thr Thr Cys Thr Thr Gly Ala Cys Ala Cys
 305 310 315 320

Ala Gly Gly Gly Ala Thr Ala Thr Gly Gly Cys Cys Ala Gly Ala Gly
 325 330 335

Thr Cys Ala Gly Ala Gly Ala Gly Thr Thr Thr Cys Ala Ala Thr Gly
 340 345 350

Ala Cys Ala Ala Ala Gly Ala Cys Ala Thr Gly Gly Gly Thr Cys Cys
 355 360 365

Ala Ala Thr Thr Cys Cys Gly Thr Cys Thr Cys Gly Gly Thr Gly Gly
 370 375 380

Ala Ala Ala Gly Gly Thr Ala Cys Ala Thr Gly Cys Ala Thr Gly Gly
 385 390 395 400

Ala Ala Gly Cys Ala Ala Ala Gly Gly Ala Cys Thr Thr Cys Ala Ala
 405 410 415

Gly Thr Cys Thr Thr Cys Cys Ala Ala Cys Thr Gly Thr Ala Ala Cys
 420 425 430

Ala Gly Ala Ala Ala Gly Ala Thr Cys Ala Thr Thr Gly Gly Ala Gly
 435 440 445

Cys Ala Ala Gly Ala Thr Ala Cys Thr Ala Cys Ala Ala Ala Ala Ala
 450 455 460

Thr Cys Cys Thr Gly Ala Thr Gly Ala Thr Gly Ala Thr Thr Cys Ala
 465 470 475 480

Gly Ala Ala Thr Ala Cys Thr Ala Thr Ala Cys Cys Ala Cys Ala Ala
 485 490 495

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Gly Gly Gly Ala Thr Gly Thr Cys Ala Thr Cys Gly Gly Thr Cys Ala
 500 505 510

Cys Gly Gly Thr Thr Cys Thr Cys Ala Thr Gly Thr Gly Thr Cys Cys
 515 520 525

Thr Cys Cys Ala Cys Cys Ala Thr Ala Gly Cys Thr Gly Gly Ala Thr
 530 535 540

Cys Thr Gly Cys Cys Gly Thr Gly Gly Ala Gly Ala Ala Thr Gly Cys
 545 550 555 560

Thr Thr Cys Cys Thr Ala Cys Thr Ala Thr Gly Gly Thr Gly Thr Ala
 565 570 575

Gly Cys Thr Thr Cys Cys Gly Gly Gly Ala Cys Thr Gly Cys Ala Ala
 580 585 590

Ala Gly Gly Gly Ala Gly Gly Thr Thr Cys Ala Cys Ala Ala Ala Ala
 595 600 605

Cys Gly Cys Thr Ala Gly Ala Ala Thr Cys Gly Cys Thr Ala Thr Gly
 610 615 620

Thr Ala Cys Ala Ala Ala Gly Thr Ala Thr Gly Cys Ala Ala Thr Cys
 625 630 635 640

Cys Ala Gly Gly Gly Gly Gly Ala Thr Gly Cys Ala Cys Thr Gly Gly
 645 650 655

Cys Thr Cys Cys Thr Cys Thr Ala Thr Cys Thr Thr Ala Gly Cys Thr
 660 665 670

Gly Cys Thr Thr Thr Cys Gly Ala Thr Gly Ala Thr Gly Cys Ala Ala
 675 680 685

Thr Cys Gly Cys Ala Gly Ala Thr Gly Gly Ala Gly Thr Thr Gly Ala
 690 695 700

Thr Gly Thr Thr Cys Thr Ala Thr Cys Thr Cys Thr Gly Thr Cys Thr
 705 710 715 720

Cys Thr Thr Gly Gly Ala Gly Cys Thr Cys Cys Ala Gly Cys Ala Thr
 725 730 735

Ala Cys Gly Cys Thr Cys Gly Cys Ala Thr Cys Gly Ala Cys Thr Thr
 740 745 750

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Gly Ala Ala Cys Ala Cys Thr Gly Ala Thr Cys Cys Thr Ala Thr Thr
755 760 765

Gly Cys Cys Ala Thr Thr Gly Gly Ala Gly Cys Gly Thr Thr Thr Cys
770 775 780

Ala Cys Gly Cys Gly Gly Thr Gly Gly Ala Gly Cys Ala Ala Gly Gly
785 790 795 800

Ala Ala Thr Cys Thr Thr Gly Gly Thr Gly Ala Thr Cys Thr Gly Cys
805 810 815

Thr Cys Thr Gly Cys Gly Gly Gly Thr Ala Ala Thr Gly Ala Thr Gly
820 825 830

Gly Ala Cys Cys Thr Gly Ala Thr Gly Gly Cys Gly Gly Thr Ala Cys
835 840 845

Ala Gly Thr Thr Ala Cys Thr Ala Ala Thr Ala Cys Thr Gly Cys Ala
850 855 860

Cys Cys Thr Thr Gly Gly Ala Thr Ala Ala Thr Gly Ala Cys Cys Gly
865 870 875 880

Thr Thr Gly Cys Thr Gly Cys Cys Ala Ala Cys Ala Cys Thr Ala Thr
885 890 895

Thr Gly Ala Thr Ala Gly Ala Gly Ala Cys Thr Thr Thr Gly Ala Gly
900 905 910

Thr Cys Thr Gly Ala Thr Gly Thr Thr Gly Thr Ala Cys Thr Ala Gly
915 920 925

Gly Cys Gly Gly Cys Ala Ala Thr Ala Ala Ala Gly Thr Cys Ala Thr
930 935 940

Cys Ala Ala Gly Gly Gly Thr Gly Ala Ala Gly Gly Thr Ala Thr Ala
945 950 955 960

Cys Ala Cys Thr Thr Thr Cys Ala Ala Ala Cys Gly Thr Thr Ala
965 970 975

Gly Thr Ala Ala Ala Thr Cys Thr Cys Cys Thr Gly Thr Gly Thr Ala
980 985 990

Thr Cys Cys Thr Cys Thr Gly Ala Thr Thr Cys Ala Thr Gly Gly Cys
995 1000 1005

Page 9

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Ala Ala Gly Thr Cys Thr Gly Cys Thr Ala Ala Gly Ala Gly Cys
1010 1015 1020

Gly Cys Thr Gly Ala Thr Gly Cys Ala Thr Cys Ala Gly Ala Ala
1025 1030 1035

Gly Gly Ala Thr Cys Ala Gly Cys Cys Ala Gly Gly Gly Cys Cys
1040 1045 1050

Thr Gly Thr Gly Ala Cys Thr Cys Thr Gly Ala Thr Thr Cys Thr
1055 1060 1065

Cys Thr Ala Gly Ala Thr Cys Ala Ala Gly Ala Gly Ala Ala Gly
1070 1075 1080

Gly Thr Ala Ala Ala Ala Gly Gly Gly Ala Ala Gly Ala Thr Thr
1085 1090 1095

Gly Thr Gly Thr Thr Ala Thr Gly Cys Gly Ala Gly Ala Ala Cys
1100 1105 1110

Gly Thr Thr Gly Gly Thr Gly Gly Ala Thr Cys Ala Thr Ala Thr
1115 1120 1125

Thr Ala Thr Gly Cys Ala Thr Cys Ala Thr Cys Cys Gly Cys Thr
1130 1135 1140

Ala Gly Gly Gly Ala Cys Gly Ala Gly Gly Thr Gly Ala Ala Gly
1145 1150 1155

Ala Gly Cys Ala Ala Ala Gly Gly Ala Gly Gly Thr Ala Cys Thr
1160 1165 1170

Gly Gly Thr Thr Gly Cys Gly Thr Cys Thr Thr Thr Gly Thr Ala
1175 1180 1185

Gly Ala Thr Gly Ala Cys Ala Gly Ala Ala Cys Thr Ala Gly Ala
1190 1195 1200

Gly Cys Ala Gly Thr Thr Gly Cys Thr Ala Gly Thr Gly Cys Thr
1205 1210 1215

Thr Ala Thr Gly Gly Thr Ala Gly Cys Thr Thr Thr Cys Cys Thr
1220 1225 1230

Ala Cys Thr Ala Cys Cys Gly Thr Ala Ala Thr Thr Gly Ala Cys
Page 10

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

1235 1240 1245

Thr Cys Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Gly Cys Ala Gly Cys Thr
1250 1255 1260

Gly Ala Gly Ala Thr Cys Thr Thr Cys Thr Cys Cys Thr Ala Cys
1265 1270 1275

Cys Thr Cys Ala Ala Cys Thr Cys Ala Ala Cys Cys Ala Ala Ala
1280 1285 1290

Gly Ala Thr Cys Cys Thr Gly Thr Thr Gly Cys Ala Ala Cys Ala
1295 1300 1305

Ala Thr Thr Cys Thr Thr Cys Cys Cys Ala Cys Thr Gly Cys Ala
1310 1315 1320

Ala Cys Ala Gly Thr Thr Gly Ala Ala Ala Ala Gly Thr Thr Cys
1325 1330 1335

Ala Cys Ala Cys Cys Thr Gly Cys Cys Cys Cys Thr Gly Cys Thr
1340 1345 1350

Gly Thr Thr Gly Cys Ala Thr Ala Thr Thr Thr Thr Thr Cys Thr
1355 1360 1365

Thr Cys Cys Ala Gly Ala Gly Gly Ala Cys Cys Thr Thr Cys Ala
1370 1375 1380

Ala Gly Cys Cys Thr Cys Ala Cys Ala Ala Gly Ala Ala Gly Cys
1385 1390 1395

Ala Thr Thr Cys Thr Cys Ala Ala Ala Cys Cys Thr Gly Ala Cys
1400 1405 1410

Ala Thr Thr Ala Cys Cys Gly Cys Ala Cys Cys Ala Gly Gly Ala
1415 1420 1425

Gly Thr Cys Thr Cys Gly Ala Thr Ala Cys Thr Cys Gly Cys Thr
1430 1435 1440

Gly Cys Ala Thr Gly Gly Ala Cys Thr Gly Gly Ala Ala Ala Cys
1445 1450 1455

Gly Ala Cys Thr Cys Ala Ala Gly Cys Ala Thr Thr Thr Cys Ala
1460 1465 1470

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071__SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Cys Thr Gly Gly Ala Ala Gly Gly Cys Ala Ala Gly Cys Cys Gly
1475 1480 1485

Gly Cys Thr Thr Cys Thr Cys Ala Gly Thr Ala Thr Ala Ala Cys
1490 1495 1500

Gly Thr Cys Ala Thr Ala Thr Cys Ala Gly Gly Ala Ala Cys Thr
1505 1510 1515

Thr Cys Cys Ala Thr Gly Gly Cys Ala Gly Cys Thr Cys Cys Thr
1520 1525 1530

Cys Ala Thr Gly Thr Thr Thr Cys Ala Gly Cys Thr Gly Thr Thr
1535 1540 1545

Gly Cys Ala Thr Cys Thr Cys Thr Gly Ala Thr Cys Ala Ala Ala
1550 1555 1560

Thr Cys Ala Cys Ala Gly Cys Ala Thr Cys Cys Cys Ala Cys Ala
1565 1570 1575

Thr Gly Gly Gly Gly Thr Cys Cys Ala Thr Cys Cys Gly Cys Gly
1580 1585 1590

Ala Thr Cys Ala Gly Ala Thr Cys Ala Gly Cys Ala Ala Thr Thr
1595 1600 1605

Ala Thr Gly Ala Cys Ala Ala Cys Ala Gly Cys Gly Ala Cys Thr
1610 1615 1620

Cys Ala Ala Ala Cys Ala Ala Ala Cys Ala Ala Cys Gly Ala Cys
1625 1630 1635

Ala Ala Ala Gly Gly Thr Cys Thr Thr Ala Thr Ala Ala Cys Ala
1640 1645 1650

Ala Cys Ala Gly Ala Ala Ala Cys Thr Gly Gly Thr Gly Cys Ala
1655 1660 1665

Ala Cys Ala Gly Cys Cys Ala Cys Ala Cys Cys Thr Thr Ala Thr
1670 1675 1680

Gly Ala Cys Thr Cys Thr Gly Gly Ala Gly Cys Ala Gly Gly Ala
1685 1690 1695

Gly Ala Ala Cys Thr Ala Ala Gly Cys Thr Cys Ala Ala Cys Ala
1700 1705 1710

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Gly Cys Ala Thr Cys Ala Ala Thr Gly Cys Ala Ala Cys Cys Ala
1715 1720 1725

Gly Gly Ala Cys Thr Ala Gly Thr Thr Thr Ala Cys Gly Ala Gly
1730 1735 1740

Ala Cys Thr Ala Cys Thr Gly Ala Ala Ala Cys Thr Gly Ala Cys
1745 1750 1755

Thr Ala Cys Cys Thr Gly Ala Ala Cys Thr Thr Thr Cys Thr Cys
1760 1765 1770

Thr Gly Thr Thr Ala Cys Thr Ala Thr Gly Gly Ala Thr Ala Thr
1775 1780 1785

Ala Ala Cys Gly Thr Ala Ala Cys Cys Ala Cys Ala Ala Thr Ala
1790 1795 1800

Ala Ala Gly Gly Cys Thr Ala Thr Gly Thr Cys Ala Ala Ala Ala
1805 1810 1815

Gly Cys Thr Thr Thr Thr Cys Cys Ala Gly Ala Gly Ala Ala Thr
1820 1825 1830

Thr Thr Thr Ala Cys Thr Thr Gly Cys Cys Cys Thr Gly Cys Ala
1835 1840 1845

Gly Ala Thr Thr Cys Cys Ala Ala Cys Thr Thr Ala Gly Ala Cys
1850 1855 1860

Thr Thr Gly Ala Thr Cys Thr Cys Cys Ala Cys Cys Ala Thr Cys
1865 1870 1875

Ala Ala Thr Thr Ala Cys Cys Cys Gly Thr Cys Ala Ala Thr Thr
1880 1885 1890

Gly Gly Ala Ala Thr Cys Thr Cys Thr Gly Gly Ala Thr Thr Cys
1895 1900 1905

Ala Ala Ala Gly Gly Ala Ala Ala Thr Gly Gly Thr Ala Gly Cys
1910 1915 1920

Ala Ala Gly Ala Cys Ala Gly Thr Thr Ala Cys Ala Ala Gly Ala
1925 1930 1935

Ala Cys Ala Gly Thr Gly Ala Cys Cys Ala Ala Thr Gly Thr Thr
1940 1945 1950

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Gly Gly Thr Gly Ala Gly Gly Ala Cys Gly Gly Thr Gly Ala Gly
1955 1960 1965

Gly Cys Gly Gly Thr Thr Thr Ala Cys Ala Cys Ala Gly Thr Cys
1970 1975 1980

Ala Gly Cys Gly Thr Gly Gly Ala Ala Ala Cys Ala Cys Cys Ala
1985 1990 1995

Cys Cys Ala Gly Gly Gly Thr Thr Thr Ala Ala Cys Ala Thr Thr
2000 2005 2010

Cys Ala Ala Gly Thr Gly Ala Cys Gly Cys Cys Ala Gly Ala Ala
2015 2020 2025

Ala Ala Ala Cys Thr Cys Cys Ala Ala Thr Thr Thr Ala Cys Ala
2030 2035 2040

Ala Ala Ala Gly Ala Thr Gly Gly Thr Gly Ala Gly Ala Ala Gly
2045 2050 2055

Thr Thr Gly Ala Cys Ala Thr Ala Cys Cys Ala Gly Gly Thr Gly
2060 2065 2070

Ala Thr Ala Gly Thr Gly Thr Cys Thr Gly Cys Thr Ala Cys Thr
2075 2080 2085

Gly Cys Thr Thr Cys Ala Cys Thr Thr Ala Ala Gly Cys Ala Ala
2090 2095 2100

Gly Ala Thr Gly Thr Ala Thr Thr Thr Gly Gly Gly Gly Cys Thr
2105 2110 2115

Cys Thr Thr Ala Cys Thr Thr Gly Gly Thr Cys Thr Ala Ala Thr
2120 2125 2130

Gly Cys Cys Ala Ala Gly Thr Ala Cys Ala Ala Gly Gly Thr Cys
2135 2140 2145

Ala Gly Ala Ala Gly Cys Cys Cys Ala Ala Thr Thr Gly Thr Ala
2150 2155 2160

Ala Thr Thr Ala Gly Thr Ala Gly Cys Gly Ala Gly Ala Gly Thr
2165 2170 2175

Ala Gly Cys Cys Gly Cys Ala Cys Ala Ala Ala Cys Thr Gly Ala
Page 14

2180 SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt 2185 2190

<210> 4
 <211> 730
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 4

Met Gly Ser Ala Ser Ser Ala Ala Asn Ala Asn Arg Ala Gln Ile Leu
 1 5 10 15

Ile Asn Thr Met Phe Lys Arg Arg Ala Asn Asp Leu Leu His Thr Tyr
 20 25 30

Lys His Gly Phe Ser Gly Phe Ala Ala Arg Leu Thr Ala Glu Glu Ala
 35 40 45

Lys Val Ile Ala Lys Lys Pro Gly Val Val Ser Val Phe Pro Asp Pro
 50 55 60

His Phe Gln Leu His Thr Thr His Ser Trp Asp Phe Leu Lys Tyr Gln
 65 70 75 80

Thr Ser Val Lys Val Asp Ser Gly Pro Pro Ser Ser Ala Ser Asp Gly
 85 90 95

Ser Tyr Asp Ser Ile Val Gly Ile Leu Asp Thr Gly Ile Trp Pro Glu
 100 105 110

Ser Glu Ser Phe Asn Asp Lys Asp Met Gly Pro Ile Pro Ser Arg Trp
 115 120 125

Lys Gly Thr Cys Met Glu Ala Lys Asp Phe Lys Ser Ser Asn Cys Asn
 130 135 140

Arg Lys Ile Ile Gly Ala Arg Tyr Tyr Lys Asn Pro Asp Asp Asp Ser
 145 150 155 160

Glu Tyr Tyr Thr Thr Arg Asp Val Ile Gly His Gly Ser His Val Ser
 165 170 175

Ser Thr Ile Ala Gly Ser Ala Val Glu Asn Ala Ser Tyr Tyr Gly Val
 180 185 190

Ala Ser Gly Thr Ala Lys Gly Gly Ser Gln Asn Ala Arg Ile Ala Met
 195 200 205

Tyr Lys Val Cys Asn Pro Gly Gly Cys Thr Gly Ser Ser Ile Leu Ala
 Page 15

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 ...SCHROEDER_SD2012-290...ST25.txt

210 215 220

Ala Phe Asp Asp Ala Ile Ala Asp Gly Val Asp Val Leu Ser Leu Ser
225 230 235 240

Leu Gly Ala Pro Ala Tyr Ala Arg Ile Asp Leu Asn Thr Asp Pro Ile
245 250 255

Ala Ile Gly Ala Phe His Ala Val Glu Gln Gly Ile Leu Val Ile Cys
260 265 270

Ser Ala Gly Asn Asp Gly Pro Asp Gly Gly Thr Val Thr Asn Thr Ala
275 280 285

Pro Trp Ile Met Thr Val Ala Ala Asn Thr Ile Asp Arg Asp Phe Glu
290 295 300

Ser Asp Val Val Leu Gly Gly Asn Lys Val Ile Lys Gly Glu Gly Ile
305 310 315 320

His Phe Ser Asn Val Ser Lys Ser Pro Val Tyr Pro Leu Ile His Gly
325 330 335

Lys Ser Ala Lys Ser Ala Asp Ala Ser Glu Gly Ser Ala Arg Ala Cys
340 345 350

Asp Ser Asp Ser Leu Asp Gln Glu Lys Val Lys Gly Lys Ile Val Leu
355 360 365

Cys Glu Asn Val Gly Gly Ser Tyr Tyr Ala Ser Ser Ala Arg Asp Glu
370 375 380

Val Lys Ser Lys Gly Gly Thr Gly Cys Val Phe Val Asp Asp Arg Thr
385 390 395 400

Arg Ala Val Ala Ser Ala Tyr Gly Ser Phe Pro Thr Thr Val Ile Asp
405 410 415

Ser Lys Glu Ala Ala Glu Ile Phe Ser Tyr Leu Asn Ser Thr Lys Asp
420 425 430

Pro Val Ala Thr Ile Leu Pro Thr Ala Thr Val Glu Lys Phe Thr Pro
435 440 445

Ala Pro Ala Val Ala Tyr Phe Ser Ser Arg Gly Pro Ser Ser Leu Thr
450 455 460

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Arg Ser Ile Leu Lys Pro Asp Ile Thr Ala Pro Gly Val Ser Ile Leu
 465 470 475 480

Ala Ala Trp Thr Gly Asn Asp Ser Ser Ile Ser Leu Glu Gly Lys Pro
 485 490 495

Ala Ser Gln Tyr Asn Val Ile Ser Gly Thr Ser Met Ala Ala Pro His
 500 505 510

Val Ser Ala Val Ala Ser Leu Ile Lys Ser Gln His Pro Thr Trp Gly
 515 520 525

Pro Ser Ala Ile Arg Ser Ala Ile Met Thr Thr Ala Thr Gln Thr Asn
 530 535 540

Asn Asp Lys Gly Leu Ile Thr Thr Glu Thr Gly Ala Thr Ala Thr Pro
 545 550 555 560

Tyr Asp Ser Gly Ala Gly Glu Leu Ser Ser Thr Ala Ser Met Gln Pro
 565 570 575

Gly Leu Val Tyr Glu Thr Thr Glu Thr Asp Tyr Leu Asn Phe Leu Cys
 580 585 590

Tyr Tyr Gly Tyr Asn Val Thr Thr Ile Lys Ala Met Ser Lys Ala Phe
 595 600 605

Pro Glu Asn Phe Thr Cys Pro Ala Asp Ser Asn Leu Asp Leu Ile Ser
 610 615 620

Thr Ile Asn Tyr Pro Ser Ile Gly Ile Ser Gly Phe Lys Gly Asn Gly
 625 630 635 640

Ser Lys Thr Val Thr Arg Thr Val Thr Asn Val Gly Glu Asp Gly Glu
 645 650 655

Ala Val Tyr Thr Val Ser Val Glu Thr Pro Pro Gly Phe Asn Ile Gln
 660 665 670

Val Thr Pro Glu Lys Leu Gln Phe Thr Lys Asp Gly Glu Lys Leu Thr
 675 680 685

Tyr Gln Val Ile Val Ser Ala Thr Ala Ser Leu Lys Gln Asp Val Phe
 690 695 700

Gly Ala Leu Thr Trp Ser Asn Ala Lys Tyr Lys Val Arg Ser Pro Ile
 705 710 715 720

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 __SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Val Ile Ser Ser Glu Ser Ser Arg Thr Asn
725 730

<210> 5
<211> 722
<212> PRT
<213> Triticum aestivum

<400> 5

Met Cys Phe Leu Leu Gly Val Gly Phe Cys Phe Asp Gly Phe Leu Leu
1 5 10 15

Ser Cys Asp Tyr Val Asp Ala Glu His Pro Ser Val Ile Ser Val Phe
20 25 30

Pro Asn Arg Gly His Lys Leu His Thr Thr Arg Ser Trp Glu Phe Leu
35 40 45

Gly Met Glu Lys Asp Gly Arg Val Arg Pro Asn Ser Ile Trp Ala Lys
50 55 60

Ala Arg Tyr Gly Glu Gly Val Ile Ile Gly Asn Leu Asp Thr Gly Val
65 70 75 80

Trp Pro Glu Ala Gly Ser Phe Ser Asp Asp Gly Met Gly Pro Val Pro
85 90 95

Ala Arg Trp Arg Gly Val Cys His Asp Gln Ser Ser Ser Asp Asp Ala
100 105 110

Gln Val Arg Cys Asn Arg Lys Leu Ile Gly Ala Gln Tyr Phe Asn Lys
115 120 125

Gly Tyr Ala Ala Thr Val Gly Arg Ala Gly Ala Gly Ala Ser Pro Ala
130 135 140

Ser Thr Arg Asp Ser Asp Gly His Gly Thr His Thr Leu Ser Thr Ala
145 150 155 160

Ala Gly Arg Phe Val Pro Gly Ala Asn Leu Phe Gly Tyr Gly Asn Gly
165 170 175

Thr Ala Lys Gly Gly Ala Pro Gly Ala Arg Val Ala Ala Tyr Lys Val
180 185 190

Cys Trp Arg Pro Val Asn Gly Ser Glu Cys Phe Asp Ala Asp Ile Ile
195 200 205

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Ala Ala Phe Asp Ala Ala Ile His Asp Gly Val Asp Val Leu Ser Val
 210 215 220

Ser Leu Gly Gly Ala Pro Thr Asp Tyr Phe Arg Asp Gly Val Ala Ile
 225 230 235 240

Gly Ser Phe His Ala Val Arg Asn Gly Val Thr Val Val Thr Ser Ala
 245 250 255

Gly Asn Ser Gly Pro Gly Ala Gly Thr Val Ser Asn Thr Ala Pro Trp
 260 265 270

Leu Val Thr Val Gly Ala Ser Thr Met Asp Arg Glu Phe Pro Ala Tyr
 275 280 285

Leu Val Leu Gly Asn Lys Lys Arg Ile Lys Gly Gln Ser Leu Ser Pro
 290 295 300

Val Pro Leu Pro Ala Asn Lys His Tyr Arg Leu Ile Ser Ser Val Glu
 305 310 315 320

Ala Lys Ala Glu Asp Ala Thr Val Ala Gln Ala Gln Leu Cys Met Glu
 325 330 335

Gly Ser Leu Asp Lys Lys Lys Ala Arg Gly Lys Ile Val Val Cys Met
 340 345 350

Arg Gly Lys Asn Ala Arg Val Glu Lys Gly Glu Ala Val His Arg Ala
 355 360 365

Gly Gly Val Gly Leu Val Leu Ala Asn Asp Glu Ala Thr Gly Asn Glu
 370 375 380

Met Ile Ala Asp Ala His Val Leu Pro Ala Thr His Ile Thr Tyr Ser
 385 390 395 400

Asp Gly Val Ala Leu Leu Ala Tyr Met Asn Ser Thr Arg Leu Ala Ser
 405 410 415

Gly Tyr Ile Thr Leu Pro Asn Thr Ala Leu Glu Thr Lys Pro Ala Pro
 420 425 430

Phe Met Ala Ala Phe Ser Ser Gln Gly Pro Asn Thr Val Thr Pro Gln
 435 440 445

Ile Leu Lys Pro Asp Ile Thr Ala Pro Gly Val Ser Ile Leu Ala Ala
 450 455 460

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Phe Thr Gly Leu Ala Gly Pro Thr Gly Leu Thr Phe Asp Ser Arg Arg
465 470 475 480

Val Leu Phe Asn Ser Glu Ser Gly Thr Ser Met Ser Cys Pro His Val
485 490 495

Ala Gly Ile Ala Gly Leu Leu Lys Ala Leu His Pro Asp Trp Ser Pro
500 505 510

Ala Ala Ile Lys Ser Ala Ile Met Thr Thr Thr Arg Val Gln Asp Asn
515 520 525

Thr Arg Arg Pro Met Ser Asn Ser Ser Phe Leu Arg Ala Thr Pro Phe
530 535 540

Ala Tyr Gly Ala Gly His Val Gln Pro Asn Arg Ala Ala Asp Pro Gly
545 550 555 560

Leu Val Tyr Asp Thr Asn Ala Thr Asp Tyr Leu His Phe Leu Cys Ala
565 570 575

Leu Gly Tyr Asn Ser Thr Val Ile Gly Thr Phe Met Asp Gly Pro Asn
580 585 590

Ala Cys Pro Ala Arg Pro Arg Lys Pro Glu Asp Leu Asn Tyr Pro Ser
595 600 605

Val Thr Val Pro His Leu Ser Ala Ser Gly Glu Pro Arg Thr Val Thr
610 615 620

Arg Arg Val Arg Asn Val Gly Ala Glu Pro Ala Ala Tyr Asp Val Arg
625 630 635 640

Val Arg Glu Pro Arg Gly Val Ser Val Ser Val Arg Pro Ser Arg Leu
645 650 655

Glu Phe Ala Ala Ala Gly Glu Glu Lys Glu Phe Ala Val Thr Phe Arg
660 665 670

Ala Arg Ala Gly Arg Phe Leu Pro Gly Glu Tyr Val Phe Gly Gln Met
675 680 685

Val Trp Ser Asp Gly Ala Gly Arg Arg Arg His Arg Val Arg Ser Pro
690 695 700

Val Val Val Arg Val Gly Ala His Arg Thr Ser Lys Thr Ser Val Pro
Page 20

705 SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
710 715 720

val Ala

<210> 6
<211> 571
<212> PRT
<213> Triticum aestivum
<400> 6

Asp Glu Thr Leu Glu Ser Lys Ser Pro Leu Asp Thr Glu Gly His Gly
1 5 10 15

Thr His Thr Ala Ser Thr Ala Ala Gly Ser Pro val Asp Gly Ala Gly
20 25 30

Phe Tyr Gln Tyr Ala Arg Gly Arg Ala val Gly Met Ala Pro Thr Ala
35 40 45

Arg Ile Ala Ala Tyr Lys Ile Cys Trp Lys Ser Gly Cys Phe Asp Ser
50 55 60

Asp Ile Leu Ala Ala Phe Asp Glu Ala val Gly Asp Gly val Asn val
65 70 75 80

Ile Ser Leu Ser val Gly Ser Thr Tyr Ala Ala Asp Phe Tyr Glu Asp
85 90 95

Ser Ile Ala Ile Gly Ala Phe Gly Ala val Lys Lys Gly Ile val val
100 105 110

Ser Ala Ser Ala Gly Asn Ser Gly Pro Gly Glu Tyr Thr Ala Ser Asn
115 120 125

Ile Ala Pro Trp Ile Leu Thr val Gly Ala Ser Thr val Asp Arg Gly
130 135 140

Phe Pro Ala Asp Ala val Leu Gly Asp Gly Ser val Tyr Gly Gly val
145 150 155 160

Ser Leu Tyr Ala Gly Asp Pro Leu Asn Ser Thr Lys Leu Pro Leu val
165 170 175

Tyr Ala Ala Asp Cys Gly Ser Arg Leu Cys Leu Ile Gly Glu Leu Asp
180 185 190

Lys Asp Lys val Ala Gly Lys Met val Leu Cys Glu Arg Gly val Asn
Page 21

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
195 200 205

Ala Arg Val Glu Lys Gly Ala Ala Val Gly Lys Ala Gly Gly Ile Gly
210 215 220
Met Ile Leu Ala Asn Thr Glu Glu Ser Gly Glu Glu Leu Ile Ala Asp
225 230 235 240
Pro His Leu Ile Pro Ser Thr Met Val Gly Gln Lys Phe Gly Asp Lys
245 250 255
Ile Arg His Tyr Val Lys Thr Asp Pro Ser Pro Thr Ala Thr Ile Val
260 265 270
Phe His Gly Thr Val Ile Gly Lys Ser Pro Ser Ala Pro Arg Val Ala
275 280 285
Ser Phe Ser Ser Arg Gly Pro Asn Ser Arg Ala Ala Glu Ile Leu Lys
290 295 300
Pro Asp Val Thr Ala Pro Gly Val Asn Ile Leu Ala Ala Trp Thr Gly
305 310 315 320
Glu Ala Ser Pro Thr Asp Leu Asp Ile Asp Pro Arg Arg Val Pro Phe
325 330 335
Asn Ile Ile Ser Gly Thr Ser Met Ser Cys Pro His Val Ser Gly Leu
340 345 350
Ala Ala Leu Leu Arg Gln Ala His Pro Glu Trp Ser Pro Ala Ala Val
355 360 365
Lys Ser Ala Leu Met Thr Thr Ala Tyr Asn Leu Asp Asn Ser Gly Glu
370 375 380
Ile Ile Lys Asp Leu Ala Thr Gly Thr Glu Ser Thr Pro Phe Val Arg
385 390 395 400
Gly Ala Gly His Val Asp Pro Asn Ser Ala Leu Asp Pro Gly Leu Val
405 410 415
Tyr Asp Ala Asp Thr Ala Asp Tyr Ile Gly Phe Leu Cys Ala Leu Gly
420 425 430
Tyr Thr Pro Ser Gln Ile Ala Val Phe Thr Arg Asp Gly Ser Val Ala
435 440 445

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Asp Cys Leu Lys Lys Pro Ala Arg Ser Gly Asp Leu Asn Tyr Pro Ala
 450 455 460

Phe Ala Ala Val Phe Ser Ser Tyr Lys Asp Ser Val Thr Tyr His Arg
 465 470 475 480

Val Val Arg Asn Val Gly Ser Asp Ala Ser Ala Val Tyr Glu Ala Lys
 485 490 495

Val Glu Ser Pro Ala Gly Val Asp Ala Lys Val Thr Pro Ala Lys Leu
 500 505 510

Val Phe Asp Glu Glu His Arg Ser Leu Ala Tyr Glu Ile Thr Leu Ala
 515 520 525

Val Ser Gly Asn Pro Val Ile Val Asp Ala Lys Tyr Ser Phe Gly Ser
 530 535 540

Val Thr Trp Ser Asp Gly Lys His Asn Val Thr Ser Pro Ile Ala Val
 545 550 555 560

Thr Trp Pro Glu Ser Ala Gly Ala Ala Ser Met
 565 570

<210> 7
 <211> 718
 <212> PRT
 <213> Triticum aestivum

<400> 7

Met Pro Gln Pro Arg Glu Gly Ala Ala Glu Met Ile Thr Glu Pro Lys
 1 5 10 15

Gly Thr Pro Leu Leu Ala Lys Arg Leu Phe Trp Arg Thr Gln Lys
 20 25 30

Leu Pro His Phe Gln Leu Gln Arg Glu Arg Thr Lys His Ala Pro His
 35 40 45

Ala Ala Ile Lys Asn Gln Gln Cys Pro Ser Thr Phe Leu Pro Asn Ala
 50 55 60

Pro Arg Thr Asp Pro Asp Pro Glu Ser Ile Pro Ile Pro Ser Arg Gln
 65 70 75 80

Gln Ser Ser Arg Thr His Thr Glu Lys Glu Met Arg Gly Ser Met His
 85 90 95

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Ser Ser Ser Tyr Val Val Tyr Leu Gly Cys His Ser His Gly Arg Glu
 100 105 110
 Gly Ala Ala Leu Ala Ser Asn Gln Glu Arg Ala Lys Asn Ser His Tyr
 115 120 125
 Gln Phe Leu Gly Ser Val Leu Gly Ser Glu Glu Lys Ala Gln Asp Ala
 130 135 140
 Ile Phe Tyr Ser Tyr Thr Arg Tyr Ile Asn Gly Phe Ala Ala Thr Leu
 145 150 155 160
 Glu Glu Glu Asp Ala Met Gln Ile Ser Lys His Pro Ser Val Ile Ser
 165 170 175
 Val Phe Pro Asn Arg Gly His Lys Leu His Thr Thr Arg Ser Trp Glu
 180 185 190
 Phe Leu Gly Met Glu Lys Asp Gly Arg Val Arg Pro Asn Ser Ile Trp
 195 200 205
 Ala Lys Ala Arg Tyr Gly Asp Gly Val Ile Ile Gly Asn Leu Asp Thr
 210 215 220
 Gly Val Trp Pro Glu Ala Gly Ser Phe Ser Asp Asp Gly Met Gly Pro
 225 230 235 240
 Val Pro Ala Arg Trp Arg Gly Val Cys His Asp Gln Ser Ser Asp Asp
 245 250 255
 Asp Ala Gln Val Arg Cys Asn Arg Lys Leu Ile Gly Ala Gln Tyr Phe
 260 265 270
 Asn Lys Gly Tyr Ala Ala Thr Val Gly Arg Ala Gly Ala Gly Ala Ser
 275 280 285
 Pro Ala Ser Thr Arg Asp Ser Asp Gly His Gly Thr His Thr Leu Ser
 290 295 300
 Thr Ala Ala Gly Arg Phe Val Pro Gly Ala Asn Leu Phe Gly Tyr Gly
 305 310 315 320
 Asn Gly Thr Ala Lys Gly Gly Ala Pro Gly Ala Arg Val Ala Ala Tyr
 325 330 335
 Lys Val Cys Trp Arg Pro Phe Asn Gly Ser Glu Cys Phe Asp Ala Asp
 340 345 350

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

Ile Ile Ala Ala Phe Asp Ala Ala Ile His Asp Gly Val Asp Val Leu
 355                               360                               365

Ser Val Ser Leu Gly Gly Ala Pro Thr Glu Tyr Phe Arg Asp Gly Val
 370                               375                               380

Ala Ile Gly Ser Phe His Ala Val Arg Asn Gly Val Thr Val Val Ser
 385                               390                               395                               400

Ser Ala Gly Asn Ser Gly Pro Gly Ala Gly Thr Val Ser Asn Thr Ala
 405                               410                               415

Pro Trp Leu Val Thr Val Gly Ala Ser Thr Met Asp Arg Glu Phe Pro
 420                               425                               430

Ala Tyr Leu Val Leu Gly Asn Lys Lys Gln Ile Lys Gly Gln Ser Leu
 435                               440                               445

Ser Pro Val Pro Leu Pro Ala Asn Glu His Tyr Arg Leu Ile Ser Ser
 450                               455                               460

Val Glu Ala Lys Ala Glu Asp Ala Thr Val Val Gln Ala Ser Ala Ser
 465                               470                               475                               480

Gly Tyr Ile Thr Leu Pro Asn Thr Ala Leu Glu Thr Lys Pro Ala Pro
 485                               490                               495

Phe Met Ala Ala Phe Ser Ser Gln Gly Pro Asn Ala Val Thr Pro Gln
 500                               505                               510

Ile Leu Lys Pro Asp Ile Thr Ala Pro Gly Val Ser Ile Leu Ala Ala
 515                               520                               525

Phe Thr Gly Leu Ala Gly Pro Thr Gly Leu Thr Phe Asp Ser Arg Arg
 530                               535                               540

Val Leu Phe Asn Ser Glu Ser Gly Thr Ser Met Ser Cys Pro His Val
 545                               550                               555                               560

Ala Gly Ile Ala Gly Leu Leu Lys Ala Leu His Pro Asp Trp Ser Pro
 565                               570                               575

Ala Ala Ile Lys Ser Ala Ile Met Thr Thr Ala Arg Val Gln Asp Asn
 580                               585                               590

Thr Arg Lys Pro Met Ser Asn Ser Ser Phe Leu Arg Ala Thr Pro Phe
 595                               600                               605

```


SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Ala Tyr Gly Ala Gly His Val Gln Pro Asn Arg Ala Ala Asp Pro Gly
610 615 620

Leu Val Tyr Asp Thr Asn Ala Ala Asp Tyr Leu His Phe Leu Cys Ala
625 630 635 640

Leu Gly Tyr Asn Ser Thr Val Ile Asp Thr Phe Met Asp Gly Pro His
645 650 655

Ala Cys Pro Thr Arg Pro Arg Lys Pro Glu Asp Leu Asn Tyr Pro Ser
660 665 670

Val Thr Val Pro His Leu Ser Ala Ser Gly Glu Pro His Thr Val Thr
675 680 685

Arg Arg Val Arg Asn Val Gly Pro Ala Pro Gly Arg Arg Thr Thr Cys
690 695 700

Arg Val His Asp Pro Arg Arg Val Ser Val Phe Arg Ala Ala
705 710 715

<210> 8
<211> 791
<212> PRT
<213> Brachypodium distachyon
<400> 8

Met Trp Val Pro Leu Ile Cys Phe Val Val Val Ala Leu Leu Ala Thr
1 5 10 15

Ala Gly Thr Gly Val Val Asp Ala Ala Ala Gly Arg Arg Glu Val Tyr
20 25 30

Val Val Tyr Met Gly Ala Val Pro Pro Arg Thr Pro Pro Ser Phe Leu
35 40 45

Gln Glu Thr His Leu Arg Leu Val Gly Ser Val Leu Lys Gly Gln Val
50 55 60

Ala Arg Asn Val Val Val Gln Gln Tyr Asn His Gly Phe Ser Gly Phe
65 70 75 80

Ala Ala Arg Leu Ser Lys Glu Glu Ala Ala Ala Leu Arg Arg Lys Pro
85 90 95

Gly Val Val Ser Val Phe Pro Asp Pro Val Tyr Gln Leu His Thr Thr
100 105 110

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Arg Ser Trp Asp Phe Leu Gln Gln Gln Gln Thr Asp val val val
115 120 125

Lys Ile Gly Ser Ser Ala Lys Ser Arg His Ser Pro Asn Lys Pro Ser
130 135 140

Ala Ala Ser Ser Ser Ser Ser Ala Thr Thr Ala Gly Asp Thr Ile Ile
145 150 155 160

Gly Leu Leu Asp Ser Gly Ile Trp Pro Glu Ser Pro Ser Phe Asp Asp
165 170 175

Ala Gly Phe Gly Pro Val Pro Ala Arg Trp Lys Gly Thr Cys Met Ser
180 185 190

Gly Asp Asp Phe Asn Ser Ser Asn Cys Asn Lys Lys Leu Ile Gly Ala
195 200 205

Arg Tyr Tyr Asp Val Gly Glu Val Thr Arg Gly Gly Gly Val Arg Arg
210 215 220

Ser Gly Ser Ala Arg Asp Gln Ala Gly His Gly Thr His Thr Ser Ser
225 230 235 240

Thr Ala Ala Gly Asn Ala Val Ala Gly Ala Ser Tyr Tyr Gly Leu Ala
245 250 255

Ser Gly Thr Ala Lys Gly Gly Ser Ala Ala Ser Arg Leu Ala Met Tyr
260 265 270

Arg Val Cys Ser Glu Glu Gly Cys Ala Gly Ser Ala Ile Leu Ala Gly
275 280 285

Phe Asp Asp Ala Ile Gly Asp Gly Val Asp Val Ile Ser Val Ser Leu
290 295 300

Gly Ala Ser Pro Tyr Phe Ser Pro Asp Phe Ser Glu Asp Pro Ile Ala
305 310 315 320

Ile Gly Ala Phe His Ala Val Ala Lys Gly Val Thr Val Ala Cys Ser
325 330 335

Ala Gly Asn Ala Gly Pro Gly Ser Ser Thr Val Val Asn Ala Ala Pro
340 345 350

Trp Ile Met Thr Val Ala Ala Ala Thr Ile Asp Arg Asp Phe Glu Ser
Page 27

355 SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt 360 365

Asp Val Val Leu Gly Gly Gly Asn Ser Ser Ala Val Lys Gly Gly Ala
370 375 380

Ile Asn Phe Ser Asn Leu Asp Lys Ser Pro Lys Tyr Pro Leu Ile Thr
385 390 395 400

Gly Glu Ser Ala Lys Ser Ser Ser Val Ser Asp Asn Lys Ser Ala Ser
405 410 415

His Cys Glu Pro Gly Thr Leu Asp Ala Gly Lys Ile Lys Gly Lys Ile
420 425 430

Val Leu Cys His His Ser Gln Ser Asp Thr Ser Lys Met Val Lys Val
435 440 445

Asp Glu Leu Lys Ser Gly Gly Ala Val Gly Ser Ile Leu Val Asn Asp
450 455 460

Val Glu Arg Ser Val Thr Thr Ala Tyr Leu Asp Phe Pro Val Thr Glu
465 470 475 480

Val Thr Ser Ala Ala Ala Ala Asn Leu His Lys Tyr Ile Ala Ser Thr
485 490 495

Ser Glu Pro Val Ala Thr Ile Thr Pro Ser Ile Thr Val Thr Glu Phe
500 505 510

Lys Pro Ala Pro Val Val Ala Tyr Phe Ser Ser Arg Gly Pro Ser Ser
515 520 525

Gln Thr Gly Asn Ile Leu Lys Pro Asp Val Ala Ala Pro Gly Val Asn
530 535 540

Ile Leu Ala Ala Trp Ile Pro Thr Ser Ser Leu Pro Ser Gly Gln Lys
545 550 555 560

Gln Pro Ser Gln Phe Asn Leu Ile Ser Gly Thr Ser Met Ser Cys Pro
565 570 575

His Val Ala Gly Ala Ala Ala Thr Ile Lys Ala Trp Asn Pro Thr Trp
580 585 590

Ser Pro Ala Ala Ile Arg Ser Ala Ile Met Thr Thr Ala Thr Gln Leu
595 600 605

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Asn Asn Asp Lys Ala Pro Met Thr Thr Asp Ala Gly Ser Ala Ala Thr
 610 615 620

Pro Phe Asp Tyr Gly Ala Gly Gln Val Asn Pro Ser Gly Ala Leu Asp
 625 630 635 640

Pro Gly Leu Val Tyr Asp Leu Ala Glu Glu Asp Tyr Leu Gln Phe Leu
 645 650 655

Cys Asn Tyr Gly Tyr Gly Ala Ser Gln Ile Lys Leu Ile Thr Ser Ser
 660 665 670

Leu Pro Ser Gly Phe Ser Cys Ala Ala Asn Ala Ser Lys Asp Leu Ile
 675 680 685

Ser Asp Leu Asn Tyr Pro Ser Ile Ala Leu Thr Gly Leu Gly Asn Ser
 690 695 700

Ser Ser Gly Arg Thr Val Ser Arg Ala Val Thr Asn Val Gly Ala Gln
 705 710 715 720

Glu Glu Ala Thr Tyr Thr Val Ala Val Ala Ala Pro Thr Gly Leu Asp
 725 730 735

Val Lys Val Val Pro Ser Glu Leu Gln Phe Thr Lys Ser Val Lys Lys
 740 745 750

Leu Gly Phe Gln Val Thr Phe Ser Ser Asn Ser Thr Ala Ala Lys Gly
 755 760 765

Thr Leu Ser Gly Ser Ile Thr Trp Ser Asp Gly Lys His Thr Val Arg
 770 775 780

Ser Pro Phe Val Val Ser Lys
 785 790

<210> 9
 <211> 779
 <212> PRT
 <213> Brachypodium distachyon

<400> 9

Met Val Asn Arg Ala His Phe Val Ile Leu Val Leu Ala Tyr Arg Leu
 1 5 10 15

Leu Val Ser Leu Ser Ala Glu Ala Gln Gln Ser Lys Glu Ser Tyr Val
 20 25 30

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
Val Tyr Met Gly Gly Gly Gly Arg Asp Ala Glu Ala Ala Arg Ala
35 40 45
Ala His Leu Gln Met Leu Ser Ser Val Ala Pro Met Ser Gly Glu Glu
50 55 60
Glu Arg Ala Ser Ser Thr Leu Thr His Ser Tyr His His Ala Phe Glu
65 70 75 80
Gly Phe Ala Ala Glu Leu Thr Val Glu Glu Ala Ala Ala Leu Ala Ala
85 90 95
His Glu Arg Val Val Ser Val Phe Arg Asp Arg Thr Leu Gln Leu His
100 105 110
Thr Thr Arg Ser Trp Asp Phe Leu Asp Ala Gln Ser Gly Leu Arg Pro
115 120 125
Asp Arg Leu Ala Ala Arg Ala Ser Ala Asp Val Ile Ile Gly Val Ile
130 135 140
Asp Ser Gly Val Trp Pro Glu Ser Pro Ser Phe Asn Asp Val Gly Met
145 150 155 160
Gly Ala Val Pro Ala Arg Trp Arg Gly Val Cys Met Glu Gly Pro Asp
165 170 175
Phe Asn Lys Thr Asn Cys Asn Lys Lys Leu Ile Gly Ala Arg Tyr Tyr
180 185 190
Gly Asn Glu Pro Gly Gly Ser Lys Ala Thr Val Lys Pro Pro Ser Thr
195 200 205
Thr Ala Thr Asp Ser Pro Arg Asp Thr Asp Gly His Gly Thr His Cys
210 215 220
Thr Ser Thr Ala Ala Gly Ala Ala Val Ser Gly Ala Asp Tyr Tyr Gly
225 230 235 240
Leu Gly Arg Ala Gly Pro Ala Arg Gly Gly Ala Pro Gly Ser Arg Val
245 250 255
Ala Ala Tyr Arg Ala Cys Ile Leu Gly Gly Cys Ser Gly Ser Ala Leu
260 265 270
Leu Lys Ala Ile Asp Asp Ala Val Ser Asp Gly Val Asp Val Ile Ser
275 280 285

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

Met Ser val Gly val Ser Ser Ala Phe Pro Asp Asp Phe Leu Ser Asp
 290                               295                               300

Pro Ile Ala Ile Gly Ala Phe His Ala His Arg Arg Gly val Leu val
 305                               310                               315                               320

val Cys Ser Ala Gly Asn Asp Gly Pro Val Pro Tyr Thr val val Asn
                               325                               330                               335

Ala Ala Pro Trp Ile val Thr val Ala Ala Ser Thr Ile Asp Arg Ala
 340                               345                               350

Phe Gln Ser Ser Ile val Leu Gly Asn Gly Asn val val Lys Gly Ile
 355                               360                               365

Gly Ile Asn Phe Ser Asn Gln Ser Leu Gly Gly Glu His Tyr Pro Leu
 370                               375                               380

val Phe Gly Ala Gln Ala val Gly Arg Tyr Thr Pro val Ala Glu Ala
 385                               390                               395                               400

Ser Asn Cys Tyr Pro Gly Ser Leu Asp Pro Glu Lys val Arg Gly Lys
                               405                               410                               415

Ile val val Cys val Gly Ser Thr Gly Thr Met Met Ala Ser Arg Arg
                               420                               425                               430

val Lys Lys val val Ala Glu Gly Ser Gly Ala Ser Gly Leu val Leu
 435                               440                               445

Ile Asp Asp Ala Lys Met Asp Glu Pro Tyr Asp Ala Gly Ser Phe Ala
 450                               455                               460

Phe Ser Gln val Gly Ser His val Gly Ala Gln Ile Leu Asp Tyr Ile
 465                               470                               475                               480

Asn Ser Thr Lys Asn Pro Thr Ala val Ile Leu Pro Thr Glu Asp val
                               485                               490                               495

Asn Glu Phe Lys Pro Ala Pro Thr val Ala Ser Phe Ser Ala Arg Gly
 500                               505                               510

Pro Gly Gly Leu Thr Glu Ser Ile Leu Lys Pro Asp Leu Met Ala Pro
 515                               520                               525

Gly val Ser Ile Leu Ala Ala Trp val Pro Pro Pro Asn Pro Ala val
 530                               535                               540

```

Page 31

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Val Pro Ala Gly Lys Lys Pro Ser Ala Phe Ala Phe Leu Ser Gly Thr
545 550 555 560

Ser Met Ala Cys Pro His Val Ala Gly Ala Gly Ala Phe Leu Lys Ser
565 570 575

Ala His Pro Gly Trp Thr Pro Ser Met Ile Arg Ser Ala Leu Met Thr
580 585 590

Thr Ala Thr Thr Arg Asp Asn Leu Gly Arg Pro Val Ala Ser Ser Thr
595 600 605

Gly Gly Ala Ala Thr Gly His Asp Met Gly Ala Gly Glu Ile Ser Pro
610 615 620

Leu Arg Ala Leu Ser Pro Gly Leu Val Phe Asp Thr Thr Asp Lys Asp
625 630 635 640

Tyr Leu Asp Phe Leu Cys Tyr Met Gly Tyr Asp Asp Lys Ala Val Arg
645 650 655

Thr Val Ser Gly Asp Ala Arg Phe Ala Cys Pro Arg Gly Gly Ala Ser
660 665 670

Pro Asp Arg Ile Ala Thr Gly Phe Asn Tyr Pro Ser Ile Ser Val Pro
675 680 685

Arg Leu Leu Ala Gly Lys Pro Val Ala Val Ser Arg Thr Ala Met Asn
690 695 700

Val Gly Pro Pro Asn Ala Thr Tyr Ala Val Val Val Glu Ala Pro Ser
705 710 715 720

Gly Leu Ser Val Thr Val Ala Pro Glu Arg Leu Val Phe Ser Asp Arg
725 730 735

Trp Thr Thr Ala Ala Tyr Val Val Ser Phe Ala Ser Gln Ala Gly Ala
740 745 750

Ser Lys Gly Tyr Ala His Gly Ala Val Thr Trp Ser Asp Gly Ala His
755 760 765

Trp Val Arg Thr Pro Phe Ala Val Asn Val Val
770 775

<210> 10

Page 32

SEQ-ID-PCT...USSN...61663071 ...SCHROEDER...SD2012-290...ST25.txt

<211> 770

<212> PRT

<213> Brachypodium distachyon

<400> 10

Met Ala Ala Leu Leu Val Ser Val Val Phe Leu Leu Leu Leu Leu Leu
1 5 10 15

Gly Ile Gly Leu Cys Ser Cys Gly Asn Val His Ile Val Tyr Met Gly
20 25 30

Glu Lys Leu Pro Glu Leu His Pro Glu Leu Val Arg Asp Ser His His
35 40 45

Gly Met Leu Ala Ala Leu Leu Gly Ser Glu Gln Ala Ala Glu Ser Ala
50 55 60

Ile Leu Tyr Ser Tyr Arg His Gly Phe Ser Gly Phe Ala Ala Val Leu
65 70 75 80

Thr Asp Thr Gln Ala Ala Arg Leu Ser Asp Trp Pro Gly Val Val Arg
85 90 95

Val Val Arg Asn Arg Val Leu Asp Leu His Thr Thr Arg Ser Trp Asp
100 105 110

Phe Met Arg Val Asn Pro Ser Pro Ser Gly Lys Ser Gly Ile Leu Ser
115 120 125

Glu Ser Arg Phe Gly Glu Asp Ser Ile Ile Gly Val Leu Asp Thr Gly
130 135 140

Ile Trp Pro Glu Ser Ala Ser Phe Arg Asp Asp Gly Ile Gly Glu Val
145 150 155 160

Pro Arg Arg Trp Arg Gly Arg Cys Val Ala Gly Asp Arg Phe Asn Ala
165 170 175

Ser Asn Cys Asn Arg Lys Ile Ile Gly Ala Lys Trp Tyr Val Lys Gly
180 185 190

Tyr Glu Ala Glu Tyr Gly Lys Met Asn Thr Thr Asp Ile Asn Glu Tyr
195 200 205

Met Ser Ala Arg Asp Ala Val Gly His Gly Thr His Thr Ala Ser Thr
210 215 220

Ala Ala Gly Ala Leu Val Ala Asp Ala Ser Phe Arg Gly Leu Ala Ser
Page 33

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
225 230 235 240

Gly Val Ala Arg Gly Gly Ala Pro Arg Ala Arg Leu Ala Val Tyr Lys
245 250 255

Val Cys Trp Ala Thr Gly Asp Cys Thr Ser Ala Asp Ile Leu Ala Ala
260 265 270

Phe Asp Asp Ala Ile His Asp Gly Val Asp Val Leu Ser Val Ser Leu
275 280 285

Gly Gln Ala Pro Pro Leu Pro Ala Tyr Val Asp Asp Val Leu Ser Ile
290 295 300

Gly Ser Leu His Ala Val Met Lys Gly Ile Val Val Val Cys Ser Ala
305 310 315 320

Gly Asn Ser Gly Pro Tyr Ser Glu Thr Val Ile Asn Ser Ala Pro Trp
325 330 335

Val Leu Thr Val Ala Ala Gly Thr Ile Asp Arg Thr Phe Leu Ala Lys
340 345 350

Ile Thr Leu Gly Asn Asn Ile Ser Tyr Val Gly Gln Thr Met Tyr Ser
355 360 365

Gly Lys His Ala Ala Thr Thr Met Arg Ile Val Tyr Ala Glu Asp Val
370 375 380

Ser Ser Asp Asn Ala Asp Asp Ser Asp Ala Arg Ser Cys Thr Ala Gly
385 390 395 400

Ser Leu Asn Ala Thr Leu Val Lys Gly Asn Val Val Leu Cys Phe Gln
405 410 415

Thr Arg Gly Gln Arg Ala Ala Gln Val Ala Val Glu Thr Ile Lys Lys
420 425 430

Ala Arg Gly Ile Gly Val Ile Phe Ala Gln Phe Leu Thr Lys Asp Ile
435 440 445

Ala Ser Ala Phe Asp Ile Pro Leu Val Gln Val Asp Tyr Gln Val Gly
450 455 460

Thr Ser Ile Leu Ala Tyr Thr Thr Gly Thr Arg Asn Pro Thr Val Gln
465 470 475 480

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
Phe Gly Cys Ala Lys Thr Ile Leu Gly Glu Leu Ile Gly Pro Glu Val
485 490 495

Ala Tyr Phe Ser Ser Arg Gly Pro Ser Ser Leu Ser Pro Ser Ile Leu
500 505 510

Lys Pro Asp Ile Thr Ala Pro Gly Val Asn Ile Leu Ala Ser Trp Ser
515 520 525

Pro Ser Val Ala Ile Ser Ser Ala Ile Gly Ser Val Asn Phe Lys Ile
530 535 540

Asp Ser Gly Thr Ser Met Ser Cys Pro His Ile Ser Gly Val Ala Ala
545 550 555 560

Leu Leu Lys Ser Met His Pro Asn Trp Ser Pro Ala Ala Val Lys Ser
565 570 575

Ala Met Val Thr Thr Ala Asn Val Arg Asp Glu Tyr Gly Phe Glu Met
580 585 590

Val Ser Glu Ala Ala Pro Tyr Lys Gln Ala Asn Pro Phe Asp Tyr Gly
595 600 605

Gly Gly His Val Asp Pro Asn Arg Ala Ala His Pro Gly Leu Val Tyr
610 615 620

Asp Met Arg Pro Ser Asp Tyr Val Arg Phe Leu Cys Ser Met Gly Tyr
625 630 635 640

Asn Asn Ser Ala Ile Gly Ser Met Val Gln Leu His Thr Pro Cys Gln
645 650 655

His Thr Pro Lys Ser Gln Leu Asn Met Asn Leu Pro Ser Ile Thr Ile
660 665 670

Pro Glu Leu Arg Gly Lys Leu Met Val Pro Arg Thr Val Thr Asn Val
675 680 685

Gly Leu Pro Thr Ser Arg Tyr Arg Ala Arg Val Glu Ala Pro Pro Gly
690 695 700

Val Gly Val Thr Val Asn Pro Ser Leu Leu Ile Phe Asn Ser Thr Thr
705 710 715 720

Asn Arg Leu Ser Phe Arg Val Thr Phe Gln Ala Lys Leu Lys Val Gln
725 730 735

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Gly Arg Tyr Thr Phe Gly Ser Leu Thr Trp Glu Asp Gly Ala His Thr
740 745 750

Val Arg Ile Pro Leu Val Val Arg Thr Met Ile Ser Lys Phe Tyr Val
755 760 765

Asn Ala
770

<210> 11
<211> 770
<212> PRT
<213> Brachypodium distachyon

<400> 11

Met Ser Gly Ile Leu Phe Phe Leu Phe Ile Phe Ser Phe Ser Thr Val
1 5 10 15

Ser Ala Ser Thr Glu Gln Asn Gln Ile Tyr Ile Val Tyr Leu Gly Glu
20 25 30

His Met Glu Ala Lys Ser Lys Glu Val Ile Gln Glu Asp His His Ala
35 40 45

Leu Leu Leu Ser Val Lys Gly Ser Glu Asp Lys Ala Arg Ala Ser Leu
50 55 60

Leu Tyr Ser Tyr Lys His Ser Leu Asn Gly Phe Ala Ala Leu Leu Ser
65 70 75 80

Glu Glu Glu Ala Thr Asp Leu Ser Ala Arg Thr Glu Val Val Ser Thr
85 90 95

Phe Pro Ser Glu Gly Arg Arg Ser Pro His Thr Thr Arg Ser Trp Glu
100 105 110

Phe Leu Gly Phe Glu Glu Gly Leu Asp Ser Ser Glu Trp Leu Pro Ser
115 120 125

Gly Ala Asn Ala Gly Glu Asn Val Ile Val Gly Met Leu Asp Ser Gly
130 135 140

Ile Trp Pro Glu Ser Lys Ser Phe Gly Asp Glu Gly Leu Gly Pro Val
145 150 155 160

Pro Ala Arg Trp Lys Gly Thr Cys Gln Gly Gly Asp Ser Phe Ser Pro
165 170 175

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Ser Ser Cys Asn Arg Lys Val Ile Gly Ala Arg Tyr Tyr Leu Lys Ala
180 185 190

Tyr Glu Ala Arg Tyr Gly Arg Leu Asn Ala Thr Asn Gly Tyr Arg Ser
195 200 205

Pro Arg Asp His Asp Gly His Gly Thr His Thr Ala Ser Thr Val Ala
210 215 220

Gly Arg Thr Val Pro Gly Val Ala Ala Leu Gly Gly Phe Ala Ala Gly
225 230 235 240

Thr Ala Ser Gly Gly Ala Pro Arg Ala Arg Leu Ala Ile Tyr Lys Val
245 250 255

Cys Trp Pro Ile Pro Gly Pro Asn Pro Asn Ile Glu Asn Thr Cys Phe
260 265 270

Asp Ala Asp Met Leu Ala Ala Met Asp Asp Ala Val Gly Asp Gly Val
275 280 285

Asp Val Met Ser Val Ser Ile Gly Ser Ser Gly Gln Pro Val Arg Leu
290 295 300

Ala Asp Asp Gly Ile Ala Val Gly Ala Leu His Ala Ala Arg Arg Gly
305 310 315 320

Val Val Val Val Cys Ser Gly Gly Asn Ser Gly Pro Ala Pro Ala Thr
325 330 335

Val Ser Asn Leu Ala Pro Trp Phe Leu Thr Val Gly Ala Ser Ser Ile
340 345 350

Asp Arg Ser Phe Asp Ser Pro Ile Arg Leu Gly Asn Gly Lys Leu Val
355 360 365

Met Gly Gln Thr Val Thr Pro Tyr Gln Leu Gln Gly Asn Arg Ala Tyr
370 375 380

Pro Met Val Tyr Ala Ala His Ala Val Val Pro Gly Thr Pro Ala Asn
385 390 395 400

Val Ser Asp Gln Cys Leu Pro Asn Ser Leu Ala Ala Glu Lys Val Arg
405 410 415

Gly Lys Ile Val Val Cys Leu Arg Gly Ala Gly Leu Arg Val Ala Lys
420 425 430

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Gly Leu Glu Val Lys Arg Ala Gly Gly Ala Ala Val Val Leu Gly Asn
435 440 445

Pro Pro Met Tyr Gly Ser Glu Val Pro Val Asp Ala His Val Leu Pro
450 455 460

Gly Thr Ala Val Ser Met Ala Asn Val Asn Thr Ile Leu Lys Tyr Ile
465 470 475 480

Asn Ser Thr Ala Lys Pro Thr Ala Tyr Leu Asp Ser Ser Thr Thr Val
485 490 495

Leu Asp Val Lys Pro Ser Pro Val Met Ala Gln Phe Ser Ser Arg Gly
500 505 510

Pro Asn Val Leu Glu Pro Ser Ile Leu Lys Pro Asp Val Thr Ala Pro
515 520 525

Gly Leu Asn Ile Leu Ala Ala Trp Ser Glu Ala Ser Ser Pro Thr Lys
530 535 540

Leu Asp Gly Asp Asn Arg Val Val Lys Tyr Asn Ile Met Ser Gly Thr
545 550 555 560

Ser Met Ser Cys Pro His Val Ser Ala Ala Ala Val Leu Leu Lys Ser
565 570 575

Ala His Pro Asp Trp Ser Pro Ala Ala Ile Arg Ser Ala Ile Met Thr
580 585 590

Thr Ala Thr Thr His Asn Ala Glu Gly Ser Pro Ile Met Asn Ala Asp
595 600 605

Gly Thr Val Ala Gly Pro Met Asp Tyr Gly Ser Gly His Ile Arg Pro
610 615 620

Lys His Ala Leu Gly Pro Gly Leu Val Tyr Asp Ala Ser Tyr Gln Asp
625 630 635 640

Tyr Leu Leu Phe Ala Cys Ala Ser Gly Gly Ala Gln Leu Asp His Ser
645 650 655

Phe Arg Cys Pro Lys Lys Pro Pro Arg Pro Tyr Glu Leu Asn Tyr Pro
660 665 670

Ser Leu Ala Val His Gly Leu Asn Gly Ser Ile Thr Val His Arg Thr
Page 38

675 SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt 680 685

Val Thr Asn Val Gly Gln His Glu Ala His Tyr Arg Val Ala Val Val
690 695 700

Glu Pro Lys Gly Val Ser Val Lys Val Ser Pro Lys Arg Leu Ser Phe
705 710 715 720

Ser Ser Lys Gly Glu Lys Lys Ala Phe Val Ile Lys Ile Val Ala Arg
725 730 735

Gly Arg Arg Ser Ala Arg Val Asn Arg Lys Tyr Leu Ala Gly Ser Tyr
740 745 750

Thr Trp Ser Asp Gly Ile His Ala Val Arg Ser Pro Ile Val Val Leu
755 760 765

Val Ala
770

<210> 12
<211> 800
<212> PRT
<213> Brachypodium distachyon
<400> 12

Met Ala Gly Ala Arg Ser Ser Gly Val Arg Ser Met Ala Ala Asn Ser
1 5 10 15

Leu Pro Leu Ala Ala Leu Leu Ile Cys Thr Leu Leu Phe Leu Asp Pro
20 25 30

Ala Ala Ala Ala Gly Glu Ala Arg Ser Ser Tyr Val Val Tyr Leu Gly
35 40 45

Asp His Ala His Gly Ser Arg Leu Gly Gly Leu Asp Ala Ala Asp Leu
50 55 60

Ala Ala Leu Glu Glu Lys Ala Ala Gly Ser His His Asp Leu Leu Ala
65 70 75 80

Thr Ile Leu Gly Asp Lys Asp Lys Ala Arg Glu Ala Ile Phe Tyr Ser
85 90 95

Tyr Thr Lys His Ile Asn Gly Phe Ala Ala Asn Leu Asn Ala Ala Glu
100 105 110

Ala Ala Gln Leu Ala Arg Leu Pro Glu Val Val Ser Val Phe Pro Asn
Page 39

115 SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt 120 125

Arg Ala Gln Gln Gln Leu His Thr Thr Arg Ser Trp Gln Phe Leu Gly
130 135 140

Leu Ser Gly Pro Asp Gly Val Ser Arg Gly Ala Ser Trp Arg Lys Ala
145 150 155 160

Lys Phe Gly Glu Gly Ile Ile Ile Gly Asn Ile Asp Thr Gly Val Trp
165 170 175

Pro Glu Ser Glu Ser Phe Arg Asp His Gly Leu Gly Ser Val Pro Lys
180 185 190

Asn Trp Lys Gly Thr Cys Glu Lys Gly Gln Asp Asp Lys Phe His Cys
195 200 205

Asn Gly Lys Leu Ile Gly Ala Arg Phe Phe Asn Lys Gly Tyr Ala Ser
210 215 220

Gly Val Gly Ala Pro Ser Asp Asp Pro Thr Phe Asn Ser Pro Arg Asp
225 230 235 240

Asn Gly Gly His Gly Thr His Thr Leu Ser Thr Ala Ala Gly Ala Pro
245 250 255

Ser Pro Gly Ala Ser Val Phe Gly Leu Gly Asn Gly Thr Ala Thr Gly
260 265 270

Gly Ser Pro Arg Ala Arg Val Ala Gly Tyr Arg Val Cys Phe Lys Pro
275 280 285

Val Asn Gly Ser Ser Cys Phe Glu Ala Asp Ile Leu Ala Ala Phe Asp
290 295 300

Ala Ala Ile His Asp Gly Val His Val Leu Ser Val Ser Leu Gly Gly
305 310 315 320

Val Gly Asp Arg Tyr Asp Tyr Phe Glu Asp Ser Ile Ala Ile Gly Ser
325 330 335

Phe His Ala Val Arg His Gly Ile Thr Val Val Cys Ser Ala Gly Asn
340 345 350

Ser Gly Pro Lys Pro Ser Lys Ile Ser Asn Val Ala Pro Trp Met Phe
355 360 365

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_St25.txt
 Thr Val Gly Ala Ser Thr Met Asp Arg Lys Phe Ser Ser Asp Val Val
 370 375 380

Phe Asn Gly Thr Lys Ile Lys Gly Glu Ser Leu Ser Ser Asn Thr Leu
 385 390 395 400

Asn Gln Lys Thr Pro Tyr Pro Met Ile Asp Ser Thr Gln Ala Ala Ala
 405 410 415

Pro Gly Arg Ser Glu Asp Glu Ala Gln Leu Cys Leu Lys Gly Ser Leu
 420 425 430

Asp Pro Lys Lys Val His Gly Lys Ile Val Val Cys Leu Arg Gly Asp
 435 440 445

Asn Ala Arg Val Ala Lys Gly Glu Val Val His Glu Ala Gly Gly Ala
 450 455 460

Gly Met Val Leu Ala Asn Asp Ala Ser Ser Gly Asn Glu Ile Ile Ser
 465 470 475 480

Asp Pro His Val Leu Pro Ala Thr His Val Gly Phe His Asp Gly Leu
 485 490 495

Leu Leu Phe Ser Tyr Leu Lys Ile Asp Lys Ala Pro Val Gly Met Ile
 500 505 510

Glu Lys Pro Thr Thr Ser Val Tyr Thr Lys Pro Ala Pro Tyr Met Ala
 515 520 525

Ala Phe Ser Ser Gln Gly Pro Ser Pro Val Asn Pro Glu Ile Leu Lys
 530 535 540

Pro Asp Ile Thr Ala Pro Gly Val Gly Val Ile Ala Ala Trp Thr Arg
 545 550 555 560

Ala Thr Ser Pro Thr Glu Leu Asp Asn Asp Lys Arg Arg Val Ala Tyr
 565 570 575

Asn Ala Ile Ser Gly Thr Ser Met Ser Cys Pro His Val Ala Gly Ile
 580 585 590

Ala Gly Leu Ile Lys Ala Leu His Pro Asp Trp Ser Pro Ala Ala Val
 595 600 605

Arg Ser Ala Leu Met Thr Thr Ala Ile Glu Val Asp Asn Lys Gly Gln
 610 615 620

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

Gln Ile Leu Asn Ser Ser Phe Ala Ala Ala Gly Pro Phe Glu Arg Gly
625      630      635      640

Ala Gly His Val Trp Pro Ser Arg Ser Phe Asn Pro Ala Leu Val Tyr
645      650

Asp Leu Ser Pro Asp His Tyr Leu Glu Phe Leu Cys Ala Leu Lys Tyr
660      665      670

Asn Ala Ser Ser Met Ala Leu Phe Ser Gly Gly Gly Lys Ala Ala Tyr
675      680      685

Lys Cys Pro Glu Ser Pro Pro Lys Leu Gln Asp Leu Asn Tyr Pro Ser
690      695      700

Ile Thr Val Leu Asn Leu Thr Ser Ser Gly Thr Thr Val Lys Arg Thr
705      710      715      720

Val Lys Asn Val Gly Trp Pro Gly Lys Phe Lys Ala Ala Val Arg Asp
725      730      735

Pro Pro Gly Val Arg Val Ser Val Arg Pro Asp Val Leu Leu Phe Ala
740      745      750

Lys Lys Gly Glu Glu Lys Thr Phe Glu Val Lys Phe Glu Val Lys Asn
755      760      765

Ala Lys Leu Ala Lys Asp Tyr Ser Phe Gly Gln Leu Val Trp Ser Asn
770      775      780

Gly Lys Gln Phe Val Lys Ser Pro Ile Val Val Gln Thr Lys Ala Ala
785      790      795      800

<210> 13
<211> 766
<212> PRT
<213> Brachypodium distachyon

<400> 13

Met Trp Cys His Gly Lys Arg Ser Ala Ile Phe Ala Val Ala Val Ala
1      5      10      15

Ala Ala Ile Val Ala Ser Ala Ala Ala Ala Val Arg Asp Asp Leu Arg
20      25      30

Thr Tyr Ile Val His Met Ser His Ser Ala Met Pro Asp Gly Phe Ala
35      40      45

```

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Glu His Gly Asp Trp Tyr Ala Ser Ser Leu Gln Ser Val Ser Asp Ser
50 55 60

Ala Ala Val Leu Tyr Thr Tyr Asp Thr Leu Leu His Gly Tyr Ser Ala
65 70 75 80

Arg Leu Thr Arg Ala Glu Ala Glu Ala Leu Glu Ala Gln Pro Gly Val
85 90 95

Leu Leu Val Asn Pro Glu Thr Arg Tyr Glu Leu His Thr Thr Arg Thr
100 105 110

Pro Glu Phe Leu Gly Leu Asp Gly Arg Thr Asp Ala Leu Phe Pro Gln
115 120 125

Ser Gly Thr Ala Ser Asp Val Val Val Gly Val Leu Asp Thr Gly Val
130 135 140

Trp Pro Glu Arg Ala Ser Tyr Asp Asp Ala Gly Phe Gly Pro Val Pro
145 150 155 160

Thr Gly Trp Lys Gly Lys Cys Glu Glu Gly Asn Asp Phe Asn Ala Ser
165 170 175

Ala Cys Asn Lys Lys Leu Ile Gly Ala Arg Phe Phe Leu Thr Gly Tyr
180 185 190

Glu Ala Ser Lys Gly Pro Val Asp Val Ser Lys Glu Ser Arg Ser Pro
195 200 205

Arg Asp Asn Asp Gly His Gly Thr His Thr Ser Ser Thr Ala Ala Gly
210 215 220

Ser Ala Val Arg Gly Ala Asp Leu Leu Gly Tyr Ala Ser Gly Thr Ala
225 230 235 240

Lys Gly Met Ala Pro Arg Ala Arg Val Ala Thr Tyr Lys Val Cys Trp
245 250 255

Val Gly Gly Cys Phe Ser Ser Asp Ile Leu Lys Gly Met Glu Val Ala
260 265 270

Val Ala Asp Gly Val Asp Val Leu Ser Leu Ser Leu Gly Gly Gly Thr
275 280 285

Ser Asp Tyr Tyr Arg Asp Ser Ile Ala Val Gly Ala Phe Ser Ala Met
290 295 300

Page 43

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Glu Lys Gly Ile Phe Val Ser Cys Ser Ala Gly Asn Ala Gly Pro Gly
305 310 315 320

Ala Ala Ser Leu Thr Asn Gly Ala Pro Trp Ile Thr Thr Val Gly Ala
325 330 335

Gly Thr Leu Asp Arg Asp Phe Pro Ala His Val Thr Leu Gly Asn Gly
340 345 350

Lys Asn Tyr Thr Gly Val Ser Leu Tyr Ser Gly Lys Gln Leu Pro Thr
355 360 365

Thr Pro Val Pro Phe Val Tyr Ala Gly Asn Ala Ser Asn Ser Ser Met
370 375 380

Gly Ala Leu Cys Met Thr Gly Ser Leu Ile Pro Glu Lys Val Ala Gly
385 390 395 400

Lys Ile Val Leu Cys Asp Arg Gly Thr Asn Ala Arg Val Gln Lys Gly
405 410 415

Phe Val Val Lys Asp Ala Gly Gly Ala Gly Met Val Leu Ala Asn Thr
420 425 430

Ala Ala Asn Gly Glu Glu Leu Val Ala Asp Ala His Ile Leu Pro Gly
435 440 445

Ser Gly Val Gly Glu Lys Ala Gly Asn Ala Met Arg Thr Tyr Ala Ser
450 455 460

Ser Asp Pro Asn Pro Thr Ala Asn Ile Val Phe Ala Gly Thr Lys Val
465 470 475 480

Gly Ile Gln Pro Ser Pro Val Val Ala Ala Phe Ser Ser Arg Gly Pro
485 490 495

Asn Thr Val Thr Pro Gly Val Leu Lys Pro Asp Leu Ile Ala Pro Gly
500 505 510

Val Asn Ile Leu Ala Ala Trp Ser Gly Ser Ile Gly Pro Ser Gly Ile
515 520 525

Ala Gly Asp Asn Arg Arg Ser Ser Phe Asn Ile Ile Ser Gly Thr Ser
530 535 540

Met Ser Cys Pro His Val Ser Gly Leu Ala Ala Leu Leu Arg Ser Ala
Page 44

545 SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
550 555 560

His Gln Asp Trp Thr Pro Ala Ala Ile Arg Ser Ala Leu Met Thr Thr
565 570 575

Ala Tyr Thr Val Tyr Pro Asn Gly Asn Tyr Asn Asn Gly Ile Leu Asp
580 585 590

Val Ala Thr Gly Arg Pro Ala Thr Pro Leu Asp Ile Gly Ala Gly His
595 600 605

Val Asp Pro Ser Lys Ala Val Asp Pro Gly Leu Val Tyr Asp Ile Thr
610 615 620

Ala Ala Asp Tyr Val Asp Phe Leu Cys Ala Ile Asn Tyr Gly Pro Ala
625 630 635 640

Gln Val Ala Ala Leu Ala Lys His Ser Thr Ala Asp Arg Cys Ser Ala
645 650 655

Asn Arg Thr Tyr Ala Val Thr Ala Leu Asn Tyr Pro Ser Phe Ser Val
660 665 670

Thr Leu Pro Ala Ala Gly Gly Ala Glu Lys His Thr Arg Thr Val Thr
675 680 685

Asn Val Gly Gln Pro Gly Thr Tyr Lys Val Thr Ala Ser Ala Ala Ala
690 695 700

Gly Gly Thr Pro Val Ser Val Ser Val Glu Pro Ser Thr Leu Ser Phe
705 710 715 720

Thr Lys Ala Gly Glu Lys Lys Ser Tyr Thr Val Ser Phe Ala Ala Gly
725 730 735

Gly Lys Pro Ser Gly Thr Asn Gly Phe Gly Arg Leu Val Trp Ser Ser
740 745 750

Asp His His Val Val Ala Ser Pro Ile Val Val Thr Trp Thr
755 760 765

<210> 14
<211> 771
<212> PRT
<213> Brachypodium distachyon

<400> 14

Met Glu Arg Leu Leu Pro Trp Leu Leu Gln Ser Tyr Val Val Tyr Leu
Page 45

1
5
10
15

SEQ-ID=PCT_USSN_61663071 ...SCHROEDER...SD2012-290...ST25.txt

Gly Gly His Ser His Gly Arg Glu Gly Ala Val Leu Ala Ser Asn Gln
20 25 30

Glu Arg Ala Lys Asn Ser His Tyr Arg Phe Leu Gly Ser Val Leu Gly
35 40 45

Ser Lys Glu Lys Ala Gln Asp Ala Ile Phe Tyr Ser Tyr Thr Lys His
50 55 60

Ile Asn Gly Phe Ala Ala Thr Leu Glu Glu Glu Ala Met Glu Ile
65 70 75 80

Ser Lys His Pro Ser Val Ile Ser Val Phe Pro Asn Arg Ala His Lys
85 90 95

Leu His Thr Thr Arg Ser Trp Glu Phe Leu Gly Met Glu Lys Gly Gly
100 105 110

Arg Val Lys Pro Asn Ser Ile Trp Ala Lys Ala Arg Phe Gly Gln Gly
115 120 125

Val Ile Ile Gly Asn Leu Asp Thr Gly Val Trp Pro Glu Ala Gly Ser
130 135 140

Phe Asp Asp Asp Gly Met Gly Pro Val Pro Ala Arg Trp Arg Gly Val
145 150 155 160

Cys Gln Asn Gln Val Arg Cys Asn Arg Lys Leu Ile Gly Ala Gln Tyr
165 170 175

Phe Asn Lys Gly Tyr Leu Ala Thr Leu Ala Gly Glu Ala Ala Ala Ser
180 185 190

Pro Ala Thr Ala Arg Asp Thr Asp Gly His Gly Thr His Thr Leu Ser
195 200 205

Thr Ala Ala Gly Arg Phe Val Pro Gly Ala Asn Leu Phe Gly Tyr Gly
210 215 220

Asn Gly Thr Ala Lys Gly Gly Ala Pro Gly Ala His Val Ala Ala Tyr
225 230 235 240

Lys Val Cys Trp His Pro Arg Ala Gly Ser Glu Cys Ala Asp Ala Asp
245 250 255

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
Ile Leu Ala Ala Phe Asp Ala Ala Ile His Asp Gly Val Asp Val Leu
260 265 270
Ser Val Ser Leu Gly Thr Ser Pro Val Asp Tyr Phe Arg Glu Gly Val
275 280 285
Ala Ile Gly Ser Phe His Ala Val Met Asn Gly Ile Ala Val Val Ala
290 295 300
Ser Ala Gly Asn Ala Gly Pro Arg Ala Gly Thr Val Ser Asn Thr Ala
305 310 315 320
Pro Trp Leu Phe Thr Val Ala Ala Ser Thr Met Asp Arg Glu Phe Pro
325 330 335
Ala Tyr Val Val Phe Ala Asn His Ser Arg Arg Ile Lys Gly Gln Ser
340 345 350
Leu Ser Pro Asp Arg Leu Pro Asp Asn Lys His Tyr Pro Leu Ile Ser
355 360 365
Ser Glu Glu Ala Lys Ala Thr Asn Ala Thr Ala Gln Gln Ala Arg Phe
370 375 380
Cys Met Glu Gly Ser Leu Asp Lys Thr Lys Val Glu Gly Lys Ile Val
385 390 395 400
Val Cys Met Arg Gly Lys Ala Pro Arg Val Glu Lys Gly Gln Ser Val
405 410 415
His Arg Ala Gly Gly Val Gly Leu Val Leu Ala Asn Asp Glu Ala Thr
420 425 430
Gly Asn Glu Met Ile Ala Asp Ala His Val Leu Pro Ala Thr His Val
435 440 445
Thr Tyr Ser Asp Gly Val Glu Leu Leu Ala Tyr Ile Glu Ala Thr Thr
450 455 460
Phe Ala Ser Gly Tyr Ile Thr Ser Pro Asn Thr Ala Leu Glu Thr Lys
465 470 475 480
Pro Ala Pro Phe Met Ala Ala Phe Ser Ser Gln Gly Pro Asn Ile Val
485 490 495
Thr Pro Gln Ile Leu Lys Pro Asp Ile Thr Ala Pro Gly Val Ser Ile
500 505 510

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Leu Ala Ala Phe Thr Gly Leu Val Gly Pro Thr Ser Leu Pro Phe Asp
515 520 525

Ser Arg Arg Val Leu Phe Asn Ser Glu Ser Gly Thr Ser Met Ser Cys
530 535 540

Pro His Val Ser Gly Ile Ala Gly Leu Leu Lys Ala Leu His Pro Asp
545 550 555 560

Trp Ser Pro Ala Ala Ile Lys Ser Ala Ile Met Thr Thr Ala Arg Val
565 570 575

Gln Asp Asn Thr Arg Lys Pro Met Ser Asn Ser Ser Phe Leu Arg Ala
580 585 590

Thr Pro Phe Gly Tyr Gly Ala Gly His Val Gln Pro Asn Arg Ala Ala
595 600 605

Asp Pro Gly Leu Val Tyr Asp Met Gly Ala Ala Asp Tyr Leu Gly Phe
610 615 620

Leu Cys Ser Leu Gly Tyr Asn Ser Ser Val Ile Glu Thr Phe Met Gly
625 630 635 640

Asp Asp His Arg Thr Asn Thr Pro His Ala Cys Thr Ala Arg Arg Arg
645 650 655

Pro Lys Pro Glu Asp Leu Asn Tyr Pro Ser Ile Ala Val Pro His Leu
660 665 670

Ser Pro Ser Gly Lys Pro Leu Ala Val Ser Arg Arg Val Arg Asn Val
675 680 685

Gly Ala Gly Pro Ala Ser Tyr Gly Val Arg Val Asp Glu Pro Arg Gly
690 695 700

Val Ser Val Ser Val Arg Pro Ala Arg Leu Glu Phe Ala Ala Ala Gly
705 710 715 720

Glu Glu Lys Glu Phe Ala Val Thr Phe Arg Ala Arg Gln Gly Leu Tyr
725 730 735

Leu Pro Gly Glu Tyr Val Phe Gly Arg Met Ala Trp Ser Asp Ala Ala
740 745 750

Gly Arg His His Val Arg Ser Pro Leu Val Val Arg Val Gly Arg Gly
755 760 765

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Thr Ala Ser
770

<210> 15
<211> 792
<212> PRT
<213> Brachypodium distachyon

<400> 15

Met Ala Thr Arg Arg Arg Leu Leu Leu Phe Leu Leu Leu Val Leu Thr
1 5 10 15

Ala Thr Thr Leu Leu Ser Gln Thr Ala Gly Ala Thr Asp Ala Asp Asp
20 25 30

Gly Gly Arg Gln Ala Lys Lys Thr Tyr Ile Phe Arg Val Asp His Arg
35 40 45

Ala Lys Pro Ser Val Phe Pro Thr His Ala His Trp Tyr Ser Ser Ala
50 55 60

Ala Phe Ala Ser Gly Ala Asp Ala Asp Gly Pro Leu Leu Glu Pro Leu
65 70 75 80

His Val Tyr Asp Thr Val Phe His Gly Phe Ser Ala Ser Val Ser Ala
85 90 95

Pro Arg Ala Asp Ala Leu Arg Arg His Pro Ala Val Leu Ala Ala Phe
100 105 110

Glu Asp Arg Val Arg Pro Leu His Thr Thr Arg Ser Pro Gln Phe Met
115 120 125

Gly Leu Arg Ala Arg Leu Gly Leu Trp Ser Leu Ala Asp Tyr Gly Ser
130 135 140

Asp Val Ile Val Gly Val Leu Asp Thr Gly Val Trp Pro Glu Arg Arg
145 150 155 160

Ser Leu Ser Asp Arg Asn Leu Pro Pro Val Pro Ala Arg Trp Arg Gly
165 170 175

Gly Cys Asp Ala Gly Ala Ala Phe Pro Ala Ser Ser Cys Asn Arg Lys
180 185 190

Leu Val Gly Ala Arg Phe Phe Ser Gln Gly His Ala Ala His Tyr Gly
195 200 205

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Asp Thr Ala Ala Val Ala Ser Asn Gly Ser Val Glu Tyr Met Ser Pro
210 215 220

Arg Asp Ala Asp Gly His Gly Thr His Thr Ala Thr Thr Ala Ala Gly
225 230 235 240

Ser Val Ser Tyr Ala Ala Ser Met Glu Gly Tyr Ala Pro Gly Val Ala
245 250 255

Lys Gly Val Ala Pro Lys Ala Arg Val Ala Ala Tyr Lys Val Cys Trp
260 265 270

Lys Gly Ala Gly Cys Leu Asp Ser Asp Ile Leu Ala Gly Phe Asp Arg
275 280 285

Ala Val Ala Asp Gly Val Asp Val Ile Ser Val Ser Ile Gly Gly Gly
290 295 300

Asn Gly Ala Thr Ser Pro Phe Tyr Ile Asp Pro Ile Ala Ile Gly Ala
305 310 315 320

Tyr Gly Ala Val Ser Arg Gly Val Phe Val Ala Thr Ser Ala Gly Asn
325 330 335

Glu Gly Pro Ala Ala Met Ser Val Thr Asn Leu Ala Pro Trp Leu Ala
340 345 350

Thr Val Gly Ala Gly Thr Ile Asp Arg Ser Phe Pro Ala Glu Ile Val
355 360 365

Leu Gly Asp Gly Arg Arg Met Ala Gly Val Ser Leu Tyr Ser Gly Lys
370 375 380

Pro Leu Ala Asn Asn Thr Met Leu Ser Leu Tyr Tyr Pro Gly Arg Ser
385 390 395 400

Gly Gly Leu Ser Ala Ser Leu Cys Met Glu Asn Ser Ile Glu Pro Ser
405 410 415

Leu Val Ala Gly Lys Ile Val Ile Cys Asp Arg Gly Ser Ser Pro Arg
420 425 430

Val Ala Lys Gly Met Val Val Lys Glu Ala Gly Gly Ala Ala Met Val
435 440 445

Leu Ala Asn Gly Glu Ala Asn Gly Glu Gly Leu Val Gly Asp Ala His
Page 50

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

450 455 460

Val Leu Pro Ala Cys Ser Val Gly Glu Ser Glu Gly Asp Thr Leu Lys
465 470 475 480

Ala Tyr Ala Ala Asn Thr Thr Asn Pro Thr Ala Thr Ile Val Phe Arg
485 490 495

Gly Thr Ile Val Gly Val Lys Pro Ala Pro Leu Val Ala Ser Phe Ser
500 505 510

Ala Arg Gly Pro Asn Gly Leu Val Pro Glu Ile Leu Lys Pro Asp Phe
515 520 525

Ile Ala Pro Gly Val Asn Ile Leu Ala Ala Trp Thr Gly Ala Thr Gly
530 535 540

Pro Thr Gly Leu Glu Ser Asp Pro Arg Arg Thr Glu Phe Asn Ile Leu
545 550 555 560

Ser Gly Thr Ser Met Ala Cys Pro His Ala Ser Gly Ala Ala Ala Leu
565 570 575

Leu Arg Ser Ala His Pro Gly Trp Ser Pro Ala Ala Ile Arg Ser Ala
580 585 590

Leu Met Thr Thr Ala Ile Val Thr Asp Asn Arg Gly Gly Ala Val Ser
595 600 605

Asp Glu Ala Glu His Gly Arg Ala Ala Thr Pro Phe Asp Tyr Gly Ala
610 615 620

Gly His Ile Thr Leu Ser Lys Ala Leu Asp Pro Gly Leu Val Tyr Asp
625 630 635 640

Ile Gly Asp Glu Asp Tyr Val Val Phe Met Cys Ser Ile Gly Tyr Glu
645 650 655

Ala Asn Ala Ile Glu Val Ile Thr His Lys Pro Val Ser Cys Pro Ala
660 665 670

Ala Thr Asn Arg Lys Leu Ser Gly Ser Asp Leu Asn Tyr Pro Ser Ile
675 680 685

Ser Val Val Phe His Gly Ser Asn Gln Ser Arg Thr Val Ile Arg Thr
690 695 700

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Ala Thr Asn Val Gly Ala Glu Ala Ser Ala Thr Tyr Lys Ala Arg Val
 705 710 715 720

Glu Met Ser Gly Ala Ala Ala Ser Ser Gly Val Ser Val Ala Val Lys
 725 730 735

Pro Glu Lys Leu Val Phe Ser Pro Ala Val Lys Lys Gln Ser Phe Ala
 740 745 750

Val Thr Val Glu Ala Pro Ala Gly Pro Ala Ala Ala Pro Val Tyr Gly
 755 760 765

His Leu Val Trp Ser Asp Gly Arg Gly His Asp Val Arg Ser Pro Ile
 770 775 780

Val Val Thr Trp Leu Gln Pro Met
 785 790

<210> 16
 <211> 777
 <212> PRT
 <213> Brachypodium distachyon
 <400> 16

Met Asp Leu Arg Asn Ala Arg Trp Thr Ala Pro Ser Leu Cys Leu Val
 1 5 10 15

Leu Val Leu Val His Ala Ser Ile Tyr Ala Cys Ala Gly Ala Pro Lys
 20 25 30

Thr Tyr Ile Val Gln Met Ala Ala Ser Glu Met Pro Ser Phe Asp
 35 40 45

Tyr His His Glu Trp Tyr Ala Ser Thr Val Lys Ser Val Ser Ser Ala
 50 55 60

Gln Leu Glu Ala Glu Ala Gly Asp Asp Asp Ala Tyr Thr Arg Ile Val
 65 70 75 80

Tyr Asn Tyr Glu Thr Ala Phe His Gly Phe Ala Ala Arg Leu Asp Glu
 85 90 95

Asp Glu Ala Glu Arg Met Ala Glu Ala Ala Gly Val Leu Ala Val Leu
 100 105 110

Pro Glu Thr Val Leu Gln Leu His Thr Thr Arg Ser Pro Asp Phe Leu
 115 120 125

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Gly Ile Gly Pro Glu Ile Ser Asn Ser Ile Trp Ala Ala Gly Leu Ala
 130 135 140
 Asp His Asp Val Val Val Gly Val Leu Asp Thr Gly Ile Trp Pro Glu
 145 150 155 160
 Ser Pro Ser Phe Ser Asp Lys Gly Leu Gly Pro Val Pro Ala Lys Trp
 165 170 175
 Lys Gly Leu Cys Gln Thr Gly Arg Gly Phe Thr Thr Lys Asp Cys Asn
 180 185 190
 Arg Lys Ile Ile Gly Ala Arg Ile Phe Tyr Asn Gly Tyr Glu Ala Ser
 195 200 205
 Ser Gly Pro Ile Asn Glu Thr Thr Glu Leu Lys Ser Pro Arg Asp Gln
 210 215 220
 Asp Gly His Gly Thr His Thr Ala Ala Thr Ala Ala Gly Ser Ser Val
 225 230 235 240
 Gln Asp Ala Gly Leu Phe Gly Tyr Ala Arg Gly Val Ala Arg Gly Met
 245 250 255
 Ala Pro Arg Ala Arg Val Ala Ala Tyr Lys Val Cys Trp Ala Gly Gly
 260 265 270
 Cys Phe Ser Ser Asp Ile Leu Ala Ala Val Asp Arg Ala Val Ser Asp
 275 280 285
 Gly Val Asp Val Leu Ser Ile Ser Leu Gly Gly Gly Ala Ser Pro Tyr
 290 295 300
 Tyr Arg Asp Ser Leu Ser Ile Ala Ser Phe Gly Ala Met Gln Met Gly
 305 310 315 320
 Val Phe Ile Ala Cys Ser Ala Gly Asn Ala Gly Pro Asp Pro Ile Ser
 325 330 335
 Leu Thr Asn Leu Ser Pro Trp Ile Thr Thr Val Gly Ala Ser Thr Met
 340 345 350
 Asp Arg Asp Phe Pro Ala Lys Val Thr Leu Gly Asn Gly Ala Asn Ile
 355 360 365
 Thr Gly Val Ser Leu Tyr Lys Gly Arg Gln Asn Leu Ser Pro Arg Gln
 370 375 380

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Gln Tyr Pro Val Val Tyr Met Gly Gly Asn Ser Ser Ile Pro Asp Pro
385 390 395 400

Arg Ser Met Cys Leu Glu Gly Thr Leu Glu Pro Arg Asp Val Ala Gly
405 410 415

Lys Ile Val Ile Cys Asp Arg Gly Ile Ser Pro Arg Val Gln Lys Gly
420 425 430

Gln Val Val Lys Glu Ala Gly Gly Ile Gly Met Ile Leu Thr Asn Thr
435 440 445

Ala Ala Asn Gly Glu Glu Leu Val Ala Asp Ser His Leu Leu Pro Ala
450 455 460

Val Ala Val Gly Glu Ser Glu Gly Thr Ala Ala Lys Lys Tyr Ser Lys
465 470 475 480

Thr Ala Pro Lys Pro Thr Ala Thr Leu Ser Phe Ala Gly Thr Lys Leu
485 490 495

Gly Ile Arg Pro Ser Pro Val Val Ala Ala Phe Ser Ser Arg Gly Pro
500 505 510

Asn Tyr Leu Thr Leu Glu Ile Leu Lys Pro Asp Leu Ile Ala Pro Gly
515 520 525

Val Asn Ile Leu Ala Ala Trp Ser Gly Asp Ala Ser Pro Ser Ser Leu
530 535 540

Ser Ser Asp Arg Arg Arg Val Gly Phe Asn Ile Leu Ser Gly Thr Ser
545 550 555 560

Met Ser Cys Pro His Val Ala Gly Val Ala Ala Leu Leu Lys Ala Ser
565 570 575

His Pro Asp Trp Ser Pro Ala Gln Ile Lys Ser Ala Leu Met Thr Thr
580 585 590

Ala Tyr Val His Asp Asn Thr Tyr Ser Leu Leu Lys Asp Ala Ala Thr
595 600 605

Gly Lys Ala Ser Thr Pro Phe Gln His Gly Ala Gly His Ile His Pro
610 615 620

Leu Arg Ala Leu Ser Pro Gly Leu Val Tyr Asp Ile Gly Gln Gly Asp
625 630 635 640

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Tyr Leu Glu Phe Leu Cys Thr Gln Asp Leu Thr Pro Met Gln Leu Lys
645 650 655

Ala Phe Thr Lys Asn Ser Asn Met Thr Cys Lys His Ser Leu Ser Ser
660 665 670

Pro Gly Asp Leu Asn Tyr Pro Ala Ile Ser Ala Val Phe Thr Asp Gln
675 680 685

Pro Ser Val Pro Leu Thr Val His Arg Thr Val Thr Asn Val Gly Pro
690 695 700

Pro Ser Ser Thr Tyr His Val Lys Val Thr Lys Phe Lys Gly Ala Asp
705 710 715 720

Val Val Val Glu Pro Asn Thr Leu His Phe Ser Ser Ser Asn Gln Lys
725 730 735

Leu Ala Tyr Lys Val Thr Leu Arg Thr Lys Ala Ala Gln Lys Thr Pro
740 745 750

Glu Phe Gly Ala Leu Ser Trp Ser Asp Gly Val His Ile Val Arg Ser
755 760 765

Pro Leu Val Leu Leu Leu Gly Tyr Thr
770 775

<210> 17
<211> 803
<212> PRT
<213> Zea mays

<400> 17

Met Val Asn Thr Gly Arg Phe Val Val Leu Val Leu Ala Tyr Arg Leu
1 5 10 15

Leu Val Pro Leu Leu Ser Gly Ser Ala Glu Pro Asp His Thr Thr Lys
20 25 30

Glu Ser Tyr Val Val Tyr Met Gly Ser Pro Ser Gly Gly Gly Asp Pro
35 40 45

Glu Ala Val Gln Ala Ala His Leu Gln Met Leu Ser Ser Ile Val Pro
50 55 60

Ser Asp Glu Gln Gly Arg Val Ala Leu Thr His Ser Tyr His His Ala
65 70 75 80

Page 55

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Phe Glu Gly Phe Ala Ala Ala Leu Thr Asp Lys Glu Ala Ala Ala Leu
85 90 95

Ser Gly His Glu Arg Val Val Ser Val Phe Lys Asp Arg Ala Leu Gln
100 105 110

Leu His Thr Thr Arg Ser Trp Asp Phe Leu Glu Val Gln Ser Gly Leu
115 120 125

Gln Ser Gly Arg Leu Gly Arg Arg Ala Ser Gly Asp Val Ile Met Gly
130 135 140

Ile Val Asp Thr Gly Val Trp Pro Glu Ser Pro Ser Phe Asn Asp Ala
145 150 155 160

Gly Met Arg Asp Val Pro Ala Arg Trp Arg Gly Val Cys Met Glu Gly
165 170 175

Pro Asp Phe Lys Lys Ser Asn Cys Asn Lys Lys Leu Ile Gly Ala Arg
180 185 190

Phe Tyr Gly Val Gln Pro Glu Ser Ser Ala Ser Asn Ala Ser Ser Ser
195 200 205

Ala Val Ala Thr Pro Ala Ala Thr Gly Ser Pro Arg Asp Thr Val Gly
210 215 220

His Gly Thr His Thr Ala Ser Thr Ala Ala Gly Ala Val Val Ser Asp
225 230 235 240

Ala Asp Tyr Tyr Gly Leu Ala Arg Gly Ala Ala Lys Gly Gly Ala Pro
245 250 255

Ser Ser Arg Val Ala Val Tyr Arg Ala Cys Ser Leu Gly Gly Cys Ser
260 265 270

Ala Ser Ala Val Leu Lys Ala Ile Asp Asp Ala Val Gly Asp Gly Val
275 280 285

Asp Val Ile Ser Ile Ser Ile Gly Met Ser Ser Val Phe Gln Ser Asp
290 295 300

Phe Leu Thr Asp Pro Ile Ala Leu Gly Ala Leu His Ala His Gln Arg
305 310 315 320

Gly Val Leu Val Val Cys Ser Gly Gly Asn Asp Gly Pro Asn Pro Tyr
Page 56

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
325 330 335

Thr Val Val Asn Ser Ala Pro Trp Ile Leu Thr Val Ala Ala Ser Ser
340 345 350

Ile Asp Arg Ser Phe Gln Ser Thr Ile Ala Leu Gly Asn Gly Asp Val
355 360 365

Val Lys Gly Val Ala Ile Asn Phe Ser Asn His Ser Leu Ser Gly Glu
370 375 380

Gln Tyr Pro Leu Val Phe Gly Ala Gln Val Ala Ala His Tyr Ala Pro
385 390 395 400

Val Ala Glu Ala Ser Asn Cys Tyr Pro Gly Ser Leu Asp Ala Gln Lys
405 410 415

Val Ala Gly Lys Ile Val Val Cys Val Ser Thr Asp Pro Met Val Ser
420 425 430

Arg Arg Val Lys Lys Leu Val Ala Glu Gly Ser Gly Ala Arg Gly Leu
435 440 445

Val Leu Ile Asp Asp Ala Glu Lys Asp Val Pro Phe Val Thr Gly Gly
450 455 460

Phe Ala Leu Ser Gln Val Gly Thr Asp Ala Gly Ala Gln Ile Leu Glu
465 470 475 480

Tyr Ile Asn Ser Thr Lys Asn Pro Thr Ala Val Ile Leu Gln Thr Glu
485 490 495

Asp Val Gly Asp Phe Lys Pro Ala Pro Val Val Ala Ser Phe Ser Ala
500 505 510

Arg Gly Pro Gly Leu Thr Glu Ser Ile Leu Lys Pro Asp Leu Met Ala
515 520 525

Pro Gly Val Ser Ile Leu Ala Ala Thr Ile Pro Ser Thr Asp Ser Glu
530 535 540

Asp Val Pro Pro Gly Lys Lys Gln Ser Ala Tyr Ala Ile Lys Ser Gly
545 550 555 560

Thr Ser Met Ala Cys Pro His Val Ala Gly Ala Ala Ala Phe Val Lys
565 570 575

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Ser Ala His Pro Gly Trp Thr Pro Ser Met Ile Arg Ser Ala Leu Met
 580 585 590

Thr Thr Ala Thr Thr Thr Asn Asn Leu Gly Lys Pro Leu Ala Ser Ser
 595 600 605

Thr Gly Ala Ala Ala Thr Gly His Asp Met Gly Ala Gly Glu Met Ser
 610 615 620

Pro Leu Arg Ala Leu Ser Pro Gly Leu Val Phe Asp Thr Ser Thr Gln
 625 630 635 640

Asp Tyr Leu Asp Leu Leu Cys Tyr Tyr Gly Tyr Lys Glu Gln Gln Val
 645 650 655

Arg Lys Ile Ser Gly Ala Ala Arg Phe Ser Cys Pro Ala Gly Ala Pro
 660 665 670

Ser Pro Asp Leu Ile Ala Ser Ala Val Asn Tyr Pro Ser Ile Ser Val
 675 680 685

Pro Ala Glu Glu Gly Glu Thr Arg His Arg Gly Ala His Arg His Glu
 690 695 700

Arg Gly Ala Leu Glu Arg Asp Ile Arg Gly His Arg Arg Cys Ala Pro
 705 710 715 720

Arg Pro Gly Gly Ala Gly Leu Ala Arg Pro Ala Arg Val Leu Glu Glu
 725 730 735

Met Asp Asp Gly Glu Val Arg Gly Glu Leu Arg Arg Gly Arg Arg Arg
 740 745 750

Cys Arg Glu Gln Gly Leu Arg Ala Arg Arg Gly His Leu Val Arg Arg
 755 760 765

Arg Ala Leu Gly Ala Asp Ala Val Arg Gly Gln Cys Pro Leu Ile Trp
 770 775 780

Trp Ser His Arg Arg Phe Cys Phe Phe His Asn His Val Leu Gly Cys
 785 790 795 800

Met Ser Val

<210> 18
 <211> 768
 <212> PRT

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

<213> Zea mays

<400> 18

Met Ala Ala Pro Leu Gly Phe Phe Cys Met Leu Leu Leu Leu Leu Leu
1 5 10 15

Gln Leu Gly His Ser Ser Cys Asn Asn Val Tyr Ile Val Tyr Met Gly
20 25 30

Ala Arg Asn Pro Glu Leu His Pro Ala Leu Val Arg Asp Ala His His
35 40 45

Gly Met Leu Ala Gly Leu Leu Gly Ser Glu Gln Ala Ala Lys Asp Ala
50 55 60

Ile Leu Tyr Ser Tyr Arg His Gly Phe Ser Gly Phe Ala Ala Val Leu
65 70 75 80

Thr Asp Ser Gln Ala Ala Arg Leu Ala Gly Ser Pro Gly Val Val Arg
85 90 95

Val Val Arg Asn Arg Val Leu Asp Leu His Thr Thr Arg Ser Trp Asp
100 105 110

Phe Met Arg Val Asp Pro Ser His Ser Ala Gly Ile Leu Pro Glu Ser
115 120 125

Arg Phe Gly Glu Asp Ser Ile Ile Gly Val Leu Asp Thr Gly Ile Trp
130 135 140

Pro Glu Ser Ala Ser Phe Arg Asp Asp Gly Met Ser Glu Ala Pro Arg
145 150 155 160

Arg Trp Lys Gly Gln Cys Val Ala Gly Asp Arg Phe Asn Val Ser Asn
165 170 175

Cys Asn Arg Lys Ile Ile Gly Ala Lys Trp Tyr Ile Lys Gly Tyr Glu
180 185 190

Ala Glu Tyr Gly Lys Met Asn Thr Thr Asp Ile Tyr Glu Phe Met Ser
195 200 205

Ala Arg Asp Ala Val Gly His Gly Thr His Thr Ala Ser Thr Ala Ala
210 215 220

Gly Ala Leu Val Ala Gly Ala Ser Phe Arg Gly Leu Ala Gly Gly Val
225 230 235 240

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Ala Arg Gly Gly Ala Pro Arg Ala Arg Leu Ala Val Tyr Lys Val Cys
245 250 255

Trp Ala Thr Gly Asp Cys Thr Ser Ala Asp Ile Leu Ala Ala Phe Asp
260 265 270

Asp Ala Ile His Asp Gly Val Asp Val Leu Ser Val Ser Leu Gly Gln
275 280 285

Ala Pro Pro Leu Pro Ala Tyr Val Asp Asp Val Leu Ser Ile Gly Ser
290 295 300

Phe His Ala Val Ala Arg Gly Ile Val Val Val Cys Ser Ala Gly Asn
305 310 315 320

Ser Gly Pro Tyr Ser Glu Thr Val Ile Asn Ser Ala Pro Trp Leu Val
325 330 335

Thr Val Ala Ala Gly Thr Ile Asp Arg Thr Phe Leu Ala Lys Ile Ile
340 345 350

Leu Gly Asn Asn Ser Thr Tyr Val Gly Gln Thr Leu Tyr Ser Gly Lys
355 360 365

His Pro Gly Asn Ser Met Arg Ile Phe Tyr Ala Glu Asp Val Ala Ser
370 375 380

Asn Asn Ala Asp Asp Thr Asp Ala Arg Ser Cys Thr Ala Gly Ser Leu
385 390 395 400

Asn Ser Thr Leu Val Lys Gly Thr Val Val Leu Cys Phe Gln Thr Arg
405 410 415

Ala Gln Arg Ser Ala Ala Val Ala Val Glu Thr Val Lys Lys Ala Arg
420 425 430

Gly Val Gly Val Ile Phe Ala Gln Phe Leu Thr Lys Asp Ile Ala Ser
435 440 445

Ser Phe Asp Ile Pro Cys Phe Gln Val Asp Tyr Gln Val Gly Thr Ala
450 455 460

Ile Leu Ala Tyr Thr Thr Ser Thr Arg Asn Pro Thr Val Gln Phe Gly
465 470 475 480

Ser Ala Lys Thr Ile Leu Gly Glu Leu Met Gly Pro Glu Val Ala Tyr
485 490 495

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Phe Ser Ser Arg Gly Pro Ser Ser Leu Ser Pro Ala Val Leu Lys Pro
500 505 510

Asp Ile Ala Ala Pro Gly Val Asn Ile Leu Ala Ala Trp Thr Pro Ala
515 520 525

Ala Ala Ile Ser Ser Ala Ile Gly Ser Val Lys Phe Lys Ile Asp Ser
530 535 540

Gly Thr Ser Met Ser Cys Pro His Ile Ser Gly Val Val Ala Leu Leu
545 550 555 560

Lys Ser Met His Pro Asn Trp Ser Pro Ala Ala Val Lys Ser Ala Leu
565 570 575

Val Thr Thr Ala Ser Val His Asp Thr Tyr Gly Phe Glu Ile Val Ser
580 585 590

Glu Ala Ala Pro Tyr Asn Gln Ala Asn Pro Phe Asp Tyr Gly Gly Gly
595 600 605

His Val Asp Pro Asn Ser Ala Ala His Pro Gly Leu Val Tyr Asp Met
610 615 620

Gly Thr Ser Asp Tyr Val Arg Phe Leu Cys Ser Met Gly Tyr Asn Val
625 630 635 640

Ser Ala Ile Ser Ser Leu Ala Gln Gln His Glu Thr Cys Gln His Thr
645 650 655

Pro Lys Thr Gln Leu Asn Leu Asn Leu Pro Ser Ile Ser Ile Pro Glu
660 665 670

Leu Arg Gly Arg Leu Thr Val Ser Arg Thr Val Thr Asn Val Gly Ser
675 680 685

Ala Leu Thr Lys Tyr Arg Ala Arg Val Glu Ala Pro Pro Gly Val Asp
690 695 700

Val Thr Val Ser Pro Ser Leu Leu Thr Phe Asn Ser Thr Val Arg Lys
705 710 715 720

Leu Thr Phe Lys Val Thr Phe Gln Ala Lys Leu Lys Val Gln Gly Arg
725 730 735

Tyr Tyr Phe Gly Ser Leu Thr Trp Glu Asp Gly Val His Ala Val Arg
Page 61

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
740 745 750

Ile Pro Leu Val Val Arg Thr Met Ile Ser Lys Phe Tyr Ala Asn Ser
755 760 765

<210> 19
<211> 769
<212> PRT
<213> Zea mays

<400> 19

Met Ala Ala Leu Leu Gly Leu Phe Phe Leu Leu Leu Leu Gln Leu Gly
1 5 10 15

Pro Ser Ser Cys Ser Asn Val Tyr Ile Ala Tyr Met Gly Glu Arg Ser
20 25 30

Pro Glu Leu Arg Pro Ala Leu Val Arg Asp Ala His His Gly Met Leu
35 40 45

Ala Ala Leu Leu Gly Ser Glu Gln Ala Ala Arg Asp Ala Ile Leu Tyr
50 55 60

Ser Tyr Arg His Gly Phe Ser Gly Phe Ala Ala Thr Leu Thr Asp Ser
65 70 75 80

Gln Ala Ala Arg Leu Ala Asp Ser Pro Gly Val Val Arg Val Val Arg
85 90 95

Asn Arg Val Leu Asp Leu His Thr Thr Arg Ser Trp Asp Phe Met Arg
100 105 110

Val Met Ser Pro Ser His Ser Ala Gly Ile Leu Ser Asn Ser Arg Leu
115 120 125

Gly Glu Asp Ser Ile Ile Gly Val Leu Asp Thr Gly Ile Trp Pro Glu
130 135 140

Ser Ala Ser Phe Arg Asp Asp Gly Ile Gly Glu Val Pro Arg Arg Trp
145 150 155 160

Lys Gly Arg Cys Val Ala Gly Asp Arg Phe Asn Ala Ser Asn Cys Asn
165 170 175

Arg Lys Ile Ile Gly Ala Lys Trp Tyr Ile Arg Gly Tyr Glu Ala Glu
180 185 190

Tyr Gly Lys Met Asn Thr Thr Asp Ile Tyr Glu Phe Met Ser Ala Arg
Page 62

195 SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290...ST25.txt
200 205

Asp Ala Val Gly His Gly Thr His Thr Ala Ser Thr Ala Ala Gly Ala
210 215 220

Pro Val Ala Asp Ala Ser Phe Arg Gly Leu Ala Ser Gly Val Ala Arg
225 230 235 240

Gly Gly Ala Pro Arg Ala Arg Leu Ala Val Tyr Lys Val Cys Trp Ala
245 250 255

Thr Gly Asp Cys Thr Ser Ala Asp Ile Leu Ala Ala Phe Asp Asp Ala
260 265 270

Ile His Asp Gly Val Asp Val Leu Ser Val Ser Leu Gly Gln Ala Pro
275 280 285

Pro Leu Pro Ala Tyr Val Asp Asp Val Leu Ser Ile Gly Ser Phe His
290 295 300

Ala Val Ala Arg Gly Ile Ala Val Val Cys Ser Ala Gly Asn Ser Gly
305 310 315 320

Pro Tyr Ser Glu Thr Val Ile Asn Ser Ala Pro Trp Ile Val Thr Val
325 330 335

Ala Ala Gly Thr Ile Asp Arg Thr Phe Leu Ala Lys Ile Ala Leu Gly
340 345 350

Asn Asn Ser Thr Tyr Ala Gly Gln Thr Leu Tyr Ser Gly Ala His Pro
355 360 365

Gly Arg Ser Met Ser Leu Val Tyr Ala Glu Asp Ile Ala Ser Asn Asp
370 375 380

Ala Asp Asp Thr Asp Ala Arg Ser Cys Thr Ala Gly Ser Leu Asn Ser
385 390 395 400

Thr Leu Ala Lys Gly Lys Val Val Leu Cys Phe Gln Thr Arg Ala Gln
405 410 415

Arg Ser Ala Ser Val Ala Val Glu Thr Val Arg Lys Ala Arg Gly Val
420 425 430

Gly Val Ile Phe Ala Gln Phe Leu Thr Lys Asp Ile Ala Ser Ser Phe
435 440 445

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Asp Val Pro Cys Val Gln Val Asp Tyr Gln Val Gly Thr Val Ile Leu
 450 455 460

Ala Tyr Thr Thr Ser Met Arg Asn Pro Thr Val Gln Phe Gly Ser Ala
 465 470 475 480

Lys Thr Val Leu Gly Glu Val Ile Gly Pro Glu Val Ala Tyr Phe Ser
 485 490 495

Ser Arg Gly Pro Ser Ser Leu Ser Pro Ser Val Leu Lys Pro Asp Ile
 500 505 510

Ala Ala Pro Gly Val Asn Ile Leu Ala Ala Trp Thr Pro Ala Ala Ala
 515 520 525

Val Ser Ser Ala Ile Gly Ser Val Ser Phe Lys Ile Asp Ser Gly Thr
 530 535 540

Ser Met Ser Cys Pro His Ile Ser Gly Val Val Ala Leu Leu Arg Ser
 545 550 555 560

Leu His Pro Asn Trp Ser Pro Ala Ala Val Lys Ser Ala Leu Val Thr
 565 570 575

Thr Ala Ser Val His Asp Thr Tyr Gly Phe Gly Ile Val Ser Glu Ala
 580 585 590

Ala Pro Tyr Ser Gln Ala Asn Pro Phe Asp Tyr Gly Gly Gly His Val
 595 600 605

Asp Pro Asn Arg Ala Ala Tyr Pro Gly Leu Val Tyr Asp Met Gly Ala
 610 615 620

Ser Asp Tyr Val Arg Phe Leu Cys Ser Met Gly Tyr Asn Val Ser Ala
 625 630 635 640

Ile Ser Ser Val Ala Gln Gln Arg Glu Thr Glu Thr Cys Gln His Ala
 645 650 655

Pro Lys Thr Gln Leu Asp Leu Asn Leu Pro Ser Ile Ala Val Pro Glu
 660 665 670

Leu Arg Gly Arg Leu Thr Val Ser Arg Thr Val Thr Asn Val Gly Ser
 675 680 685

Ala Leu Ser Glu Tyr Arg Ala Arg Val Glu Ala Pro Pro Gly Val Asp
 690 695 700

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Val Ser Val Arg Pro Ser Leu Leu Ala Phe Asn Ser Thr Val Arg Arg
705 710 715 720

Leu Ala Phe Lys Val Thr Phe Arg Ala Lys Leu Val Lys Val Gln Gly
725 730 735

Arg Tyr Thr Phe Gly Ser Leu Thr Trp Glu Asp Gly Val His Ala Val
740 745 750

Arg Ile Pro Leu Val Val Arg Thr Met Val Gly Arg Phe Tyr Ala Asn
755 760 765

Ser

<210> 20
<211> 701
<212> PRT
<213> Zea mays
<400> 20

Met Leu Tyr Ala Tyr Asp Thr Val Leu His Gly Phe Ser Ala Arg Leu
1 5 10 15

Thr Pro Gln Glu Ala Ser Asp Leu Ala Ser Ala Glu Gly Val Leu Ala
20 25 30

Val Asn Pro Glu Ala Arg Tyr Glu Leu His Thr Thr Arg Thr Pro Glu
35 40 45

Phe Leu Gly Ile Ala Gly Gln Gly Leu Ser Pro Gln Ser Gly Thr Ala
50 55 60

Gly Asp Val Val Val Gly Val Leu Asp Thr Gly Val Trp Pro Glu Ser
65 70 75 80

Lys Ser Tyr Asp Asp Ala Gly Leu Ala Glu Val Pro Ala Trp Trp Lys
85 90 95

Gly Gln Cys Glu Ala Gly Pro Gly Phe Asp Ala Ser Ala Ala Cys Asn
100 105 110

Arg Lys Leu Val Gly Ala Arg Phe Phe Ser Lys Gly Tyr Glu Ala Ala
115 120 125

Met Gly Pro Met Asp Thr Asp Arg Glu Ser Arg Ser Pro Leu Asp Asp
130 135 140

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

Asp Gly His Gly Thr His Thr Ser Ser Thr Ala Ala Gly Ala Ala Val
145                               150                               155                               160

Pro Gly Ala Ser Leu Phe Gly Phe Ala Ala Gly Thr Ala Arg Gly Met
                               165                               170                               175

Ala Pro Arg Ala Arg Val Ala Ala Tyr Lys Val Cys Trp Leu Gly Gly
                               180                               185                               190

Cys Phe Ser Ser Asp Ile Leu Ala Gly Met Asp Ala Ala Val Ala Asp
                               195                               200                               205

Gly Cys Gly Val Leu Ser Leu Ser Leu Gly Gly Gly Ala Ala Asp Tyr
                               210                               215                               220

Ser Arg Asp Ser Val Ala Ile Gly Ala Phe Ala Ala Thr Glu Gln Asn
225                               230                               235                               240

Val Leu Val Ser Cys Ser Ala Gly Asn Ala Gly Pro Gly Ser Ser Thr
                               245                               250                               255

Leu Ser Asn Val Ala Pro Trp Ile Thr Thr Val Gly Ala Gly Thr Leu
                               260                               265                               270

Asp Arg Asp Phe Pro Ala Tyr Val Val Leu Gly Asp Gly Lys Asn Tyr
                               275                               280                               285

Thr Gly Val Ser Leu Tyr Ala Gly Lys Pro Leu Pro Ser Ala Pro Ile
                               290                               295                               300

Pro Ile Val Tyr Ala Ala Asn Ala Ser Asn Ser Thr Ala Gly Asn Leu
305                               310                               315                               320

Cys Met Pro Gly Thr Leu Val Pro Glu Lys Val Ala Gly Lys Ile Val
                               325                               330                               335

Val Cys Asp Arg Gly Val Ser Ala Arg Val Gln Lys Gly Leu Val Val
                               340                               345                               350

Arg Asp Ala Gly Gly Ala Gly Met Val Leu Ser Asn Thr Ala Ala Asn
                               355                               360                               365

Gly Gln Glu Leu Val Ala Asp Ala His Leu Leu Pro Ala Ala Gly Val
                               370                               375                               380

Gly Glu Thr Glu Gly Thr Ala Ile Lys Ser Tyr Val Ala Ser Ala Pro
385                               390                               395                               400

```

Page 66

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Asn Pro Thr Ala Thr Val Val Val Ala Gly Thr Glu Val Gly Val Arg
405 410 415

Pro Ser Pro Val Val Ala Ala Phe Ser Ser Arg Gly Pro Asn Met Val
420 425 430

Thr Pro Glu Ile Leu Lys Pro Asp Met Ile Ala Pro Gly Val Asn Ile
435 440 445

Leu Ala Ser Trp Thr Gly Lys Ala Gly Pro Thr Gly Leu Ala Ala Asp
450 455 460

Thr Arg Arg Val Gly Phe Asn Ile Ile Ser Gly Thr Ser Met Ser Cys
465 470 475 480

Pro His Val Ser Gly Leu Ala Ala Leu Leu Arg Ser Ala His Pro Glu
485 490 495

Trp Ser Pro Ala Ala Val Arg Ser Ala Leu Met Thr Thr Ala Tyr Ala
500 505 510

Ser Tyr Ser Gly Gly Ser Ser Leu Leu Asp Ala Ala Thr Gly Gly Met
515 520 525

Ala Thr Pro Phe Asp Tyr Gly Ala Gly His Val Asp Pro Ala Arg Ala
530 535 540

Leu Asp Pro Gly Leu Val Tyr Asp Leu Gly Thr Arg Asp Tyr Val Asp
545 550 555 560

Phe Leu Cys Ala Leu Lys Tyr Ser Ser Thr Met Ile Ala Ala Val Ala
565 570 575

Arg Ser Arg Glu Tyr Ala Cys Ala Glu Asn Lys Thr Tyr Ser Val Gly
580 585 590

Ala Leu Asn Tyr Pro Ser Phe Ser Val Ala Tyr Ser Thr Ala Asn Gly
595 600 605

Asp Gly Gly Gly Asp Ser Ala Thr Val Thr His Thr Arg Thr Leu Thr
610 615 620

Asn Val Gly Gly Ala Gly Thr Tyr Lys Ala Ser Thr Ser Leu Ala Ala
625 630 635 640

Ala Lys Gly Val Ala Val Asp Val Glu Pro Ala Glu Leu Glu Phe Thr
Page 67

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071__SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
645 650 655

Ser Val Gly Glu Lys Lys Ser Tyr Thr Val Arg Phe Thr Ser Lys Ser
660 665 670

Gln Pro Ser Gly Thr Ala Gly Phe Gly Arg Leu Val Trp Ser Asp Gly
675 680 685

Lys His Ser Val Ala Ser Pro Ile Ala Phe Thr Trp Thr
690 695 700

<210> 21
<211> 791
<212> PRT
<213> Zea mays
<400> 21

Met Ala Thr Arg Trp Arg Arg Ser Leu Leu Trp Val Ala Val Val Gln
1 5 10 15

Phe Leu Thr Leu Cys Val Ala Glu His Leu Val Val Glu Ala Tyr Lys
20 25 30

Lys Ser Tyr Ile Val Tyr Leu Gly Ser His Ala Tyr Gly Arg Asp Ala
35 40 45

Ser Ala Glu Glu His Ala Arg Ala Thr Gln Ser His His His Leu Leu
50 55 60

Ala Ser Ile Leu Gly Gly Asp Asp Asp His His His Glu Thr Ala Arg
65 70 75 80

Gln Ser Ile Phe Tyr Ser Tyr Thr Lys Ser Ser Ile Asn Gly Phe Ala
85 90 95

Ala His Leu Glu Glu Ser Val Ala Gln Gln Ile Ala Glu His Pro Glu
100 105 110

Val Val Ala Val Leu Glu Ser Lys Met Leu Lys Leu His Thr Thr Arg
115 120 125

Ser Trp Asp Phe Met Asp Leu Glu Arg Asp Gly His Val Leu Pro Gly
130 135 140

Ser Ile Trp Asn His Ala Arg Phe Gly Gln Asp Val Ile Ile Ala Ser
145 150 155 160

Leu Asp Ser Gly Val Trp Pro Glu Ser His Ser Phe Gln Asp Asp Gly
Page 68

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 ...SCHROEDER_SD2012-290...ST25.txt
 165 170 175

Gly Gln Val Pro Ala Arg Trp Lys Gly Ser Cys Gln Asp Thr Val Lys
 180 185 190

Tyr Gly Val Ala Cys Asn Arg Lys Leu Ile Gly Ala Arg Phe Phe Asn
 195 200 205

Lys Asp Met Leu Phe Ser Asn Pro Ala Val Val Asn Ala Asn Trp Thr
 210 215 220

Arg Asp Thr Glu Gly His Gly Thr His Thr Leu Ser Thr Ala Ala Gly
 225 230 235 240

Gly Phe Val Pro Arg Ala Ser Leu Phe Gly Tyr Ala Thr Gly Thr Ala
 245 250 255

Lys Gly Gly Ala Pro Arg Ala Arg Val Ala Ala Tyr Lys Val Cys Trp
 260 265 270

Ser Gly Glu Cys Ala Ala Ala Asp Val Leu Ala Gly Phe Glu Ser Ala
 275 280 285

Ile His Asp Gly Ala Asp Val Ile Ser Val Ser Phe Gly Gln Asp Ala
 290 295 300

Pro Leu Ala Asp Asp Val Lys Ser Leu Phe His Glu Pro Val Met Leu
 305 310 315 320

Gly Ser Leu His Ala Ala Ile His Gly Val Ser Val Ile Cys Ser Ala
 325 330 335

Gly Asn Ser Gly Pro Tyr Asp Asp Thr Val Val Asn Ala Ala Pro Trp
 340 345 350

Val Thr Thr Val Ala Ala Thr Thr Val Asp Arg Asp Phe Pro Asn Val
 355 360 365

Leu Thr Leu Gly Asn Ser Val Arg Leu Arg Gly Thr Ser Leu Glu Ser
 370 375 380

Thr Thr Leu His Ser Ser Met Leu Tyr Pro Met Ile Asp Ala Ala Arg
 385 390 395 400

Ala Ala Arg Thr Thr Ser Asn Pro Tyr Asp Ala Ala Ser Cys Gly Leu
 405 410 415

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Gly Thr Leu Asp Pro Ala Ala Ile Arg Gly Lys Ile Val Val Cys Arg
 420 425 430
 Arg Gly Gly Gly Gly Gly Gly Asp Val Ser Arg Val Ser Lys Gly Met
 435 440 445
 Ala Val Leu Glu Ala Gly Gly Ala Gly Met Ile Leu Ala Asn Asp Arg
 450 455 460
 Met Asp Gly Asp Asp Ile Val Ala Asp Pro His Val Leu Pro Ala Thr
 465 470 475 480
 Met Ile Thr Tyr Ser Glu Ala Val Ser Leu Tyr Gly Tyr Met Glu Ser
 485 490 495
 Thr Ser Asn Pro Val Ala Asn Ile Ser Pro Ala Lys Thr Glu Val Gly
 500 505 510
 Val Lys Asn Ser Pro Ser Val Ala Gly Phe Ser Ser Arg Gly Pro Ser
 515 520 525
 Gly Thr Leu Pro Tyr Val Leu Lys Pro Asp Ile Ala Ala Pro Gly Val
 530 535 540
 Asp Ile Leu Ala Ala Phe Thr Glu Tyr Val Gly Pro Thr Glu Leu Ala
 545 550 555 560
 Ser Asp Lys Arg Arg Ser Glu Tyr Ala Ile Leu Ser Gly Thr Ser Met
 565 570 575
 Ala Cys Pro His Val Ser Gly Val Ile Ala Leu Leu Lys Ala Ala Arg
 580 585 590
 Pro Glu Trp Ser Pro Ala Ala Met Arg Ser Ala Ile Met Thr Thr Ala
 595 600 605
 Arg Thr Gln Asp Asn Thr Gly Ala Pro Met Arg Asp His Asp Gly Lys
 610 615 620
 Glu Ala Asn Ala Phe Ala Tyr Gly Ala Gly Asn Val His Pro Asn Arg
 625 630 635 640
 Ala Val Asp Pro Gly Leu Val Tyr Asp Ala Gly Pro Asp Asp Tyr Phe
 645 650 655
 Thr Phe Leu Cys Ala Met Gly Ile Ser Ala Ala Asp Met Lys Arg Leu
 660 665 670

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Ser Ala Gly Lys Phe Ala Cys Pro Ala Asn Ser Ala Lys Glu Ala Pro
675 680 685

Ala Met Glu Asp Leu Asn Tyr Pro Ser Ile Val Val Pro Ser Leu Arg
690 695 700

Gly Thr Gln Thr Val Thr Arg Arg Leu Lys Asn Val Gly Arg Pro Ala
705 710 715 720

Lys Tyr Leu Ala Ser Trp Arg Ala Pro Val Gly Ile Thr Met Glu Val
725 730 735

Lys Pro Arg Val Leu Glu Phe Ser Lys Val Gly Glu Glu Lys Glu Phe
740 745 750

Lys Val Thr Val Thr Ser Gln Gln Asp Lys Leu Gly Met Gly Tyr Val
755 760 765

Phe Gly Arg Leu Val Trp Thr Asp Gly Thr His Tyr Val Arg Ser Pro
770 775 780

Val Val Val Asn Ala Leu Ala
785 790

<210> 22
<211> 810
<212> PRT
<213> Oryza sativa

<400> 22

Met Trp Leu Leu Pro Leu Ile Cys Phe Val Leu Ala Leu Leu Ala
1 5 10 15

Ala Gly Ala Ile Gly Gly Gly Gly Gly Ala Ala Gly Gly Gly Asn Gly
20 25 30

Gly Gly Gly Glu Arg Arg Gly Val Tyr Val Val Tyr Leu Gly Ala Val
35 40 45

Pro Pro Arg Thr Ser Pro Asn Ile Leu Gln Gln Thr His Leu Arg Leu
50 55 60

Ile Gly Ala Val Leu Lys Arg Gly Gln Pro Val Glu Ser Val Val Val
65 70 75 80

Gln Gln Tyr Lys His Ala Phe Ser Gly Phe Ala Ala Arg Leu Ser Ala
85 90 95

Page 71

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Ala Glu Ala Ala Ala Leu Arg Arg Lys Pro Gly Val Ile Ser Val Phe
100 105 110

Ala Asp Pro Val Tyr His Leu His Thr Thr Arg Ser Trp Asp Phe Leu
115 120 125

Gln Gln Gln Thr Thr Ala Ala Val Asp Val Lys Thr Gly Gly Ser Ala
130 135 140

Arg Arg Arg Arg Arg Ser Pro Arg Ala Arg Ala Ala Ala Ala Ser Ala
145 150 155 160

Ser Thr Ser Ser Ser Pro Thr Ala Asp Thr Ile Ile Gly Leu Leu Asp
165 170 175

Ser Gly Val Trp Pro Glu Ser Pro Ser Phe Asp Asp Ala Gly Phe Gly
180 185 190

Pro Val Pro Ala Arg Trp Lys Gly Val Cys Met Ala Gly Asp Asp Phe
195 200 205

Asn Ser Ser Ser Cys Asn Arg Lys Leu Ile Gly Ala Arg Tyr Tyr Asp
210 215 220

Val Gly Gly Glu Ala Lys Arg Gln Ser Ala Arg Ser Ser Gly Ser Ser
225 230 235 240

Pro Arg Asp Glu Ala Gly His Gly Thr His Thr Ser Ser Thr Ala Ala
245 250 255

Gly Asn Ala Val Asn Gly Ala Ser Tyr Tyr Gly Leu Ala Ala Gly Thr
260 265 270

Ala Lys Gly Gly Ser Ala Ser Ser Arg Val Ala Met Tyr Arg Val Cys
275 280 285

Ser Gly Glu Gly Cys Ala Gly Ser Ala Ile Leu Ala Gly Phe Asp Asp
290 295 300

Ala Val Ala Asp Gly Val Asp Val Ile Ser Val Ser Leu Gly Ala Ser
305 310 315 320

Pro Tyr Phe Arg Pro Asp Phe Ser Asp Asp Pro Ile Ala Ile Gly Ser
325 330 335

Phe His Ala Val Ala Lys Gly Ile Met Val Val Cys Ser Ala Gly Asn
340 345 350

Page 72

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Ala Gly Pro Asp Ala Ala Thr Val Val Asn Ala Ala Pro Trp Ile Leu
355 360 365

Thr Val Ala Ala Ser Thr Ile Asp Arg Tyr Phe Gln Ser Asp Val Val
370 375 380

Leu Gly Gly Asn Asn Thr Ala Val Lys Gly Gly Ala Ile Asn Phe Ser
385 390 395 400

Asn Leu Asn Lys Ser Pro Lys Tyr Pro Leu Ile Thr Gly Glu Ser Ala
405 410 415

Lys Ser Ser Ser Val Ser Asp Thr Glu Ser Ala Ser His Cys Glu Pro
420 425 430

Gly Thr Leu Asp Ala Ser Lys Ile Lys Gly Lys Ile Val Leu Cys His
435 440 445

His Ser Arg Asn Ser Asp Thr Pro Lys Thr Glu Lys Val Gly Glu Leu
450 455 460

Lys Ser Ala Gly Ala Val Gly Ala Val Leu Val Asp Asp Leu Glu Lys
465 470 475 480

Ala Val Ala Thr Ala Tyr Ile Asp Phe Pro Val Thr Glu Ile Thr Ser
485 490 495

Asn Ala Ala Ala Asp Ile His Lys Tyr Ile Ser Ser Thr Ser Glu Pro
500 505 510

Val Ala Thr Ile Thr Pro Thr Ile Thr Val Thr Glu Tyr Lys Pro Ala
515 520 525

Pro Val Val Ala Tyr Phe Ser Ser Arg Gly Pro Ser Pro Gln Thr Pro
530 535 540

Asn Ile Leu Lys Pro Asp Val Ala Ala Pro Gly Val Asn Ile Leu Ala
545 550 555 560

Ser Trp Ile Pro Thr Ser Thr Leu Pro Ala Gly Glu Glu Lys Pro Ser
565 570 575

Gln Phe Asn Leu Val Ser Gly Thr Ser Met Ala Cys Pro His Val Ala
580 585 590

Gly Ala Ala Ala Ala Val Arg Ala Trp Asn Pro Ala Trp Ser Pro Ala
Page 73

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
595 600 605

Ala Ile Arg Ser Ala Ile Met Thr Thr Ala Ala Gln Leu Asn Asn Asp
610 615 620

Gly Ala Ala Val Thr Thr Asp Ser Gly Ser Pro Ala Thr Pro Tyr Asp
625 630 635 640

His Gly Ala Gly Gln Val Asn Pro Ala Ala Ala Leu Asp Ala Gly Leu
645 650 655

Val Tyr Glu Leu Gly Glu Glu Asp Tyr Leu Gln Phe Leu Cys Asp Tyr
660 665 670

Gly Tyr Asp Ala Ser Gln Ile Lys Leu Val Ala Ala Ser Leu Pro Gly
675 680 685

Gly Phe Ser Cys Gly Ala Gly Gly Asn Ala Ser Asp Ser Lys Asp Leu
690 695 700

Ile Ser Gly Leu Asn Tyr Pro Ser Ile Ala Val Thr Gly Leu Gly Lys
705 710 715 720

Ala Gly Gly Thr Arg Thr Val Ser Arg Val Val Thr Asn Val Gly Ala
725 730 735

Gln Gln Glu Ala Thr Tyr Thr Val Ala Val Ala Ala Pro Ala Gly Leu
740 745 750

Asp Val Lys Val Val Pro Gly Lys Leu Glu Phe Thr Lys Ser Val Lys
755 760 765

Lys Leu Gly Phe Gln Val Ser Phe Ser Gly Lys Asn Ala Ala Ala Ala
770 775 780

Ala Lys Gly Asp Leu Phe Gly Ser Ile Thr Trp Ser Asp Gly Lys His
785 790 795 800

Thr Val Arg Ser Pro Phe Val Val Thr Ile
805 810

<210> 23
<211> 788
<212> PRT
<213> Oryza sativa

<400> 23

Met Val Asn Arg Ala His Phe Val Ile Leu Val Leu Val Tyr Arg Leu
Page 74

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

1 5 10 15

Leu Val Pro Leu Ser Ala Glu Pro Asp Gln Thr Arg Glu Ser Tyr Val
20 25 30

Val Tyr Met Gly Gly Gly Gly Gly Ala Gly Ala Gly Val Glu Glu Glu
35 40 45

Ala Ala Arg Ala Met His Met Glu Met Leu Thr Ser Val Ala Pro Ala
50 55 60

Gly Asp Asp Gln Gly Arg Ala Ala Ala Ala Leu Thr Gln Ser Tyr His
65 70 75 80

His Ala Phe Gln Gly Phe Ala Ala Glu Leu Thr Glu Ala Glu Ala Ala
85 90 95

Ala Leu Ser Gly His Glu Arg Val Val Ser Val Phe Arg Asp Arg Ala
100 105 110

Leu Glu Leu His Thr Thr Arg Ser Trp Asp Phe Leu Asp Val Gln Ser
115 120 125

Gly Leu Arg Ser Asp Arg Leu Gly Arg Arg Ala Ser Gly Asp Val Ile
130 135 140

Ile Gly Ile Val Asp Thr Gly Val Trp Pro Glu Ser Ala Ser Phe Ser
145 150 155 160

Asp Ala Gly Met Gly Pro Val Pro Ala Arg Trp Arg Gly Val Cys Met
165 170 175

Glu Gly Pro Asp Phe Lys Lys Ser Ser Cys Asn Lys Lys Leu Ile Gly
180 185 190

Ala Arg Tyr Tyr Ser Ser Gln Pro Gly Ser Ala Ser Ser Ser Ala
195 200 205

Ala Gly Ala Val Thr Ala Thr Gly Gly Ser Pro Arg Asp Ala Val Gly
210 215 220

His Gly Thr His Thr Ala Ser Thr Ala Ala Gly Ala Val Val Pro Gly
225 230 235 240

Ala Gly Tyr Tyr Gly Leu Ala Arg Gly Ala Ala Lys Gly Gly Ala Pro
245 250 255

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
Ala Ser Arg val Ala val Tyr Lys Ala Cys Ser Leu Gly Gly Cys Ala
260 265 270
Ser Ser Ala val Leu Lys Ala Ile Asp Asp Ala val Gly Asp Gly val
275 280 285
Asp val val Ser Ile Ser Ile Gly Met Ser Ser Ala Phe Gln Ser Asp
290 295 300
Phe Leu Ala Asp Pro Ile Ala Leu Gly Ala Phe His Ala His Gln Arg
305 310 315 320
Gly val Leu val val Cys Ser Gly Gly Asn Asp Gly Pro Asn Pro Tyr
325 330 335
Thr val val Asn Ser Ala Pro Trp Ile Leu Thr val Ala Ala Ser Ser
340 345 350
Ile Asp Arg Ser Phe His Ser Thr Ile val Leu Gly Asn Gly Thr Leu
355 360 365
val Lys Gly Ile Ala Ile Asn Phe Ser Asn Gln Ser Ile Thr Gly Gly
370 375 380
Gln Tyr Pro Leu val Phe Gly Pro Gln val Ala Gly Arg Tyr Thr Pro
385 390 395 400
val Ser Glu Ala Ser Asn Cys Tyr Pro Gly Ser Leu Asp Ala Gln Lys
405 410 415
Ala Ala Gly Lys Ile val val Cys val Gly Thr Asp Pro Met val Ser
420 425 430
Arg Arg val Lys Lys Leu val Ala Glu Gly Ala Gly Ala Ser Gly Leu
435 440 445
val Leu Ile Asp Asp Ala Glu Lys Ala val Pro Phe val Ala Gly Gly
450 455 460
Phe Pro Phe Ser Gln val Ala Thr Asp Ala Gly Ala Gln Ile Leu Glu
465 470 475 480
Tyr Ile Asn Ser Thr Lys Asn Pro Thr Ala Val Ile Leu Pro Thr Glu
485 490 495
Asp Ala Lys Asp Asp Lys Pro Ala Pro val val Ala Ser Phe Ser Ala
500 505 510

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Arg Gly Pro Gly Gly Leu Thr Glu Ala Ile Leu Lys Pro Asp Leu Met
515 520 525

Ala Pro Gly Val Ser Ile Leu Ala Ala Thr Ile Pro Thr Ala Asp Lys
530 535 540

Glu Asp Val Pro Ala Gly Lys Asn Pro Ser Pro Phe Ala Ile Lys Ser
545 550 555 560

Gly Thr Ser Met Ala Cys Pro His Val Ala Gly Ala Ala Ala Phe Val
565 570 575

Lys Ser Ala His Pro Gly Trp Ser Pro Ser Met Ile Arg Ser Ala Leu
580 585 590

Met Thr Thr Ala Thr Thr Arg Asn Asn Leu Gly Gln Ala Val Ala Ser
595 600 605

Ser Thr Gly Ala Ala Ala Thr Gly His Asp Met Gly Ala Gly Glu Ile
610 615 620

Ser Pro Leu Arg Ala Leu Ser Pro Gly Leu Val Phe Asp Thr Thr Thr
625 630 635 640

Arg Asp Tyr Leu Asn Phe Leu Cys Tyr Tyr Gly Tyr Lys Glu Gln Leu
645 650 655

Val Arg Lys Leu Ala Gly Ala Gly Ala Ala Gly Ala Ala Phe Ala Cys
660 665 670

Pro Arg Gly Ala Pro Ser Pro Asp Leu Ile Ala Ser Gly Val Asn Tyr
675 680 685

Pro Ser Ile Ser Val Pro Arg Leu Leu Ala Gly Arg Thr Ala Thr Val
690 695 700

Ser Arg Val Ala Met Asn Val Gly Pro Pro Asn Ala Thr Tyr Ala Ala
705 710 715 720

Ala Val Glu Ala Pro Pro Gly Leu Ala Val Lys Val Ser Pro Glu Arg
725 730 735

Leu Val Phe Ser Ser Arg Trp Thr Thr Ala Ala Tyr Gln Val Ser Phe
740 745 750

Glu Ile Ala Gly Ala Gly Ala Gly Ala Ser Lys Gly Tyr Val His Gly
755 760 765

Page 77

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Ala Val Thr Trp Ser Asp Gly Ala His Ser Val Arg Thr Pro Phe Ala
770 775 780

Val Asn Val Ile
785

<210> 24
<211> 795
<212> PRT
<213> Oryza sativa
<400> 24

Met Val Asn Arg Ala His Phe Val Ile Leu Val Leu Val Tyr Arg Leu
1 5 10 15

Leu Val Pro Leu Ser Ala Glu Pro Asp Gln Thr Arg Glu Ser Tyr Val
20 25 30

Val Tyr Met Gly Gly Gly Gly Gly Ala Gly Ala Gly Ala Gly Val
35 40 45

Glu Glu Glu Ala Ala Arg Ala Met His Met Glu Met Leu Thr Ser Val
50 55 60

Ala Pro Ala Gly Asp Asp Gln Gly Arg Ala Ala Ala Ala Leu Thr Gln
65 70 75 80

Ser Tyr His His Ala Phe Gln Gly Phe Ala Ala Glu Leu Thr Glu Ala
85 90 95

Glu Ala Ala Ala Leu Ser Gly His Glu Arg Val Val Ser Val Phe Arg
100 105 110

Asp Arg Ala Leu Glu Leu His Thr Thr Arg Ser Trp Asp Phe Leu Asp
115 120 125

Val Gln Ser Gly Leu Arg Ser Asp Arg Leu Gly Arg Arg Ala Ser Gly
130 135 140

Asp Val Ile Ile Gly Ile Val Asp Thr Gly Val Trp Pro Glu Ser Ala
145 150 155 160

Ser Phe Ser Asp Ala Gly Met Gly Pro Val Pro Ala Arg Trp Arg Gly
165 170 175

Val Cys Met Glu Gly Pro Asp Phe Lys Lys Ser Ser Cys Asn Lys Lys
180 185 190

Page 78

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Leu Ile Gly Ala Arg Tyr Tyr Gly Ser Gln Pro Gly Ser Ala Ser Ser
195 200 205

Ser Ser Ala Ala Gly Ala Val Thr Ala Thr Gly Gly Ser Pro Arg Asp
210 215 220

Ala Val Gly His Gly Thr His Thr Ala Ser Thr Ala Ala Gly Ala Val
225 230 235 240

Val Pro Gly Ala Gly Tyr Tyr Gly Leu Ala Arg Gly Ala Ala Lys Gly
245 250 255

Gly Ala Pro Ala Ser Arg Val Ala Val Tyr Lys Ala Cys Ser Leu Gly
260 265 270

Gly Cys Ala Ser Ser Ala Val Leu Lys Ala Ile Asp Asp Ala Val Gly
275 280 285

Asp Gly Val Asp Val Val Ser Ile Ser Ile Gly Met Ser Ser Ala Phe
290 295 300

Gln Ser Asp Phe Leu Ala Asp Pro Ile Ala Leu Gly Ala Phe His Ala
305 310 315 320

His Gln Arg Gly Val Leu Val Val Cys Ser Gly Gly Asn Asp Gly Pro
325 330 335

Asn Pro Tyr Thr Val Val Asn Ser Ala Pro Trp Ile Leu Thr Val Ala
340 345 350

Ala Ser Ser Ile Asp Arg Ser Phe His Ser Thr Ile Val Leu Gly Asn
355 360 365

Gly Thr Leu Val Lys Gly Ile Ala Ile Asn Phe Ser Asn Gln Ser Ile
370 375 380

Thr Gly Gly Gln Tyr Pro Leu Val Phe Gly Pro Gln Val Ala Gly Arg
385 390 395 400

Tyr Thr Pro Val Ser Glu Ala Ser Asn Cys Tyr Pro Gly Ser Leu Asp
405 410 415

Ala Gln Lys Ala Ala Gly Lys Ile Val Val Cys Val Gly Thr Asp Pro
420 425 430

Met Val Ser Arg Arg Val Lys Lys Leu Val Ala Glu Gly Ala Gly Ala
Page 79

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 435 440 445

Ser Gly Leu Val Leu Ile Asp Asp Ala Glu Lys Ala Val Pro Phe Val
 450 455 460

Ala Gly Gly Phe Pro Phe Ser Gln Val Ala Thr Asp Ala Gly Ala Gln
 465 470 475 480

Ile Leu Glu Tyr Ile Asn Ser Thr Lys Asn Pro Thr Ala Val Ile Leu
 485 490 495

Pro Thr Glu Asp Ala Lys Asp Asp Lys Pro Ala Pro Val Val Ala Ser
 500 505 510

Phe Ser Ala Arg Gly Pro Gly Gly Leu Thr Glu Ala Ile Leu Lys Pro
 515 520 525

Asp Leu Met Ala Pro Gly Val Ser Ile Leu Ala Ala Thr Ile Pro Thr
 530 535 540

Ala Asp Lys Glu Asp Val Pro Ala Gly Lys Asn Pro Ser Pro Phe Ala
 545 550 555 560

Ile Lys Ser Gly Thr Ser Met Ala Cys Pro His Val Ala Gly Ala Ala
 565 570 575

Ala Phe Val Lys Ser Ala His Pro Gly Trp Ser Pro Ser Met Ile Arg
 580 585 590

Ser Ala Leu Met Thr Thr Ala Thr Thr Arg Asn Asn Leu Gly Gln Ala
 595 600 605

Val Ala Ser Ser Thr Gly Ala Ala Ala Thr Gly His Asp Met Gly Ala
 610 615 620

Gly Glu Ile Ser Pro Leu Arg Ala Leu Ser Pro Gly Leu Val Phe Asp
 625 630 635 640

Thr Thr Thr Arg Asp Tyr Leu Asn Phe Leu Cys Tyr Tyr Gly Tyr Lys
 645 650 655

Glu Gln Leu Val Arg Lys Leu Ala Gly Ala Gly Ala Ala Gly Ala Ala
 660 665 670

Phe Ala Cys Pro Arg Gly Ala Pro Ser Pro Asp Leu Ile Ala Ser Gly
 675 680 685

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
Val Asn Tyr Pro Ser Ile Ser Val Pro Arg Leu Leu Ala Gly Arg Thr
690 695 700

Ala Thr Val Ser Arg Val Ala Met Asn Val Gly Pro Pro Asn Ala Thr
705 710 715 720

Tyr Ala Ala Ala Val Glu Ala Pro Pro Gly Leu Ala Val Lys Val Ser
725 730 735

Pro Glu Arg Leu Val Phe Ser Ser Arg Trp Thr Thr Ala Ala Tyr Gln
740 745 750

Val Ser Phe Glu Ile Ala Ser Gly Gly Ala Gly Ala Gly Ala Gly Ala
755 760 765

Ser Lys Gly Tyr Val His Gly Ala Val Thr Trp Ser Asp Gly Ala His
770 775 780

Ser Val Arg Thr Pro Phe Ala Val Asn Val Ile
785 790 795

<210> 25
<211> 769
<212> PRT
<213> Oryza sativa

<400> 25

Met Ala Met Ser Pro Leu Leu Phe Ile Val Phe Leu Leu Met Leu Leu
1 5 10 15

Glu Pro Cys Ser Ser Ser Arg Ser Asn Val Tyr Ile Val Tyr Met Gly
20 25 30

Glu Arg His His Gly Leu Arg Pro Glu Leu Val Gln Glu Ala His His
35 40 45

Gly Met Leu Ala Ala Val Leu Gly Ser Glu Gln Ala Ala Met Asp Ala
50 55 60

Ile Leu Tyr Ser Tyr Arg His Gly Phe Ser Gly Phe Ala Ala Val Leu
65 70 75 80

Thr Gly Gly Gln Ala Ala Arg Leu Ser Asp Trp Pro Gly Val Val Arg
85 90 95

Val Val Arg Asn Arg Val Leu Asp Leu His Thr Thr Arg Ser Trp Asp
100 105 110

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
Phe Met Gly Val Asn Pro Ser Pro Ser Gly Gly Gly Ile Leu Leu Glu
115 120 125
Ser Arg Phe Gly Glu Asp Ser Ile Ile Gly Val Leu Asp Thr Gly Ile
130 135 140
Trp Pro Glu Ser Ala Ser Phe Arg Asp Asp Gly Ile Gly Glu Val Pro
145 150 155 160
Arg Arg Trp Lys Gly Gln Cys Val Ala Gly Glu Lys Phe Asn Ala Ser
165 170 175
Asn Cys Asn Arg Lys Ile Ile Gly Ala Lys Trp Tyr Val Lys Gly Tyr
180 185 190
Glu Ala Glu Tyr Gly Lys Met Asn Thr Ser Asp Ile Tyr Glu Phe Met
195 200 205
Ser Ala Arg Asp Ala Val Gly His Gly Thr His Thr Ala Ser Thr Ala
210 215 220
Ala Gly Ala Leu Val Ala Asn Ala Ser Phe Arg Gly Leu Ala Lys Gly
225 230 235 240
Val Ala Arg Gly Gly Ala Gln Arg Ala Arg Leu Ala Val Tyr Lys Val
245 250 255
Cys Trp Ala Thr Gly Asp Cys Thr Ala Ala Asp Ile Leu Ala Ala Phe
260 265 270
Asp Asp Ala Ile His Asp Gly Val Asp Val Ile Ser Val Ser Leu Gly
275 280 285
Gln Ala Pro Pro Leu Pro Ala Tyr Val Asp Asp Val Leu Ser Ile Gly
290 295 300
Ser Phe His Ala Val Ala Lys Gly Val Val Val Val Cys Ser Ala Gly
305 310 315 320
Asn Ser Gly Pro Tyr Ser Glu Thr Val Ile Asn Ser Ala Pro Trp Ile
325 330 335
Val Thr Val Ala Ala Gly Thr Ile Asp Arg Ile Phe Leu Ala Lys Ile
340 345 350
Ile Leu Gly Asn Asn Ser Thr Tyr Val Gly Gln Thr Leu Tyr Ser Gly
355 360 365

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Lys His Pro Ser Lys Ser Val Arg Ile Val Tyr Ala Glu Asp Ile Ser
370 375 380

Ser Asp Asn Ala Asp Asp Thr Asp Ala Arg Ser Cys Thr Ala Gly Ser
385 390 395 400

Leu Asn Ala Thr Leu Val Lys Gly Asn Val Val Leu Cys Phe Gln Thr
405 410 415

Arg Ala Gln Arg Ser Ala Ser Val Ala Val Glu Thr Val Lys Lys Ala
420 425 430

Arg Gly Val Gly Val Ile Phe Ala Gln Phe Leu Thr Lys Asp Ile Ala
435 440 445

Ser Ser Leu Asp Ile Pro Cys Val Gln Val Asp Tyr Gln Val Gly Thr
450 455 460

Ala Ile Leu Ala Tyr Thr Thr Ser Met Arg Asn Pro Val Ala Gln Phe
465 470 475 480

Ser Phe Pro Lys Thr Ile Val Gly Glu Leu Val Ala Pro Glu Val Ala
485 490 495

Tyr Phe Ser Ser Arg Gly Pro Ser Ser Leu Ser Pro Ser Ile Leu Lys
500 505 510

Pro Asp Ile Ala Ala Pro Gly Val Asn Ile Leu Ala Ala Trp Ser Pro
515 520 525

Ala Ala Ala Ile Ser Ser Ala Ile Gly Ser Val Asn Phe Lys Ile Asp
530 535 540

Ser Gly Thr Ser Met Ser Cys Pro His Ile Ser Gly Val Val Ala Leu
545 550 555 560

Leu Lys Ser Met His Pro Asn Trp Ser Pro Ala Ala Val Lys Ser Ala
565 570 575

Leu Val Thr Thr Ala Asn Val His Asp Ala Tyr Gly Phe Glu Met Val
580 585 590

Ser Glu Ala Ala Pro Tyr Asn Asp Ala Asn Pro Phe Asp Tyr Gly Gly
595 600 605

Gly His Val Asn Pro Asn Arg Ala Ala His Pro Gly Leu Val Tyr Asp
610 615 620

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Met Gly Val Ser Asp Tyr Met Arg Phe Leu Cys Ser Met Gly Tyr Asn
625 630 635 640

Thr Ser Ala Ile Ser Ser Met Thr Gln Gln Gln Thr Thr Cys Gln His
645 650 655

Thr Pro Lys Ser Gln Leu Asn Leu Asn Val Pro Ser Ile Thr Ile Pro
660 665 670

Glu Leu Arg Gly Lys Leu Thr Val Ser Arg Thr Val Thr Asn Val Gly
675 680 685

Pro Ala Leu Ser Lys Tyr Arg Ala Arg Val Glu Ala Pro Pro Gly Val
690 695 700

Asp Val Thr Val Ser Pro Ser Leu Leu Thr Phe Asn Ser Thr Val Arg
705 710 715 720

Lys Leu Pro Phe Lys Val Thr Phe Gln Ala Lys Leu Lys Val Lys Gly
725 730 735

Arg Tyr Thr Phe Gly Ser Leu Thr Trp Glu Asp Gly Thr His Thr Val
740 745 750

Arg Ile Pro Leu Val Val Arg Ile Ile Ile Ser Lys Phe Tyr Val Asn
755 760 765

Ala

<210> 26
<211> 769
<212> PRT
<213> Oryza sativa

<400> 26

Met Ala Met Ser Pro Leu Leu Phe Ile Val Phe Leu Leu Met Leu Leu
1 5 10 15

Glu Pro Cys Ser Ser Ser Arg Ser Asn Val Tyr Ile Val Tyr Met Gly
20 25 30

Glu Arg His His Gly Leu Arg Pro Glu Leu Val Gln Glu Ala His His
35 40 45

Gly Met Leu Ala Ala Val Leu Gly Ser Glu Gln Ala Ala Met Asp Ala
50 55 60

Page 84

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

Ile Leu Tyr Ser Tyr Arg His Gly Phe Ser Gly Phe Ala Ala Val Leu
65          70          75          80
Thr Gly Gly Gln Ala Ala Arg Leu Ser Asp Trp Pro Gly Val Val Arg
85          90          95
Val Val Arg Asn Arg Val Leu Asp Leu His Thr Thr Arg Ser Trp Asp
100         105         110
Phe Met Gly Val Asn Pro Ser Pro Ser Gly Gly Gly Ile Leu Leu Glu
115         120         125
Ser Arg Phe Gly Glu Asp Ser Ile Ile Gly Val Leu Asp Thr Gly Ile
130         135         140
Trp Pro Glu Ser Ala Ser Phe Arg Asp Asp Gly Ile Gly Glu Val Pro
145         150         155         160
Arg Arg Trp Lys Gly Gln Cys Val Ala Gly Glu Lys Phe Asn Ala Ser
165         170         175
Asn Cys Asn Arg Lys Ile Ile Gly Ala Lys Trp Tyr Val Lys Gly Tyr
180         185         190
Glu Ala Glu Tyr Gly Lys Met Asn Thr Ser Asp Ile Tyr Glu Phe Met
195         200         205
Ser Ala Arg Asp Ala Val Gly His Gly Thr His Thr Ala Ser Thr Ala
210         215         220
Ala Gly Ala Leu Val Ala Asn Ala Ser Phe Arg Gly Leu Ala Lys Gly
225         230         235         240
Val Ala Arg Gly Gly Ala Gln Arg Ala Arg Leu Ala Val Tyr Lys Val
245         250         255
Cys Trp Ala Thr Gly Asp Cys Thr Ala Ala Asp Ile Leu Ala Ala Phe
260         265         270
Asp Asp Ala Ile His Asp Gly Val Asn Val Ile Ser Val Ser Leu Gly
275         280         285
Gln Ala Pro Pro Leu Pro Ala Tyr Val Asp Asp Val Leu Ser Ile Gly
290         295         300
Ser Phe His Ala Val Ala Lys Gly Val Val Val Val Cys Ser Ala Gly
Page 85

```

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
305 310 315 320
Asn Ser Gly Pro Tyr Ser Glu Thr Val Ile Asn Ser Ala Pro Trp Ile
325 330 335
Val Thr Val Ala Ala Gly Thr Ile Asp Arg Ile Phe Leu Ala Lys Ile
340 345 350
Ile Leu Gly Asn Asn Ser Thr Tyr Val Gly Gln Thr Leu Tyr Ser Gly
355 360 365
Lys His Pro Ser Lys Ser Val Arg Ile Val Tyr Ala Glu Asp Ile Ser
370 375 380
Ser Asp Asn Ala Asp Asp Thr Asp Ala Arg Ser Cys Thr Ala Gly Ser
385 390 395 400
Leu Asn Ala Thr Leu Val Lys Gly Asn Val Val Leu Cys Phe Gln Thr
405 410 415
Arg Ala Gln Arg Ser Ala Ser Val Ala Val Glu Thr Val Lys Lys Ala
420 425 430
Arg Gly Val Gly Val Ile Phe Ala Gln Phe Leu Thr Lys Asp Ile Ala
435 440 445
Ser Ser Leu Asp Ile Pro Cys Val Gln Val Asp Tyr Gln Val Gly Thr
450 455 460
Ala Ile Leu Ala Tyr Thr Thr Ser Met Arg Asn Pro Val Ala Gln Phe
465 470 475 480
Ser Phe Pro Lys Thr Ile Val Gly Glu Leu Val Ala Pro Glu Val Ala
485 490 495
Tyr Phe Ser Ser Arg Gly Pro Ser Ser Leu Ser Pro Ser Ile Leu Lys
500 505 510
Pro Asp Ile Ala Ala Pro Gly Val Asn Ile Leu Ala Ala Trp Ser Pro
515 520 525
Ala Ala Ala Ile Ser Ser Ala Ile Gly Ser Val Asn Phe Lys Ile Asp
530 535 540
Ser Gly Thr Ser Met Ser Cys Pro His Ile Ser Gly Val Val Ala Leu
545 550 555 560

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071_SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
Leu Lys Ser Met His Pro Asn Trp Ser Pro Ala Ala Val Lys Ser Ala
565 570 575

Leu Val Thr Thr Ala Asn Val His Asp Ala Tyr Gly Phe Glu Met Val
580 585 590

Ser Glu Ala Ala Pro Tyr Asn Asp Ala Asn Pro Phe Asp Tyr Gly Gly
595 600 605

Gly His Val Asn Pro Asn Arg Ala Ala His Pro Gly Leu Val Tyr Asp
610 615 620

Met Gly Val Ser Asp Tyr Met Arg Phe Leu Cys Ser Met Gly Tyr Asn
625 630 635 640

Thr Ser Ala Ile Ser Ser Met Thr Gln Gln Gln Thr Thr Cys Gln His
645 650 655

Met Pro Lys Ser Gln Leu Asn Leu Asn Val Pro Ser Ile Thr Ile Pro
660 665 670

Glu Leu Arg Gly Lys Leu Thr Val Ser Arg Thr Val Thr Asn Val Gly
675 680 685

Pro Ala Leu Ser Lys Tyr Arg Ala Arg Val Glu Ala Pro Pro Gly Val
690 695 700

Asp Val Thr Val Ser Pro Ser Leu Leu Thr Phe Asn Ser Thr Val Arg
705 710 715 720

Lys Leu Pro Phe Lys Val Thr Phe Gln Ala Lys Leu Lys Val Gln Gly
725 730 735

Arg Tyr Thr Phe Gly Ser Leu Thr Trp Glu Asp Gly Thr His Thr Val
740 745 750

Arg Ile Pro Leu Val Val Arg Ile Ile Ile Ser Lys Phe Tyr Val Asn
755 760 765

Ala

```
<210> 27
<211> 523
<212> PRT
<213> Oryza sativa
<400> 27
```

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Cys Ser Gly Glu Gly Cys Ala Gly Ser Ala Ile Leu Ala Gly Phe Asp
 1 5 10 15
 Asp Ala Val Ala Asp Gly Val Asp Val Ile Ser Val Ser Leu Gly Ala
 20 25 30
 Ser Pro Tyr Phe Arg Pro Asp Phe Ser Asp Asp Pro Ile Ala Ile Gly
 35 40 45
 Ser Phe His Ala Val Ala Lys Gly Ile Met Val Val Cys Ser Ala Gly
 50 55 60
 Asn Ala Gly Pro Asp Ala Ala Thr Val Val Asn Ala Ala Pro Trp Ile
 65 70 75 80
 Leu Thr Val Ala Ala Ser Thr Ile Asp Arg Tyr Phe Gln Ser Asp Val
 85 90 95
 Val Leu Gly Gly Asn Asn Thr Ala Val Lys Gly Gly Ala Ile Asn Phe
 100 105 110
 Ser Asn Leu Asn Lys Ser Pro Lys Tyr Pro Leu Ile Thr Gly Glu Ser
 115 120 125
 Ala Lys Ser Ser Ser Val Ser Asp Thr Glu Ser Ala Ser His Cys Glu
 130 135 140
 Pro Gly Thr Leu Asp Ala Ser Lys Ile Lys Gly Lys Ile Val Leu Cys
 145 150 155 160
 His His Ser Arg Asn Ser Asp Thr Pro Lys Thr Glu Lys Val Gly Glu
 165 170 175
 Leu Lys Ser Ala Gly Ala Val Gly Ala Val Leu Val Asp Asp Leu Glu
 180 185 190
 Lys Ala Val Ala Thr Ala Tyr Ile Asp Phe Pro Val Thr Glu Ile Thr
 195 200 205
 Ser Asn Ala Ala Ala Asp Ile His Lys Tyr Ile Ser Ser Thr Ser Glu
 210 215 220
 Pro Val Val Thr Ile Thr Pro Thr Ile Thr Val Thr Glu Tyr Lys Pro
 225 230 235 240
 Ala Pro Val Val Ala Tyr Phe Ser Ser Arg Gly Pro Ser Pro Gln Thr
 245 250 255

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Pro Asn Ile Leu Lys Pro Asp Val Ala Ala Pro Gly Val Asn Ile Leu
260 265 270

Ala Ser Trp Ile Pro Thr Ser Thr Leu Pro Ala Gly Glu Glu Lys Pro
275 280 285

Ser Gln Phe Asn Leu Val Ser Gly Thr Ser Met Ala Cys Pro His Val
290 295 300

Ala Gly Ala Ala Ala Ala Val Arg Ala Trp Asn Pro Ala Trp Ser Pro
305 310 315 320

Ala Ala Ile Arg Ser Ala Ile Met Thr Thr Ala Ala Gln Leu Asn Asn
325 330 335

Asp Gly Ala Ala Val Thr Thr Asp Ser Gly Ser Pro Ala Thr Pro Tyr
340 345 350

Asp His Gly Ala Gly Gln Val Asn Pro Ala Ala Ala Leu Asp Ala Gly
355 360 365

Leu Val Tyr Glu Leu Gly Glu Glu Asp Tyr Leu Gln Phe Leu Cys Asp
370 375 380

Tyr Gly Tyr Asp Ala Ser Gln Ile Lys Leu Val Ala Ala Ser Leu Pro
385 390 395 400

Gly Gly Phe Ser Cys Gly Ala Gly Gly Asn Ala Ser Asp Ser Lys Asp
405 410 415

Leu Ile Ser Gly Leu Asn Tyr Pro Ser Ile Ala Val Thr Gly Leu Gly
420 425 430

Lys Ala Gly Gly Thr Arg Thr Val Ser Arg Val Val Thr Asn Val Gly
435 440 445

Ala Gln Gln Glu Ala Thr Tyr Thr Val Ala Val Ala Ala Pro Ala Gly
450 455 460

Leu Asp Val Lys Val Val Pro Gly Lys Leu Glu Phe Thr Lys Ser Val
465 470 475 480

Lys Lys Leu Gly Phe Gln Val Ser Phe Ser Gly Lys Asn Ala Ala Ala
485 490 495

Ala Ala Lys Gly Asp Leu Phe Gly Ser Ile Thr Trp Ser Asp Gly Lys
500 505 510

Page 89

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

His Thr val Arg Ser Pro Phe val val Thr Ile
515 520

<210> 28
<211> 791
<212> PRT
<213> Oryza sativa

<400> 28

Met Ala Ala Ala Ala Ile val val Leu Leu val Cys Ser Leu Pro Ser
1 5 10 15

Leu Leu val Gly Ala Ala Ala Ala Gly Gly Gly Glu Lys Gln Ser Tyr
20 25 30

val val Tyr Leu Gly Glu His Ala His Gly Glu Arg Leu Gly Ala Ala
35 40 45

Ala Ala Ala Asp val Asp val Glu Ala Leu Ala Arg Gln Ala Glu Asp
50 55 60

Ser His Cys Glu Leu Leu Ala Gly val Leu Gly Asp Lys Glu Lys Ala
65 70 75 80

Arg Glu Ala Ile Phe Tyr Ser Tyr Thr Arg His Ile Asn Gly Phe Ala
85 90 95

Ala Asn Leu Asp Ala Ala Ala Ala Ala Lys Ile Ala Glu Lys Pro Gly
100 105 110

val val Ser val Phe Pro Asn Arg Gly His Lys Leu His Thr Thr Arg
115 120 125

Ser Trp Gln Phe Leu Gly Leu Ala Gly val Gly Gly Ala Pro Thr Gly
130 135 140

Ala Ala Trp Lys Lys Ala Arg Phe Gly Glu Asp Thr Ile Ile Gly Asn
145 150 155 160

Leu Asp Thr Gly val Trp Pro Glu Ser Glu Ser Phe Arg Asp Asp Gly
165 170 175

Leu Gly Pro Ile Pro Ser Trp Trp Arg Gly Glu Cys Gln Lys Gly Gln
180 185 190

Asp Asp Ala Phe Ser Cys Asn Arg Lys Leu Ile Gly Ala Arg Phe Phe
195 200 205

Page 90

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.tx

Asn Lys Gly Tyr Ala Ser Ala Val Gly Asn Leu Asn Thr Ser Leu Phe
210 215 220

Asp Thr Pro Arg Asp Thr Asp Gly His Gly Thr His Thr Leu Ser Thr
225 230 235 240

Ala Gly Gly Ala Pro Val Ala Gly Ala Ser Val Phe Gly Tyr Gly Asn
245 250 255

Gly Thr Ala Ser Gly Gly Ser Pro Met Ala Arg Val Ala Ala Tyr Arg
260 265 270

Val Cys Tyr Thr Pro Val Asn Gly Ser Glu Cys Phe Asp Ala Asp Ile
275 280 285

Leu Ala Ala Phe Asp Ala Ala Ile His Asp Gly Val His Val Leu Ser
290 295 300

Val Ser Leu Gly Gly Asp Ala Gly Asp Tyr Phe Ala Asp Gly Leu Ala
305 310 315 320

Ile Gly Ser Phe His Ala Val Arg His Gly Ile Ala Val Val Cys Ser
325 330 335

Ala Gly Asn Ser Gly Pro Ala Pro Gly Thr Val Ser Asn Val Ala Pro
340 345 350

Trp Leu Phe Thr Ala Ala Ala Ser Thr Met Asp Arg Glu Phe Pro Ala
355 360 365

Tyr Val Val Phe Asn Asp Thr Lys Leu Lys Gly Gln Ser Leu Ser Ala
370 375 380

Ser Ala Leu Ser Pro Ala Ser Ser Ser Phe Pro Met Ile Asp Ser Ser
385 390 395 400

Leu Ala Ala Ser Pro Asn Arg Thr Gln Asn Glu Ser Gln Leu Cys Phe
405 410 415

Leu Gly Ser Leu Asp Pro Glu Lys Val Lys Gly Lys Ile Val Val Cys
420 425 430

Leu Arg Gly Val Asn Pro Arg Val Glu Lys Gly Glu Ala Val Leu Glu
435 440 445

Ala Gly Gly Ala Gly Met Val Leu Ala Asn Asp Val Thr Thr Gly Asn
Page 91

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

450 455 460

Glu Ile Ile Ala Asp Ala His Val Leu Pro Ala Thr His Ile Lys Phe
465 470 475 480

Ser Asp Gly Gln Ile Leu Phe Ser Tyr Leu Lys Asn Thr Lys Ser Pro
485 490 495

Ala Gly Thr Ile Thr Arg Pro Glu Thr Arg Leu Gly Thr Lys Pro Ala
500 505 510

Pro Phe Met Ala Ala Phe Ser Ser Gln Gly Pro Asn Thr Val Thr Pro
515 520 525

Gly Ile Leu Lys Pro Asp Ile Thr Ala Pro Gly Val Ser Val Val Ala
530 535 540

Ala Trp Thr Arg Ala Ser Ala Pro Thr Asp Leu Ala Phe Asp Lys Arg
545 550 555 560

Arg Val Ala Phe Asn Ser Glu Ser Gly Thr Ser Met Ser Cys Pro His
565 570 575

Val Ala Gly Val Val Gly Leu Leu Arg Thr Leu Arg Pro Asp Trp Ser
580 585 590

Pro Ala Ala Ile Arg Ser Ala Leu Met Thr Thr Ala Val Glu Val Asp
595 600 605

Asn Glu Arg His Ala Ile Leu Asn Ser Ser Phe Ala Ala Ala Asn Pro
610 615 620

Phe Gly Phe Gly Ala Gly His Val Ser Pro Ala Arg Ala Met Asn Pro
625 630 635 640

Gly Leu Val Tyr Asp Leu Ala Ala Val Asp Tyr Leu Asn Phe Leu Cys
645 650 655

Ser Leu Arg Tyr Asn Ala Thr Val Met Ala Met Phe Ala Gly Gly Gly
660 665 670

Gly Ala Ala Pro Phe Arg Cys Pro Ala Ser Pro Pro Lys Val Gln Asp
675 680 685

Leu Asn Tyr Pro Ser Ile Thr Val Val Asn Leu Thr Ser Ser Ala Thr
690 695 700

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Val Arg Arg Thr Val Lys Asn Val Gly Lys Pro Gly Val Tyr Lys Ala
 705 710 715 720

Tyr Val Thr Ser Pro Ala Gly Val Arg Val Thr Val Ser Pro Asp Thr
 725 730 735

Leu Pro Phe Leu Leu Lys Gly Glu Lys Lys Thr Phe Gln Val Arg Phe
 740 745 750

Glu Val Thr Asn Ala Ser Leu Ala Met Asp Tyr Ser Phe Gly Ala Leu
 755 760 765

Val Trp Thr Asn Gly Lys Gln Phe Val Arg Ser Pro Leu Val Val Lys
 770 775 780

Thr Thr Thr Pro Thr Met Ala
 785 790

<210> 29
 <211> 799
 <212> PRT
 <213> Oryza sativa

<400> 29

Met Ala Ala Ala Ala Ile Val Val Leu Leu Val Cys Ser Leu Pro Ser
 1 5 10 15

Leu Leu Val Cys Ser Leu Pro Ser Leu Leu Val Gly Ala Ala Ala Ala
 20 25 30

Gly Gly Gly Glu Lys Gln Ser Tyr Val Val Tyr Leu Gly Glu His Ala
 35 40 45

His Gly Glu Arg Leu Gly Ala Ala Ala Ala Asp Val Asp Val Glu
 50 55 60

Ala Leu Ala Arg Gln Ala Glu Asp Ser His Cys Glu Leu Leu Ala Gly
 65 70 75 80

Val Leu Gly Asp Lys Glu Lys Ala Arg Glu Ala Ile Phe Tyr Ser Tyr
 85 90 95

Thr Arg His Ile Asn Gly Phe Ala Ala Asn Leu Asp Ala Ala Ala Ala
 100 105 110

Ala Lys Ile Ala Glu Lys Pro Gly Val Val Ser Val Phe Pro Asn Arg
 115 120 125

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Gly His Lys Leu His Thr Thr Arg Ser Trp Gln Phe Leu Gly Leu Ala
 130 135 140
 Gly Val Gly Gly Ala Pro Thr Gly Ala Ala Trp Lys Lys Ala Arg Phe
 145 150 155 160
 Gly Glu Asp Thr Ile Ile Gly Asn Leu Asp Thr Gly Val Trp Pro Glu
 165 170 175
 Ser Glu Ser Phe Arg Asp Asp Gly Leu Gly Pro Ile Pro Ser Trp Trp
 180 185 190
 Arg Gly Glu Cys Gln Lys Gly Gln Asp Asp Ala Phe Ser Cys Asn Arg
 195 200 205
 Lys Leu Ile Gly Ala Arg Phe Phe Asn Lys Gly Tyr Ala Ser Ala Val
 210 215 220
 Gly Asn Leu Asn Thr Ser Leu Phe Asp Thr Pro Arg Asp Thr Asp Gly
 225 230 235 240
 His Gly Thr His Thr Leu Ser Thr Ala Gly Gly Ala Pro Val Ala Gly
 245 250 255
 Ala Ser Val Phe Gly Tyr Gly Asn Gly Thr Ala Ser Gly Gly Ser Pro
 260 265 270
 Met Ala Arg Val Ala Ala Tyr Arg Val Cys Tyr Thr Pro Val Asn Gly
 275 280 285
 Ser Glu Cys Phe Asp Ala Asp Ile Leu Ala Ala Phe Asp Ala Ala Ile
 290 295 300
 His Asp Gly Val His Val Leu Ser Val Ser Leu Gly Gly Asp Ala Gly
 305 310 315 320
 Asp Tyr Phe Ala Asp Gly Leu Ala Ile Gly Ser Phe His Ala Val Arg
 325 330 335
 His Gly Ile Ala Val Val Cys Ser Ala Gly Asn Ser Gly Pro Ala Pro
 340 345 350
 Gly Thr Val Ser Asn Val Ala Pro Trp Leu Phe Thr Ala Ala Ala Ser
 355 360 365
 Thr Met Asp Arg Glu Phe Pro Ala Tyr Val Val Phe Asn Asp Thr Lys
 370 375 380

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Leu Lys Gly Gln Ser Leu Ser Ala Ser Ala Leu Ser Pro Ala Ser Ser
385 390 395 400

Ser Phe Pro Met Ile Asp Ser Ser Leu Ala Ala Ser Pro Asn Arg Thr
405 410 415

Gln Asn Glu Ser Gln Leu Cys Phe Leu Gly Ser Leu Asp Pro Glu Lys
420 425 430

Val Lys Gly Lys Ile Val Val Cys Leu Arg Gly Val Asn Pro Arg Val
435 440 445

Glu Lys Gly Glu Ala Val Leu Glu Ala Gly Gly Ala Gly Met Val Leu
450 455 460

Ala Asn Asp Val Thr Thr Gly Asn Glu Ile Ile Ala Asp Ala His Val
465 470 475 480

Leu Pro Ala Thr His Ile Lys Phe Ser Asp Gly Gln Ile Leu Phe Ser
485 490 495

Tyr Leu Lys Asn Thr Lys Ser Pro Ala Gly Thr Ile Thr Arg Pro Glu
500 505 510

Thr Arg Leu Gly Thr Lys Pro Ala Pro Phe Met Ala Ala Phe Ser Ser
515 520 525

Gln Gly Pro Asn Thr Val Thr Pro Gly Ile Leu Lys Pro Asp Ile Thr
530 535 540

Ala Pro Gly Val Ser Val Val Ala Ala Trp Thr Arg Ala Ser Ala Pro
545 550 555 560

Thr Asp Leu Ala Phe Asp Lys Arg Arg Val Ala Phe Asn Ser Glu Ser
565 570 575

Gly Thr Ser Met Ser Cys Pro His Val Ala Gly Val Val Gly Leu Leu
580 585 590

Arg Thr Leu Arg Pro Asp Trp Ser Pro Ala Ala Ile Arg Ser Ala Leu
595 600 605

Met Thr Thr Ala Val Glu Val Asp Asn Glu Arg His Ala Ile Leu Asn
610 615 620

Ser Ser Phe Ala Ala Ala Asn Pro Phe Gly Phe Gly Ala Gly His Val
625 630 635 640

Page 95

SEQ-ID-PCT...USSN...61663071 ...SCHROEDER...SD2012-290...ST25.txt

Ser Pro Ala Arg Ala Met Asn Pro Gly Leu Val Tyr Asp Leu Ala Ala
645 650 655

Val Asp Tyr Leu Asn Phe Leu Cys Ser Leu Ser Tyr Asn Ala Thr Val
660 665 670

Met Ala Met Phe Ala Gly Gly Gly Gly Ala Ala Pro Phe Arg Cys Pro
675 680 685

Ala Ser Pro Pro Lys Val Gln Asp Leu Asn Tyr Pro Ser Ile Thr Val
690 695 700

Val Asn Leu Thr Ser Ser Ala Thr Val Arg Arg Thr Val Lys Asn Val
705 710 715 720

Gly Lys Pro Gly Val Tyr Lys Ala Tyr Val Thr Ser Pro Ala Gly Val
725 730 735

Arg Val Thr Val Ser Pro Asp Thr Leu Pro Phe Leu Leu Lys Gly Glu
740 745 750

Lys Lys Thr Phe Gln Val Arg Phe Glu Val Thr Asn Ala Ser Leu Ala
755 760 765

Met Asp Tyr Ser Phe Gly Ala Leu Val Trp Thr Asn Gly Lys Gln Phe
770 775 780

Val Arg Ser Pro Leu Val Val Lys Thr Thr Thr Pro Thr Met Ala
785 790 795

<210> 30
<211> 805
<212> PRT
<213> Oryza sativa

<400> 30

Met Cys Ser Ser Leu Lys Asn His Pro Pro Ala Pro Leu Leu Ala Leu
1 5 10 15

Ala Leu Leu Ile Gly Ser Leu Val Leu Leu Gln Arg Pro Ala Tyr Ala
20 25 30

Glu Lys Lys Ser Phe Val Val Tyr Leu Gly Gly His Ser His Gly Arg
35 40 45

Gly Gly Ala Ala Leu Ala Ser Ser Gln Glu Arg Ala Lys Asn Ser His
50 55 60

Page 96

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

His Glu Phe Leu Gly Ser Phe Leu Gly Ser Lys Glu Lys Ala Arg Asp
65 70 75 80

Ala Ile Phe Tyr Ser Tyr Thr Lys Tyr Ile Asn Gly Phe Ala Ala Thr
85 90 95

Leu Glu Glu Glu Glu Ala Met Glu Ile Ser Lys His Pro Ser Val Ile
100 105 110

Ser Val Phe Pro Asn Arg Gly His Arg Leu His Thr Thr Arg Ser Trp
115 120 125

Glu Phe Leu Gly Met Glu Lys Asp Gly Arg Ile Arg Ala Asn Ser Ile
130 135 140

Trp Ala Lys Ala Arg Phe Gly Glu Gly Val Ile Ile Gly Asn Leu Asp
145 150 155 160

Thr Gly Val Trp Pro Glu Ala Gly Ser Phe Ser Asp Asp Gly Met Gly
165 170 175

Pro Ala Pro Val Arg Trp Arg Gly Ile Cys Gln Asp Gln Ala Ser Asp
180 185 190

Asp Ala Gln Val Pro Cys Asn Arg Lys Leu Ile Gly Ala Arg Tyr Phe
195 200 205

Asn Lys Gly Tyr Leu Ser Thr Val Gly Gln Ala Ala Asn Pro Ala Ser
210 215 220

Thr Arg Asp Thr Asp Gly His Gly Thr His Thr Leu Ser Thr Ala Ala
225 230 235 240

Gly Arg Phe Val Pro Gly Ala Asn Leu Phe Gly Tyr Gly Asn Gly Thr
245 250 255

Ala Lys Gly Gly Ala Pro Gly Ala His Val Ala Ala Tyr Lys Val Cys
260 265 270

Trp Arg Pro Val Asn Gly Ser Glu Cys Phe Asp Ala Asp Ile Ile Ala
275 280 285

Ala Phe Asp Ala Ala Ile His Asp Gly Val Asp Val Leu Ser Val Ser
290 295 300

Leu Gly Gly Ala Pro Ala Gly Tyr Leu Arg Asp Gly Val Ala Ile Gly
Page 97

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
305 310 315 320

Ser Phe His Ala Val Arg Arg Gly Val Thr Val Val Cys Ser Ala Gly
325 330 335

Asn Ser Gly Pro Gly Ala Gly Thr Val Ser Asn Thr Ala Pro Trp Leu
340 345 350

Val Thr Val Gly Ala Ser Thr Met Asp Arg Glu Phe Pro Ala Tyr Leu
355 360 365

Val Leu Gly Asn Asn Lys Lys Ile Lys Gly Gln Ser Leu Ser Pro Val
370 375 380

Arg Leu Ala Gly Gly Lys Asn Tyr Pro Leu Ile Ser Ser Glu Gln Ala
385 390 395 400

Arg Ala Ala Asn Ala Thr Ala Ser Gln Ala Arg Leu Cys Met Glu Gly
405 410 415

Ser Leu Glu Arg Gly Lys Val Glu Gly Arg Ile Val Val Cys Met Arg
420 425 430

Gly Lys Asn Ala Arg Val Glu Lys Gly Glu Ala Val Arg Arg Ala Gly
435 440 445

Gly Ala Gly Leu Val Leu Ala Asn Asp Glu Ala Thr Gly Asn Glu Met
450 455 460

Ile Ala Asp Ala His Val Leu Pro Ala Thr His Val Thr Tyr Ser Asp
465 470 475 480

Gly Val Ala Leu Leu Ala Tyr Leu Asn Ser Thr Arg Ser Pro Ser Gly
485 490 495

Phe Ile Thr Val Pro Asp Thr Ala Leu Asp Thr Lys Pro Ala Pro Phe
500 505 510

Met Ala Ala Phe Ser Ser Gln Gly Pro Asn Thr Val Thr Thr Gln Ile
515 520 525

Leu Lys Pro Asp Ile Thr Ala Pro Gly Val Ser Ile Leu Ala Ala Phe
530 535 540

Thr Gly Gln Ala Gly Pro Thr Gly Leu Ala Phe Asp Ser Arg Arg Val
545 550 555 560

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Leu Phe Asn Ala Glu Ser Gly Thr Ser Met Ser Cys Pro His Val Ala
 565 570 575

Gly Val Ala Gly Leu Leu Lys Ala Leu His Pro Asp Trp Ser Pro Ala
 580 585 590

Ala Ile Lys Ser Ala Ile Met Thr Thr Ala Arg Val Lys Asp Asn Met
 595 600 605

Arg Arg Pro Met Ser Asn Ser Ser Phe Leu Arg Ala Thr Pro Phe Ser
 610 615 620

Tyr Gly Ala Gly His Val Gln Pro Gly Arg Ala Ala Asp Pro Gly Leu
 625 630 635 640

Val Tyr Asp Met Asn Asp Thr Asp Tyr Leu Gly Phe Leu Cys Ala Leu
 645 650 655

Gly Tyr Asn Ser Ser Val Ile Ala Thr Phe Met Ala Ser Gly Ser Gly
 660 665 670

Ala Gln Pro Pro Tyr Ala Cys Pro Pro Ala Arg Arg Pro Glu Asp Leu
 675 680 685

Asn Tyr Pro Ser Phe Ala Leu Pro His Leu Ser Pro Ser Gly Ala Ala
 690 695 700

Arg Thr Val Thr Arg Arg Val Arg Asn Val Gly Ala Ala Pro Ala Ala
 705 710 715 720

Tyr Val Ala Ser Val Ala Glu Pro Arg Gly Val Ser Val Ala Val Arg
 725 730 735

Pro Ser Arg Leu Glu Phe Thr Ala Ala Gly Glu Glu Leu Glu Phe Ala
 740 745 750

Val Thr Phe Arg Ala Lys Lys Gly Ser Phe Leu Ala Gly Glu Tyr Glu
 755 760 765

Phe Gly Arg Leu Val Trp Ser Asp Ala Ala Ala Gly Gly Arg His Arg
 770 775 780

Val Arg Ser Pro Leu Val Val Arg Val Val Asp Lys Lys Gly Lys Asn
 785 790 795 800

Gly Leu Pro Ile Ser
 805

SEQ-ID=PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

<210> 31
<211> 778
<212> PRT
<213> Oryza sativa

<400> 31

```
Met Ala Thr Ser Ser Leu Leu Phe Leu Leu Val Leu Ser Ser Phe Ser
1          5          10          15

Thr Ala Ser Ala Ala Phe Thr Lys Pro Arg Gln Val Tyr Val Val Tyr
20        25        30

Leu Gly Glu His Ala Gly Ala Lys Val Glu Glu Glu Ile Leu Ala Gly
35        40        45

His His Gly Leu Leu Leu Ser Val Lys Gly Ser Glu Glu Glu Ala Arg
50        55        60

Ala Ser Leu Leu Tyr Ser Tyr Lys His Ser Leu Asn Gly Phe Ala Ala
65        70        75        80

Leu Leu Ser Glu Glu Glu Ala Thr Ala Leu Ser Ala Arg Thr Glu Val
85        90        95

Val Ser Ala Phe Pro Ser Asn Gly Arg Trp Ser Pro His Thr Thr Arg
100       105       110

Ser Trp Glu Phe Val Gly Leu Glu Glu Gly Val Arg Gly Pro Asp Asp
115       120       125

Thr Gly Arg Leu Pro Pro Gly Asp Lys Ala Gly Gly Glu Asp Val Ile
130       135       140

Val Gly Val Leu Asp Ser Gly Ile Trp Pro Glu Ser Arg Ser Phe Gly
145       150       155       160

Asp Glu Gly Leu Gly Pro Val Pro Ala Arg Trp Lys Gly Val Cys Gln
165       170       175

Gly Gly Asp Ser Phe Ser Pro Ser Ser Cys Asn Arg Lys Ile Ile Gly
180       185       190

Ala Arg Tyr Tyr Val Lys Ala Tyr Glu Ala Arg Tyr Gly Ala Val Asn
195       200       205

Thr Thr Asn Ala Tyr Arg Ser Pro Arg Asp His Asp Gly His Gly Thr
210       215       220
```

Page 100

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

His Thr Ala Ser Thr Val Ala Gly Arg Thr Val Pro Gly Val Ala Ala
225 230 235 240

Leu Gly Gly Phe Ala Pro Gly Thr Ala Ser Gly Gly Ala Pro Leu Ala
245 250 255

Arg Val Ala Val Tyr Lys Val Cys Trp Pro Ile Pro Gly Pro Asn Pro
260 265 270

Asn Ile Glu Asn Thr Cys Phe Glu Ala Asp Met Leu Ala Ala Ile Asp
275 280 285

Asp Ala Val Gly Asp Gly Val Asp Val Met Ser Val Ser Ile Gly Ser
290 295 300

Thr Gly Lys Pro Leu Pro Phe Ala Glu Asp Gly Ile Ala Val Gly Ala
305 310 315 320

Leu His Ala Ala Met Arg Gly Val Val Leu Val Cys Ser Gly Gly Asn
325 330 335

Ser Gly Pro Lys Pro Ala Thr Val Ser Asn Leu Ala Pro Trp Met Leu
340 345 350

Thr Val Ala Ala Ser Ser Ile Asp Arg Ala Phe Ile Ser Pro Ile Lys
355 360 365

Leu Gly Asn Gly Met Val Ile Met Gly Gln Thr Val Thr Pro Tyr Gln
370 375 380

Leu Pro Gly Asn Lys Pro Tyr Pro Leu Val Tyr Ala Ala Asp Ala Val
385 390 395 400

Val Pro Gly Thr Pro Ala Asn Val Ser Asn Gln Cys Leu Pro Lys Ser
405 410 415

Leu Ala Pro Glu Lys Val Arg Gly Lys Ile Val Val Cys Leu Arg Gly
420 425 430

Thr Gly Leu Arg Val Glu Lys Gly Leu Glu Val Lys Gln Ala Gly Gly
435 440 445

Ala Ala Ile Ile Leu Gly Asn Pro Pro Ala Phe Gly Gly Glu Val Pro
450 455 460

Val Asp Ala His Val Leu Pro Gly Thr Ala Val Ser Ser Val Asp Val
465 470 475 480

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Asn Ser Ile Ile Arg Tyr Ile Asn Ser Ser Ser Ser Pro Thr Ala Val
485 490 495

Leu Asp Pro Ser Arg Thr Val Val Asp Val Lys Pro Ser Pro Val Met
500 505 510

Ala Gln Phe Ser Ser Arg Gly Pro Asn Val Asn Glu Pro Asn Ile Leu
515 520 525

Lys Pro Asp Val Thr Ala Pro Gly Leu Asn Ile Leu Ala Ala Trp Ser
530 535 540

Glu Ala Ser Ser Pro Thr Lys Leu Asp Gly Asp Asn Arg Val Val Lys
545 550 555 560

Tyr Asn Ile Met Ser Gly Thr Ser Met Ser Cys Pro His Val Ser Ala
565 570 575

Thr Ala Val Leu Leu Lys Ser Ala His Pro Gly Trp Ser Ser Ala Ala
580 585 590

Ile Arg Ser Ala Ile Met Thr Thr Ala Thr Thr Ser Asn Ala Glu Gly
595 600 605

Gly Pro Met Met Asp Ala Asp Gly Thr Val Ala Gly Pro Ile Asp Tyr
610 615 620

Gly Ser Gly His Ile Arg Pro Lys His Ala Leu Asp Pro Gly Leu Val
625 630 635 640

Tyr Asp Ala Ser Tyr Gln Asp Tyr Leu Leu Phe Ala Cys Ala Ser Gly
645 650 655

Gly Ala Gln Leu Asp His Ser Leu Pro Cys Pro Ala Thr Pro Pro Pro
660 665 670

Pro Tyr Gln Leu Asn His Pro Ser Leu Ala Ile His Gly Leu Asn Gly
675 680 685

Ser Val Thr Val Gln Arg Thr Val Thr Asn Val Gly Gln Gly Ser Ala
690 695 700

Arg Tyr Ser Val Ala Val Val Glu Pro Met Gly Val Ser Val Lys Val
705 710 715 720

Ser Pro Arg Ser Leu Ser Phe Ala Arg Thr Gly Glu Lys Lys Ser Phe
Page 102

SEQ-ID-PCT...USSN...61663071 ...SCHROEDER...SD2012-290...ST25.txt
725 730 735

Arg Ile Lys Ile Glu Ala Thr Lys Gly Arg Gly Gly Trp Arg Val Asn
740 745 750

Gly Gln Phe Val Ala Gly Ser Tyr Thr Trp Ser Asp Gly Val His Val
755 760 765

Val Arg Ser Pro Leu Val Val Leu Val Ala
770 775

<210> 32
<211> 778
<212> PRT
<213> Oryza sativa

<400> 32

Met Ala Thr Ser Ser Leu Leu Phe Leu Leu Val Leu Ser Ser Phe Ser
1 5 10 15

Thr Ala Ser Ala Ala Phe Thr Lys Pro Arg Gln Val Tyr Val Val Tyr
20 25 30

Leu Gly Glu His Ala Gly Ala Lys Val Glu Glu Glu Ile Leu Ala Gly
35 40 45

His His Gly Leu Leu Leu Ser Val Lys Gly Ser Glu Glu Glu Ala Arg
50 55 60

Ala Ser Leu Leu Tyr Ser Tyr Lys His Ser Leu Asn Gly Phe Ala Ala
65 70 75 80

Leu Leu Ser Glu Glu Glu Ala Thr Ala Leu Ser Ala Arg Thr Glu Val
85 90 95

Val Ser Ala Phe Pro Ser Asn Gly Arg Trp Ser Pro His Thr Thr Arg
100 105 110

Ser Trp Glu Phe Val Gly Leu Glu Glu Gly Val Arg Gly Pro Asp Asp
115 120 125

Thr Gly Arg Leu Pro Pro Gly Asp Lys Ala Gly Gly Glu Asp Val Ile
130 135 140

Val Gly Val Leu Asp Ser Gly Ile Trp Pro Glu Ser Arg Ser Phe Gly
145 150 155 160

Asp Glu Gly Leu Gly Pro Val Pro Ala Arg Trp Lys Gly Val Cys Gln
Page 103

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071_SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
165 170 175

Gly Gly Asp Ser Phe Ser Pro Ser Ser Cys Asn Arg Lys Ile Ile Gly
180 185 190

Ala Arg Tyr Tyr Val Lys Ala Tyr Glu Ala Arg Tyr Gly Ala Val Asn
195 200 205

Thr Thr Asn Ala Tyr Arg Ser Pro Arg Asp His Asp Gly His Gly Thr
210 215 220

His Thr Ala Ser Thr Val Ala Gly Arg Thr Val Pro Gly Val Ala Ala
225 230 235 240

Leu Gly Gly Phe Ala Pro Gly Thr Ala Ser Gly Gly Ala Pro Leu Ala
245 250 255

Arg Val Ala Val Tyr Lys Val Cys Trp Pro Ile Pro Gly Pro Asn Pro
260 265 270

Asn Ile Glu Asn Thr Cys Phe Glu Ala Asp Met Leu Ala Ala Ile Asp
275 280 285

Asp Ala Val Gly Asp Gly Val Asp Val Met Ser Val Ser Ile Gly Ser
290 295 300

Thr Gly Lys Pro Leu Pro Phe Ala Glu Asp Gly Ile Ala Val Gly Ala
305 310 315 320

Leu His Ala Ala Met Arg Gly Val Val Leu Val Cys Ser Gly Gly Asn
325 330 335

Ser Gly Pro Lys Pro Ala Thr Val Ser Asn Leu Ala Pro Trp Met Leu
340 345 350

Thr Val Ala Ala Ser Ser Ile Asp Arg Ala Phe Ile Ser Pro Ile Lys
355 360 365

Leu Gly Asn Gly Met Val Ile Met Gly Gln Thr Val Thr Pro Tyr Gln
370 375 380

Leu Pro Gly Asn Lys Pro Tyr Pro Leu Val Tyr Ala Ala Asp Ala Val
385 390 395 400

Val Pro Gly Thr Pro Ala Asn Val Ser Asn Gln Cys Leu Pro Lys Ser
405 410 415

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Leu Ala Pro Glu Lys Val Arg Gly Lys Ile Val Val Cys Leu Arg Gly
 420 425 430
 Thr Gly Leu Arg Val Glu Lys Gly Leu Glu Val Lys Leu Ala Gly Gly
 435 440 445
 Ala Ala Ile Ile Leu Gly Asn Pro Pro Ala Phe Gly Gly Glu Val Pro
 450 455 460
 Val Asp Ala His Val Leu Pro Gly Thr Ala Val Ser Ser Val Asp Val
 465 470 475 480
 Asn Ala Ile Ile Arg Tyr Ile Asn Ser Ser Ser Ser Pro Thr Ala Val
 485 490 495
 Leu Asp Pro Ser Arg Thr Val Val Asp Val Lys Pro Ser Pro Val Met
 500 505 510
 Ala Gln Phe Ser Ser Arg Gly Pro Asn Val Asn Glu Pro Asn Ile Leu
 515 520 525
 Lys Pro Asp Val Thr Ala Pro Gly Leu Asn Ile Leu Ala Ala Trp Ser
 530 535 540
 Glu Ala Ser Ser Pro Thr Lys Leu Asp Gly Asp Asn Arg Val Val Lys
 545 550 555 560
 Tyr Asn Ile Met Ser Gly Thr Ser Met Ser Cys Pro His Val Ser Ala
 565 570 575
 Thr Ala Val Leu Leu Lys Ser Ala His Pro Gly Trp Ser Ser Ala Ala
 580 585 590
 Ile Arg Ser Ala Ile Met Thr Thr Ala Thr Thr Ser Asn Ala Glu Gly
 595 600 605
 Gly Pro Met Met Asp Ala Asp Gly Thr Val Ala Gly Pro Ile Asp Tyr
 610 615 620
 Gly Ser Gly His Ile Arg Pro Lys His Ala Leu Asp Pro Gly Leu Val
 625 630 635 640
 Tyr Asp Ala Ser Tyr Gln Asp Tyr Leu Leu Phe Ala Cys Ala Ser Gly
 645 650 655
 Gly Ala Gln Leu Asp His Ser Leu Pro Cys Pro Ala Thr Pro Pro Pro
 660 665 670

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Pro Tyr Gln Leu Asn His Pro Ser Leu Ala Ile His Gly Leu Asn Gly
675 680 685

Ser val Thr val Gln Arg Thr val Thr Asn val Gly Gln Gly Ser Ala
690 695 700

Arg Tyr Ser val Ala val val Glu Pro Met Gly val Ser val Lys val
705 710 715 720

Ser Pro Arg Ser Leu Ser Phe Ala Arg Thr Gly Glu Lys Lys Ser Phe
725 730 735

Arg Ile Lys Ile Glu Ala Thr Lys Gly Arg Gly Gly Trp Arg val Asn
740 745 750

Gly Gln Phe val Ala Gly Ser Tyr Thr Trp Ser Asp Gly val His val
755 760 765

val Arg Ser Pro Leu val val Leu val Ala
770 775

<210> 33
<211> 765
<212> PRT
<213> Oryza sativa

<400> 33

Met Met Arg Leu Leu Leu val Ala val Ala val Ala Met Ala Ala val
1 5 10 15

val val Ala Ala Glu Glu Arg Ala Thr Tyr Ile val His Met Ala Lys
20 25 30

Ser Ala Met Pro Ala Glu Tyr Gly Asp Asp His Gly Glu Trp Tyr Gly
35 40 45

Ala Ser Leu Arg Ser val Ser Gly Ala Gly Lys Met Leu Tyr Ala Tyr
50 55 60

Asp Thr val Leu His Gly Phe Ser Ala Arg Leu Thr Ala Arg Glu Ala
65 70 75 80

Arg Asp Met Ala Ala Met Asp Gly val Leu Ala val Asn Pro Glu Ala
85 90 95

Arg Tyr Glu Leu His Thr Thr Arg Thr Pro Glu Phe Leu Gly Ile Ala
100 105 110

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Gly Asn Asp Gly Leu Phe Pro Gln Ser Gly Thr Ala Gly Asp Val Val
115 120 125

Val Gly Val Leu Asp Thr Gly Val Trp Pro Glu Ser Arg Ser Tyr Asp
130 135 140

Asp Ala Gly Leu Gly Glu Val Pro Ser Trp Trp Lys Gly Glu Cys Met
145 150 155 160

Ala Gly Thr Gly Phe Asn Ser Ser Ala Cys Asn Arg Lys Leu Val Gly
165 170 175

Ala Arg Phe Phe Asn Arg Gly Tyr Glu Ala Ala Met Gly Pro Met Asp
180 185 190

Thr Thr Arg Glu Ser Arg Ser Pro Arg Asp Asp Asp Gly His Gly Thr
195 200 205

His Thr Ser Ser Thr Ala Ala Gly Ala Ala Val Ser Gly Ala Ser Leu
210 215 220

Leu Gly Phe Ala Ser Gly Thr Ala Arg Gly Met Ala Pro Arg Ala Arg
225 230 235 240

Val Ala Val Tyr Lys Val Cys Trp Leu Gly Gly Cys Phe Ser Ser Asp
245 250 255

Ile Leu Ala Gly Met Asp Ala Ala Val Ala Asp Gly Cys Gly Val Leu
260 265 270

Ser Leu Ser Leu Gly Gly Gly Ala Ala Asp Tyr Ala Arg Asp Ser Val
275 280 285

Ala Ile Gly Ala Phe Ala Ala Met Glu Gln Asn Val Leu Val Ser Cys
290 295 300

Ser Ala Gly Asn Ala Gly Pro Gly Thr Ser Thr Leu Ser Asn Val Ala
305 310 315 320

Pro Trp Ile Thr Thr Val Gly Ala Gly Thr Leu Asp Arg Asp Phe Pro
325 330 335

Ala Tyr Val Ser Leu Gly Asn Gly Lys Asn Tyr Thr Gly Val Ser Leu
340 345 350

Tyr Ala Gly Lys Ala Leu Pro Ser Thr Pro Leu Pro Ile Val Tyr Ala
355 360 365

SEQ-ID-PCT...USSN...61663071 ...SCHROEDER...SD2012-290...ST25.txt

Ala Asn Ala Ser Asn Ser Thr Ala Gly Asn Leu Cys Met Pro Gly Thr
370 375 380

Leu Thr Pro Glu Lys Val Ala Gly Lys Ile Val Val Cys Asp Arg Gly
385 390 395 400

Val Ser Ala Arg Val Gln Lys Gly Phe Val Val Arg Asp Ala Gly Gly
405 410 415

Ala Gly Met Val Leu Ser Asn Thr Ala Thr Asn Gly Glu Glu Leu Val
420 425 430

Ala Asp Ala His Leu Leu Pro Ala Ala Gly Val Gly Ala Lys Glu Gly
435 440 445

Ala Ala Ile Lys Ala Tyr Val Ala Ser Asp Pro Ser Pro Thr Ala Thr
450 455 460

Ile Val Val Ala Gly Thr Gln Val Asp Val Arg Pro Ser Pro Val Val
465 470 475 480

Ala Ala Phe Ser Ser Arg Gly Pro Asn Met Leu Thr Pro Glu Ile Leu
485 490 495

Lys Pro Asp Ile Ile Ala Pro Gly Val Asn Ile Leu Ala Ala Trp Thr
500 505 510

Gly Lys Ala Gly Pro Thr Gly Ile Ala Ala Asp Thr Arg Arg Val Ala
515 520 525

Phe Asn Ile Ile Ser Gly Thr Ser Met Ser Cys Pro His Val Ser Gly
530 535 540

Leu Ala Ala Leu Leu Arg Ser Ala His Pro Glu Trp Ser Pro Ala Ala
545 550 555 560

Val Arg Ser Ala Leu Met Thr Thr Ala Tyr Ser Thr Tyr Ala Gly Ala
565 570 575

Gly Asp Ala Asn Pro Leu Leu Asp Ala Ala Thr Gly Ala Pro Ala Thr
580 585 590

Pro Phe Asp Tyr Gly Ala Gly His Val Asp Pro Ala Ser Ala Val Asp
595 600 605

Pro Gly Leu Val Tyr Asp Leu Gly Thr Ala Asp Tyr Val Asp Phe Leu
Page 108

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

610 615 620

Cys Ala Leu Asn Tyr Thr Ser Thr Met Ile Ala Ala Val Ala Arg Ser
625 630 635 640

Lys Ser Tyr Gly Cys Thr Glu Gly Lys Ala Tyr Ser Val Tyr Asn Leu
645 650 655

Asn Tyr Pro Ser Phe Ala Val Ala Tyr Ser Thr Ala Ser Ser Gln Ala
660 665 670

Ala Glu Ser Ser Gly Ala Ala Ala Thr Thr Val Thr His Arg Arg Thr
675 680 685

Leu Thr Asn Val Gly Ala Ala Gly Thr Tyr Lys Val Ser Ala Ala Ala
690 695 700

Met Pro Gly Val Ala Val Ala Val Glu Pro Thr Glu Leu Ala Phe Thr
705 710 715 720

Ser Ala Gly Glu Lys Lys Ser Tyr Thr Val Ser Phe Thr Ala Lys Ser
725 730 735

Gln Pro Ser Gly Thr Ala Gly Phe Gly Arg Leu Val Trp Ser Asp Gly
740 745 750

Lys His Ser Val Ala Ser Pro Met Ala Phe Thr Trp Thr
755 760 765

<210> 34
<211> 800
<212> PRT
<213> Oryza sativa

<400> 34

Met Gly Leu Lys His Thr Ser Asn Leu Lys Ser Ala Ser Cys Gln Asp
1 5 10 15

Arg Asp Asn Met Ile Phe Leu Val Phe Tyr Val Phe Val Val Leu Leu
20 25 30

Gly Glu Phe Cys Ser Ser Cys Ser Cys Ala Gln Val Tyr Val Val Tyr
35 40 45

Met Gly Lys Gly Leu Gln Gly Ser Thr Glu Asn Arg His Asp Arg Leu
50 55 60

Arg Leu His His Gln Met Leu Thr Ala Val His Asp Gly Ser Leu Thr
Page 109

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
65 70 75 80
Asn Trp Met Leu Gly Leu Ser Met Glu Lys Ala Glu Ala Ser His Val
85 90 95
Tyr Thr Tyr Ser Asn Gly Phe Gln Gly Phe Ala Ala Lys Leu Asn Lys
100 105 110
Gln Gln Ala Met Lys Leu Ala Asn Met Pro Gly Val Ile Ser Val Phe
115 120 125
Pro Asn Thr Lys Arg Ser Leu His Thr Thr His Ser Trp Asp Phe Met
130 135 140
Gly Leu Ser Val Asp Ala Ala Ala Glu Leu Pro Glu Leu Ser Ser Lys
145 150 155 160
Asn Gln Glu Asn Val Ile Ile Gly Phe Ile Asp Thr Gly Ile Trp Pro
165 170 175
Glu Ser Pro Ser Phe Arg Asp His Gly Met Pro Pro Val Pro Thr Arg
180 185 190
Trp Arg Gly Gln Cys Gln Arg Gly Glu Ala Asn Ser Pro Ser Asn Phe
195 200 205
Thr Cys Asn Arg Lys Ile Ile Gly Gly Arg Tyr Tyr Leu Arg Gly Tyr
210 215 220
Gln Thr Glu Glu Ser Gly Gln Ser Arg Ser Ala Ile Lys Phe Ile Ser
225 230 235 240
Pro Arg Asp Ser Ser Gly His Gly Ser His Thr Ala Ser Ile Ala Ala
245 250 255
Gly Arg Phe Val Arg Asn Met Asn Tyr Arg Gly Leu Gly Thr Gly Gly
260 265 270
Gly Arg Gly Gly Ala Pro Met Ala Arg Ile Ala Ala Tyr Lys Thr Cys
275 280 285
Trp Asp Lys Gly Cys Tyr Asp Ala Asp Ile Leu Ala Ala Phe Asp Asp
290 295 300
Ala Ile Ala Asp Gly Val Asp Ile Ile Ser Val Ser Leu Gly Pro Asp
305 310 315 320

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
Tyr Pro Gln Gly Gly Tyr Phe Thr Asp Ala Ile Ser Ile Gly Ser Phe
325 330 335
His Ala Thr Ser Asn Gly Ile Leu Val Val Ser Ser Ala Gly Asn Ala
340 345 350
Gly Arg Lys Gly Ser Ala Thr Asn Leu Ala Pro Trp Ile Leu Thr Val
355 360 365
Ala Ala Gly Thr Thr Asp Arg Ser Phe Pro Ser Tyr Ile Arg Leu Ala
370 375 380
Asn Gly Thr Leu Ile Met Gly Glu Ser Leu Ser Thr Tyr His Met His
385 390 395 400
Thr Ser Val Arg Thr Ile Ser Ala Ser Glu Ala Asn Ala Ser Ser Phe
405 410 415
Thr Pro Tyr Gln Ser Ser Phe Cys Leu Asp Ser Ser Leu Asn Arg Thr
420 425 430
Lys Ala Arg Gly Lys Ile Leu Ile Cys His Arg Ala Lys Gly Ser Ser
435 440 445
Asp Ser Arg Val Ser Lys Ser Met Val Val Lys Glu Ala Gly Ala Leu
450 455 460
Gly Met Ile Leu Ile Asp Glu Met Glu Asp His Val Ala Asn His Phe
465 470 475 480
Ala Leu Pro Ala Thr Val Val Gly Lys Ala Thr Gly Asp Lys Ile Leu
485 490 495
Ser Tyr Ile Ser Ser Ile Arg Phe Ser Ala Lys Tyr Cys Ser Tyr Phe
500 505 510
Gln Lys Gly Cys Gly Ser Thr Met Ile Leu Pro Ala Lys Thr Ile Leu
515 520 525
Gly Ser Arg Asp Ala Pro Arg Val Ala Ala Phe Ser Ser Arg Gly Pro
530 535 540
Asn Ser Leu Thr Pro Glu Ile Leu Lys Pro Asp Ile Ala Ala Pro Gly
545 550 555 560
Leu Asn Ile Leu Ala Ala Trp Ser Pro Ala Lys Glu Asp Lys His Phe
565 570 575

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

Asn Ile Leu Ser Gly Thr Ser Met Ala Cys Pro His Val Thr Gly Ile
580                               585                               590

Ala Ala Leu Val Lys Gly Ala Tyr Pro Ser Trp Ser Pro Ser Ala Ile
595                               600                               605

Lys Ser Ala Ile Met Thr Thr Ala Asn Val Leu Gly Asn Lys Arg Asn
610                               615                               620

Ala Ile Ala Thr Asp Pro Asn Gly Arg Thr Ala Thr Pro Phe Asp Phe
625                               630                               635                               640

Gly Ser Gly Phe Ala Asp Pro Ile Lys Ala Leu Asn Pro Gly Ile Ile
645                               650                               655

Phe Asp Ala His Pro Glu Asp Tyr Lys Ser Phe Leu Cys Ser Ile Gly
660                               665                               670

Tyr Asp Asp His Ser Leu His Leu Ile Thr Gln Asp Asn Ser Ser Cys
675                               680                               685

Thr Asp Arg Ala Pro Ser Ser Ala Ala Ala Leu Asn Tyr Pro Ser Ile
690                               695                               700

Thr Ile Pro Asn Leu Lys Lys Ser Tyr Ser Val Thr Arg Thr Met Thr
705                               710                               715                               720

Asn Val Gly Phe Arg Gly Ser Ala Tyr His Ala Phe Val Ser Ala Pro
725                               730                               735

Leu Gly Ile Asn Val Thr Val Thr Pro Lys Val Leu Val Phe Glu Asn
740                               745                               750

Tyr Gly Ala Lys Lys Thr Phe Thr Val Asn Phe His Val Asp Val Pro
755                               760                               765

Gln Arg Asp His Val Phe Gly Ser Leu Leu Trp His Gly Lys Asp Ala
770                               775                               780

Arg Leu Met Met Pro Leu Val Val Lys Val Asp Thr Ala Ala Lys Ala
785                               790                               795                               800

```

```

<210> 35
<211> 1009
<212> PRT
<213> Oryza sativa
<400> 35

```

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

Met Glu Ile Ala Thr Tyr Arg Phe Lys Asp Gln Arg Thr Ser Arg Ile
1      5      10      15

Ile Ser Arg Thr Pro Met Glu Val Ala Val Arg Glu Ile Ala Thr Tyr
20     25     30

Arg Phe Glu Asp Gln Arg Thr Ser Arg Ile Ile Ser Arg Thr Pro Met
35     40     45

Glu Val Ala Val Arg Lys Ile Ala Thr Tyr Trp Phe Glu Asn Gln Arg
50     55     60

Ala Ser Arg Ile Phe Ser Arg Thr Pro Met Glu Val Ala Val Arg Glu
65     70     75     80

Ile Ala Thr His Trp Phe Glu Asn Gln Arg Ala Ser Arg Ile Ile Ser
85     90     95

Arg Thr Pro Met Glu Val Ala Val Arg Glu Ile Ala Thr Tyr Trp Phe
100    105    110

Glu Asn Gln Arg Ala Ser Arg Ile Ile Ser Arg Thr Pro Met Glu Asn
115    120    125

Tyr Gly Cys Leu Ser Leu Ser Gly Thr Pro Pro Ile Ser Ala Gly Cys
130    135    140

Phe Arg Ile Gly His Gly Trp Glu Lys Arg Ala Val Ala Arg Ala Leu
145    150    155    160

Lys Gln Arg Tyr Thr Leu Arg Arg Phe Ser Arg Ala Phe Trp Asn Leu
165    170    175

Glu Gly Ile Ser Phe Ser Leu Val Ser Gln Glu Asn Ser Glu His Pro
180    185    190

Phe Phe Arg Lys Ser Gly Asn Leu His Gly Ser Gln Thr His Ile Glu
195    200    205

Pro Glu Lys Cys Gln Leu Pro Gly Lys Cys Ala Thr His Glu Asp Glu
210    215    220

Asp Arg Asp Asn Met Ile Phe Leu Val Phe Tyr Val Phe Val Val Leu
225    230    235    240

Leu Gly Glu Phe Cys Ser Ser Cys Ser Cys Ala Gln Val Tyr Val Val
245    250    255

```

Page 113

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Tyr Met Gly Lys Gly Leu Gln Gly Ser Thr Glu Asn Arg His Asp Met
260 265 270

Leu Arg Leu His His Gln Met Leu Thr Ala Val His Asp Gly Ser Leu
275 280 285

Thr Asn Trp Met Leu Gly Leu Ser Met Glu Lys Ala Glu Ala Ser His
290 295 300

Val Tyr Thr Tyr Ser Asn Gly Phe Gln Gly Phe Ala Ala Lys Leu Asn
305 310 315 320

Lys Gln Gln Ala Met Lys Leu Ala Asn Met Pro Gly Val Ile Ser Val
325 330 335

Phe Pro Asn Thr Lys Arg Ser Leu His Thr Thr His Ser Trp Asp Phe
340 345 350

Met Gly Leu Ser Val Asp Ala Ala Glu Leu Pro Glu Leu Ser Ser
355 360 365

Lys Asn Gln Glu Asn Val Ile Ile Gly Phe Ile Asp Thr Gly Ile Trp
370 375 380

Pro Glu Ser Pro Ser Phe Arg Asp His Gly Met Pro Pro Val Pro Thr
385 390 395 400

Arg Trp Arg Gly Gln Cys Gln Arg Gly Glu Ala Asn Ser Pro Ser Asn
405 410 415

Phe Thr Cys Asn Arg Lys Ile Ile Gly Gly Arg Tyr Tyr Leu Arg Gly
420 425 430

Tyr Gln Thr Glu Glu Ser Gly Gln Ser Arg Ser Ala Ile Lys Phe Ile
435 440 445

Ser Pro Arg Asp Ser Ser Gly His Gly Ser His Thr Ala Ser Ile Ala
450 455 460

Ala Gly Arg Phe Val Arg Asn Met Asn Tyr Arg Gly Leu Gly Thr Gly
465 470 475 480

Gly Gly Arg Gly Gly Ala Pro Met Ala Arg Ile Ala Ala Tyr Lys Thr
485 490 495

Cys Trp Asp Ser Gly Cys Tyr Asp Ala Asp Ile Leu Ala Ala Phe Asp
Page 114

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
500 505 510

Asp Ala Ile Ala Asp Gly Val Asp Ile Ile Ser Val Ser Leu Gly Pro
515 520 525

Asp Tyr Pro Gln Gly Gly Tyr Phe Thr Asp Ala Ile Ser Ile Gly Ser
530 535 540

Phe His Ala Thr Ser Asn Gly Ile Leu Val Val Ser Ser Ala Gly Asn
545 550 555 560

Ala Gly Arg Lys Gly Ser Ala Thr Asn Leu Ala Pro Trp Ile Leu Thr
565 570 575

Val Ala Ala Gly Thr Thr Asp Arg Ser Phe Pro Ser Tyr Ile Arg Leu
580 585 590

Ala Asn Gly Thr Leu Ile Met Gly Glu Ser Leu Ser Thr Tyr His Met
595 600 605

His Thr Ser Val Arg Thr Ile Ser Ala Ser Glu Ala Asn Ala Ser Ser
610 615 620

Phe Thr Pro Tyr Gln Ser Ser Phe Cys Leu Asp Ser Ser Leu Asn Arg
625 630 635 640

Thr Lys Ala Arg Gly Lys Ile Leu Ile Cys His Arg Ala Lys Gly Ser
645 650 655

Ser Asp Ser Arg Val Ser Lys Ser Met Val Val Lys Glu Ala Gly Ala
660 665 670

Leu Gly Met Ile Leu Ile Asp Glu Met Glu Asp His Val Ala Asn His
675 680 685

Phe Ala Leu Pro Ala Thr Val Val Gly Lys Ala Thr Gly Asp Lys Ile
690 695 700

Leu Ser Tyr Ile Ser Ser Thr Arg Phe Ser Ala Lys Tyr Cys Ser Tyr
705 710 715 720

Phe Gln Lys Gly Cys Gly Ser Thr Met Ile Leu Pro Ala Lys Thr Ile
725 730 735

Leu Gly Ser Arg Asp Ala Pro Arg Val Ala Ala Phe Ser Ser Arg Gly
740 745 750

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 ...SCHROEDER_SD2012-290...ST25.txt
 Pro Asn Ser Leu Thr Pro Glu Ile Leu Lys Pro Asp Ile Ala Ala Pro
 755 760 765

Gly Leu Asn Ile Leu Ala Ala Trp Ser Pro Ala Lys Glu Asp Lys His
 770 775 780

Phe Asn Ile Leu Ser Gly Thr Ser Met Ala Cys Pro His Val Thr Gly
 785 790 795 800

Ile Ala Ala Leu Val Lys Gly Ala Tyr Pro Ser Trp Ser Pro Ser Ala
 805 810 815

Ile Lys Ser Ala Ile Met Thr Thr Ala Thr Val Leu Gly Asn Lys Arg
 820 825 830

Asn Ala Ile Ala Thr Asp Pro Asn Gly Arg Thr Ala Thr Pro Phe Asp
 835 840 845

Phe Gly Ser Gly Phe Ala Asp Pro Ile Lys Ala Leu Asn Pro Gly Ile
 850 855 860

Ile Phe Asp Ala His Pro Glu Asp Tyr Lys Ser Phe Leu Cys Ser Ile
 865 870 875 880

Gly Tyr Asp Asp His Ser Leu His Leu Ile Thr Gln Asp Asn Ser Ser
 885 890 895

Cys Thr Asp Arg Ala Pro Ser Ser Ala Ala Ala Leu Asn Tyr Pro Ser
 900 905 910

Ile Thr Ile Pro Asn Leu Lys Lys Ser Tyr Ser Val Thr Arg Thr Met
 915 920 925

Thr Asn Val Gly Phe Arg Gly Ser Ala Tyr His Ala Phe Val Ser Ala
 930 935 940

Pro Leu Gly Ile Asn Val Thr Val Thr Pro Lys Val Leu Val Phe Glu
 945 950 955 960

Asn Tyr Gly Ala Lys Lys Thr Phe Thr Val Asn Phe His Val Asp Val
 965 970 975

Pro Gln Arg Asp His Val Phe Gly Ser Leu Leu Trp His Gly Lys Asp
 980 985 990

Ala Arg Leu Met Met Pro Leu Val Val Lys Val Asp Thr Ala Ala Lys
 995 1000 1005

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Ala

```

<210> 36
<211> 764
<212> PRT
<213> Oryza sativa
<400> 36
Met Trp Arg His Gly Glu Arg Cys Val Ile Leu Ala Val Ala Ala Val
1      5      10
Ala Leu Val Ala Ala Ala Thr Ala Thr Ala Ala Ala Ala Val Gly Gly
20     25
Glu Arg Arg Thr Tyr Ile Val His Met Ser Arg Ser Ala Lys Pro Asn
35     40     45
Asp Phe Val Glu His Gly Glu Trp Tyr Ala Ala Ser Leu Gln Ser Val
50     55     60
Ser Asp Ala Ala Thr Val Leu Tyr Thr Tyr Asp Thr Ile Val His Gly
65     70     75     80
Tyr Ser Ala Arg Leu Thr Arg Ala Glu Ala Glu Ala Leu Glu Ser Gln
85     90     95
Pro Gly Val Leu Leu Val Asn Pro Glu Val Arg Tyr Glu Leu His Thr
100    105    110
Thr Arg Thr Pro Glu Phe Leu Gly Leu Asp Arg Thr Asp Ala Leu Phe
115    120    125
Pro Gln Ser Asn Thr Gly Ser Asp Val Ile Val Gly Val Leu Asp Thr
130    135    140
Gly Val Trp Pro Glu Arg Pro Ser Tyr Asp Asp Ala Gly Leu Gly Pro
145    150    155    160
Val Pro Ala Gly Trp Lys Gly Lys Cys Glu Glu Gly Asn Asp Phe Asn
165    170    175
Ala Ser Ala Cys Asn Lys Lys Leu Ile Gly Ala Arg Phe Phe Leu Thr
180    185    190
Gly Tyr Glu Ala Ala Lys Gly Pro Val Asp Thr Ser Lys Glu Ser Arg
195    200    205

```

Page 117

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

Ser Pro Arg Asp Asn Asp Gly His Gly Thr His Thr Ser Ser Thr Ala
 210                215                220

Ala Gly Ser Ala Val Arg Gly Ala Asp Leu Leu Gly Tyr Ala Ala Gly
 225                230                235

Thr Ala Lys Gly Met Ala Pro His Ala Arg Val Ala Thr Tyr Lys Val
 245                250                255

Cys Trp Val Gly Gly Cys Phe Ser Ser Asp Ile Leu Lys Ala Met Glu
 260                265                270

Val Ala Val Asn Asp Gly Val Asp Val Leu Ser Leu Ser Leu Gly Gly
 275                280                285

Gly Thr Ala Asp Tyr Tyr Arg Asp Ser Ile Ala Val Gly Ala Tyr Ser
 290                295                300

Ala Met Glu Arg Gly Ile Phe Val Ser Cys Ser Ala Gly Asn Ala Gly
 305                310                315

Pro Gly Ser Ala Thr Leu Ser Asn Gly Ala Pro Trp Ile Thr Thr Val
 325                330                335

Gly Ala Gly Thr Leu Asp Arg Asp Phe Pro Ala His Val Val Leu Gly
 340                345                350

Asn Gly Lys Asn Tyr Ser Gly Val Ser Leu Tyr Ser Gly Lys Gln Leu
 355                360                365

Pro Thr Thr Pro Val Pro Phe Ile Tyr Ala Gly Asn Ala Ser Asn Ser
 370                375                380

Ser Met Gly Ala Leu Cys Met Ser Gly Ser Leu Ile Pro Glu Lys Val
 385                390                395

Ala Gly Lys Ile Val Leu Cys Asp Arg Gly Thr Asn Ala Arg Val Gln
 405                410                415

Lys Gly Phe Val Val Lys Asp Ala Gly Gly Ala Gly Met Val Leu Ala
 420                425                430

Asn Thr Ala Ala Asn Gly Glu Glu Leu Val Ala Asp Ala His Val Leu
 435                440                445

Pro Gly Ala Gly Val Gly Gln Lys Ala Gly Asp Thr Met Arg Ala Tyr
 450                455                460

```

Page 118

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Ala Leu Ser Asp Pro Asn Pro Thr Ala Ser Ile val Phe Ala Gly Thr
465 470 475 480

Gln val Gly Ile Gln Pro Ser Pro val val Ala Ala Phe Ser Ser Arg
485 490 495

Gly Pro Asn Thr Val Thr Pro Gly Ile Leu Lys Pro Asp Leu Ile Ala
500 505 510

Pro Gly val Asn Ile Leu Ala Ala Trp Ser Gly Ser val Gly Pro Ser
515 520 525

Gly Leu Ala Gly Asp Ser Arg Arg val Gly Phe Asn Ile Ile Ser Gly
530 535 540

Thr Ser Met Ser Cys Pro His Val Ser Gly Leu Ala Ala Leu Leu Arg
545 550 555 560

Ala Ala His Gln Asp Trp Ser Pro Ala Ala Ile Arg Ser Ala Leu Met
565 570 575

Thr Thr Ser Tyr Asn Gly Tyr Pro Asn Gly Asn Gly Ile Leu Asp Val
580 585 590

Ala Thr Gly Leu Pro Ala Thr Pro Leu Asp Val Gly Ala Gly His Val
595 600 605

Asp Pro Ser Lys Ala val Asp Pro Gly Leu val Tyr Asp Ile Ala Ala
610 615 620

Ala Asp Tyr val Asp Phe Leu Cys Ala Ile Ser Tyr Gly Pro Met Gln
625 630 635 640

Ile Ala Ala Leu Thr Lys His Thr Thr Asp Ala Cys Ser Gly Asn Arg
645 650 655

Thr Tyr Ala val Thr Ala Leu Asn Tyr Pro Ser Phe Ser val Thr Phe
660 665 670

Pro Ala Thr Gly Gly Thr Glu Lys His Thr Arg Thr val Thr Asn val
675 680 685

Gly Gln Pro Gly Thr Tyr Lys val Thr Ala Ser Ala Ala Ala Gly Ser
690 695 700

Thr Pro val Thr val Ser val Glu Pro Ser Thr Leu Thr Phe Thr Lys
Page 119

705 SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 ...SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
710 715 720

Ser Gly Glu Lys Gln Ser Tyr Thr Val Ser Phe Ala Ala Ala Ala Met
725 730 735

Pro Ser Gly Thr Asn Gly Phe Gly Arg Leu Val Trp Ser Ser Asp His
740 745 750

His Val Val Ser Ser Pro Ile Ala Val Thr Trp Thr
755 760

<210> 37
<211> 762
<212> PRT
<213> Oryza sativa

<400> 37

Met Ala Ser Ser Arg Leu Phe Leu Ala Ala Ala Leu Leu Glu Thr Asn
1 5 10 15

Trp Pro Tyr Ile Val Tyr Leu Gly Ser His Pro Tyr Gly Pro Asp Ala
20 25 30

Ser Ala Glu Glu His Ala Arg Ala Thr Gln Ser His His Asp Leu Leu
35 40 45

Gly Ser Val Leu Gly Ser Lys Gln Leu Ala Lys Asp Ala Ile Leu Tyr
50 55 60

Ser Tyr Thr Lys Asn Ile Asn Gly Phe Ala Ala His Leu Glu Glu Glu
65 70 75 80

Val Ala Thr Gln Ile Ala Arg His Pro Asp Val Val Thr Val Met Ala
85 90 95

Ser Thr Met Leu Lys Leu His Thr Thr Arg Ser Trp Asp Phe Met Asp
100 105 110

Met Glu Arg Asp Gly Gln Ile Leu Pro Asp Ser Ile Trp Lys His Gly
115 120 125

Arg Phe Gly Gln Asp Val Ile Ile Ala Asn Leu Asp Ser Gly Val Trp
130 135 140

Pro Glu Ser Asn Ser Phe Thr Asp Glu Glu Val Val Gly Glu Val Pro
145 150 155 160

Lys Arg Trp Lys Gly Ser Cys Ser Asp Thr Ala Lys Tyr Gly Val Ser
Page 120

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
165 170 175

Cys Asn Lys Lys Leu Ile Gly Ala Arg Tyr Phe Asn Lys Asp Met Leu
180 185 190

Leu Ser Asn Pro Gly Ala Val Asp Gly Asn Trp Ser Arg Asp Thr Glu
195 200 205

Gly His Gly Thr His Thr Leu Ser Thr Ala Gly Gly Arg Phe Val Pro
210 215 220

Arg Ala Ser Leu Phe Gly Tyr Ala Asn Gly Thr Ala Lys Gly Gly Ala
225 230 235 240

Pro Arg Ala Arg Val Ala Ala Tyr Lys Val Cys Trp Ser Gly Glu Cys
245 250 255

Ala Ala Ala Asp Val Leu Ala Gly Phe Glu Ala Ala Ile His Asp Gly
260 265 270

Ala Asp Val Ile Ser Val Ser Phe Gly Gln Asp Ala Pro Val Ala Thr
275 280 285

Val Ala Ser Phe Leu Gln Glu Pro Val Thr Leu Gly Ser Leu His Ala
290 295 300

Ala Met Asn Gly Val Ser Val Val Cys Ser Ala Gly Asn Ser Gly Pro
305 310 315 320

Leu Glu Asp Thr Val Val Asn Ala Ala Pro Trp Val Thr Thr Val Ala
325 330 335

Ala Ser Thr Val Asp Arg Asp Phe Pro Asn Val Val Thr Leu Gly Asn
340 345 350

Asn Ala His Met Thr Gly Met Ser Leu Glu Thr Thr Thr Leu His Ser
355 360 365

Thr Gln Leu Tyr Ser Met Ile Lys Ala Ser Asp Ala Ala Leu Ala Ser
370 375 380

Ser Asp Pro Ala Val Ala Ser Thr Cys Pro Pro Gly Thr Leu Asp Pro
385 390 395 400

Glu Lys Val Lys Asn Lys Ile Val Val Cys Val Arg Gly Gly Asp Ile
405 410 415

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
Pro Arg Val Thr Lys Gly Met Thr Val Leu Asn Ala Gly Gly Thr Gly
420 425 430
Met Ile Leu Ala Asn Gly Glu Met Asp Gly Asp Asp Ile Val Ala Asp
435 440 445
Pro His Val Leu Pro Ala Thr Met Ile Thr Tyr Ser Glu Ala Met Ser
450 455 460
Leu Tyr Lys Tyr Met Asp Ser Ser Lys Asn Pro Val Ala Asn Ile Ser
465 470 475 480
Pro Ser Lys Thr Glu Val Gly Val Lys Asn Ser Pro Ser Val Ala Ala
485 490 495
Phe Ser Ser Arg Gly Pro Ser Gly Thr Leu Pro Cys Val Leu Lys Pro
500 505 510
Asp Ile Ala Ala Pro Gly Val Asp Ile Leu Ala Ala Phe Thr Glu Tyr
515 520 525
Val Ser Pro Thr Glu Val Pro Asn Asp Glu Arg Arg Ser Glu Tyr Ala
530 535 540
Ile Leu Ser Gly Thr Ser Met Ala Cys Pro His Ile Ser Gly Val Ile
545 550 555 560
Gly Leu Leu Lys Ala Ala Arg Pro Glu Trp Ser Pro Ala Ala Met Arg
565 570 575
Ser Ala Ile Met Thr Thr Ala Arg Thr Gln Asp Asn Thr Gly Ala Pro
580 585 590
Met Arg Asp His Asp Gly Arg Glu Ala Thr Ala Phe Ala Phe Gly Ala
595 600 605
Gly Asn Ile His Pro Asn Arg Ala Val Asp Pro Gly Leu Val Tyr Asp
610 615 620
Leu Ser Lys Glu Asp Tyr Phe Val Phe Leu Cys Ser Met Gly Phe Asn
625 630 635 640
Ser Ser Asp Leu Ala Lys Leu Ser Ala Gly Asn Phe Thr Cys Pro Glu
645 650 655
Lys Val Pro Pro Met Glu Asp Leu Asn Tyr Pro Ser Ile Val Val Pro
660 665 670

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Ala Leu Arg His Thr Ser Thr Val Ala Arg Arg Leu Lys Cys Val Gly
675 680 685

Arg Pro Ala Thr Tyr Arg Ala Thr Trp Arg Ala Pro Tyr Gly Val Asn
690 695 700

Met Thr Val Glu Pro Ala Ala Leu Glu Phe Gly Lys Asp Gly Glu Val
705 710 715 720

Lys Glu Phe Lys Val Thr Phe Lys Ser Glu Lys Asp Lys Leu Gly Lys
725 730 735

Gly Tyr Val Phe Gly Arg Leu Val Trp Ser Asp Gly Thr His His Val
740 745 750

Arg Ser Pro Val Val Val Asn Ala Leu Asp
755 760

<210> 38
<211> 780
<212> PRT
<213> Oryza sativa

<400> 38

Met Ala Ala Ala Pro His Cys Leu Leu Leu Leu Val Leu Ile Pro
1 5 10 15

Thr Leu Leu Arg Gly Val Val Gly Gly Ser Gly Ala Gly Gly Glu Ala
20 25 30

Arg Lys Thr Tyr Ile Phe Arg Val Asp His Ser Ala Lys Pro Ser Val
35 40 45

Phe Pro Ser His Ala His Trp Tyr Ser Ser Ala Ala Phe Ala Ser Gly
50 55 60

Ala Asp Gly Ala Pro Leu Glu Pro Leu His Val Tyr Asp Thr Val Phe
65 70 75 80

His Gly Phe Ala Ala Ser Val Pro Ala Ser Arg Ala Asp Ala Leu Arg
85 90 95

Arg His Pro Ala Val Leu Ala Ala Phe Glu Asp Gln Val Arg Thr Leu
100 105 110

His Thr Thr Arg Ser Pro Gln Phe Leu Gly Leu Arg Ala Arg Leu Gly
115 120 125

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

Leu Trp Ser Leu Ala Asp Tyr Gly Ser Asp val val val Gly val Leu
 130                      135                      140

Asp Thr Gly val Trp Pro Glu Arg Arg Ser Leu Ser Asp Arg Asn Leu
 145                      150                      155                      160

Pro Pro val Pro Ser Arg Trp Arg Gly Gly Cys Asp Ala Gly Pro Gly
                      165                      170                      175

Phe Pro Ala Ser Ser Cys Asn Arg Lys Leu val Gly Ala Arg Phe Phe
                      180                      185                      190

Ser Gln Gly His Ala Ala His Tyr Gly Leu Ala Ala Thr Ala Ser Asn
 195                      200                      205

Gly Ser val Glu Phe Met Ser Pro Arg Asp Ala Asp Gly His Gly Thr
 210                      215                      220

His Thr Ala Thr Thr Ala Ala Gly Ser val Ala Tyr Asp Ala Ser Met
 225                      230                      235                      240

Glu Gly Tyr Ala Pro Gly val Ala Lys Gly val Ala Pro Lys Ala Arg
                      245                      250                      255

val Ala Ala Tyr Lys val Cys Trp Lys Gly Ala Gly Cys Leu Asp Ser
                      260                      265                      270

Asp Ile Leu Ala Gly Phe Asp Arg Ala val Ala Asp Gly val Asp val
 275                      280                      285

Ile Ser val Ser Ile Gly Gly Gly Asn Gly val Ala Ser Pro Phe Tyr
 290                      295                      300

Leu Asp Pro Ile Ala Ile Gly Ala Tyr Gly Ala val Ser Arg Gly val
 305                      310                      315                      320

Phe val Ala Thr Ser Ala Gly Asn Glu Gly Pro Thr Ala Met Ser val
                      325                      330                      335

Thr Asn Leu Ala Pro Trp Leu Ala Thr val Gly Ala Gly Thr Ile Asp
                      340                      345                      350

Arg Asn Phe Pro Ala Glu Ile val Leu Gly Asp Gly Arg Arg Met Ser
                      355                      360                      365

Gly val Ser Leu Tyr Ser Gly Lys Pro Leu Thr Asn Thr Met Leu Pro
 370                      375                      380

```

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Leu Phe Tyr Pro Gly Arg Ser Gly Gly Leu Ser Ala Ser Leu Cys Met
385 390 395 400

Glu Asn Ser Ile Asp Pro Ser Val Val Ser Gly Lys Ile Val Ile Cys
405 410 415

Asp Arg Gly Ser Ser Pro Arg Val Ala Lys Gly Met Val Val Lys Asp
420 425 430

Ala Gly Gly Val Ala Met Val Leu Ala Asn Gly Ala Ala Asn Gly Glu
435 440 445

Gly Leu Val Gly Asp Ala His Val Leu Pro Ala Cys Ser Val Gly Glu
450 455 460

Asn Glu Gly Asp Thr Leu Lys Ala Tyr Ala Ala Asn Thr Thr Asn Pro
465 470 475 480

Thr Ala Thr Ile Asn Phe Lys Gly Thr Val Ile Gly Val Lys Pro Ala
485 490 495

Pro Val Val Ala Ser Phe Ser Ala Arg Gly Pro Asn Gly Leu Val Pro
500 505 510

Glu Ile Leu Lys Pro Asp Phe Ile Ala Pro Gly Val Asn Ile Leu Ala
515 520 525

Ala Trp Thr Gly Ala Thr Gly Pro Thr Gly Leu Glu Ser Asp Pro Arg
530 535 540

Arg Thr Glu Phe Asn Ile Leu Ser Gly Thr Ser Met Ala Cys Pro His
545 550 555 560

Ala Ser Gly Ala Ala Ala Leu Leu Arg Ser Ala His Pro Gly Trp Ser
565 570 575

Pro Ala Ala Ile Arg Ser Ala Leu Met Thr Thr Ala Val Ala Thr Asp
580 585 590

Asn Arg Gly Glu Ala Val Gly Asp Glu Ala Glu Pro Gly Arg Val Ala
595 600 605

Thr Pro Phe Asp Tyr Gly Ala Gly His Ile Asn Leu Gly Lys Ala Leu
610 615 620

Asp Pro Gly Leu Val Tyr Asp Ile Gly Asp Asp Asp Tyr Val Ala Phe
Page 125

625 SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
630 635 640

Met Cys Ser Ile Gly Tyr Glu Ala Asn Ala Ile Glu Val Ile Thr His
645 650 655

Lys Pro Val Ala Cys Pro Ala Thr Ser Arg Asn Pro Ser Gly Ser Asp
660 665 670

Leu Asn Tyr Pro Ser Ile Ser Val Val Phe Tyr Gly Gly Asn Gln Ser
675 680 685

Lys Thr Val Ile Arg Thr Ala Thr Asn Val Gly Ala Ala Ala Ser Ala
690 695 700

Thr Tyr Lys Pro Arg Val Glu Met Ala Ser Ser Ala Val Ser Val Thr
705 710 715 720

Ile Lys Pro Glu Lys Leu Val Phe Ser Pro Thr Ala Lys Thr Gln Arg
725 730 735

Phe Ala Val Thr Val Ala Ser Ser Ser Ser Ser Pro Pro Ala Ser Ala
740 745 750

Pro Val Tyr Gly His Leu Val Trp Ser Asp Gly Gly Gly His Asp Val
755 760 765

Arg Ser Pro Ile Val Val Thr Trp Leu Gln Ser Met
770 775 780

<210> 39
<211> 776
<212> PRT
<213> Oryza sativa

<400> 39

Met Asp Phe Cys Lys Ala Arg Trp Lys Val Pro Ala Leu Cys Leu Val
1 5 10 15

Thr Val Leu Leu Gln Ala Ser Leu Ser Ala Cys Ala Pro Thr Pro Lys
20 25 30

Thr Tyr Ile Val Gln Met Ala Ala Ser Glu Met Pro Ser Ser Phe Asp
35 40 45

Phe Tyr His Glu Trp Tyr Ala Ser Thr Val Lys Ser Val Ser Ser Ser
50 55 60

Gln Leu Glu Asp Glu Glu Asp Asp Ala Ser Thr Arg Ile Ile Tyr Asn
Page 126

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
65 70 75 80
Tyr Glu Thr Ala Phe His Gly Phe Ala Ala Gln Leu Asp Glu Glu Glu
85 90 95
Ala Glu Leu Met Ala Glu Ala Asp Gly Val Leu Ala Val Ile Pro Glu
100 105 110
Thr Val Leu Gln Leu His Thr Thr Arg Ser Pro Asp Phe Leu Gly Ile
115 120 125
Gly Pro Glu Val Ser Asn Arg Ile Trp Ser Asp Ser Leu Ala Asp His
130 135 140
Asp Val Val Val Gly Val Leu Asp Thr Gly Ile Trp Pro Glu Ser Pro
145 150 155 160
Ser Phe Ser Asp Lys Gly Leu Gly Pro Val Pro Ala Lys Trp Lys Gly
165 170 175
Leu Cys Gln Thr Gly Arg Gly Phe Thr Thr Ala Asn Cys Asn Arg Lys
180 185 190
Ile Val Gly Ala Arg Ile Phe Tyr Asn Gly Tyr Glu Ala Ser Ser Gly
195 200 205
Pro Ile Asn Glu Thr Thr Glu Leu Lys Ser Pro Arg Asp Gln Asp Gly
210 215 220
His Gly Thr His Thr Ala Ala Thr Ala Ala Gly Ser Pro Val Gln Asp
225 230 235 240
Ala Asn Leu Tyr Gly Tyr Ala Gly Gly Val Ala Arg Gly Met Ala Pro
245 250 255
Arg Ala Arg Val Ala Ala Tyr Lys Val Cys Trp Ala Gly Gly Cys Phe
260 265 270
Ser Ser Asp Ile Leu Ala Ala Val Asp Arg Ala Val Ser Asp Gly Val
275 280 285
Asp Val Leu Ser Ile Ser Leu Gly Gly Gly Ala Ser Arg Tyr Tyr Leu
290 295 300
Asp Ser Leu Ser Ile Ala Ser Phe Gly Ala Met Gln Met Gly Val Phe
305 310 315 320

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Val Ala Cys Ser Ala Gly Asn Ala Gly Pro Asp Pro Ile Ser Leu Thr
 325 330 335
 Asn Leu Ser Pro Trp Ile Thr Thr Val Gly Ala Ser Thr Met Asp Arg
 340 345 350
 Asp Phe Pro Ala Thr Val Thr Leu Gly Asn Gly Ala Asn Ile Thr Gly
 355 360 365
 Val Ser Leu Tyr Lys Gly Leu Arg Asn Leu Ser Pro Gln Glu Gln Tyr
 370 375 380
 Pro Val Val Tyr Leu Gly Gly Asn Ser Ser Met Pro Asp Pro Arg Ser
 385 390 395 400
 Leu Cys Leu Glu Gly Thr Leu Gln Pro His Asp Val Ser Gly Lys Ile
 405 410 415
 Val Ile Cys Asp Arg Gly Ile Ser Pro Arg Val Gln Lys Gly Gln Val
 420 425 430
 Val Lys Glu Ala Gly Gly Ile Gly Met Ile Leu Ala Asn Thr Ala Ala
 435 440 445
 Asn Gly Glu Glu Leu Val Ala Asp Ser His Leu Leu Pro Ala Val Ala
 450 455 460
 Val Gly Glu Ala Glu Gly Ile Ala Ala Lys Ser Tyr Ser Lys Ser Ala
 465 470 475 480
 Pro Lys Pro Thr Ala Thr Leu Ser Phe Gly Gly Thr Lys Leu Gly Ile
 485 490 495
 Arg Pro Ser Pro Val Val Ala Ala Phe Ser Ser Arg Gly Pro Asn Ile
 500 505 510
 Leu Thr Leu Glu Ile Leu Lys Pro Asp Val Val Ala Pro Gly Val Asn
 515 520 525
 Ile Leu Ala Ala Trp Ser Gly Asp Ala Ser Pro Ser Ser Leu Ser Ser
 530 535 540
 Asp Ser Arg Arg Val Gly Phe Asn Ile Leu Ser Gly Thr Ser Met Ser
 545 550 555 560
 Cys Pro His Val Ala Gly Val Ala Ala Leu Ile Lys Ala Ser His Pro
 565 570 575

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Asp Trp Ser Pro Ala Gln Ile Lys Ser Ala Leu Met Thr Thr Ala Tyr
580 585 590

Val His Asp Asn Thr Tyr Arg Pro Met Lys Asp Ala Ala Thr Gly Lys
595 600 605

Ala Ser Thr Pro Phe Glu His Gly Ala Gly His Ile His Pro Val Arg
610 615 620

Ala Leu Thr Pro Gly Leu Val Tyr Asp Ile Gly Gln Ala Asp Tyr Leu
625 630 635 640

Glu Phe Leu Cys Thr Gln His Met Thr Pro Met Gln Leu Arg Thr Phe
645 650 655

Thr Lys Asn Ser Asn Met Thr Cys Arg His Thr Phe Ser Ser Ala Ser
660 665 670

Asp Leu Asn Tyr Pro Ala Ile Ser Val Val Phe Ala Asp Gln Pro Ser
675 680 685

Lys Ala Leu Thr Val Arg Arg Thr Val Thr Asn Val Gly Pro Pro Ser
690 695 700

Ser Thr Tyr His Val Lys Val Thr Lys Phe Lys Gly Ala Asp Val Ile
705 710 715 720

Val Glu Pro Asn Thr Leu His Phe Val Ser Thr Asn Gln Lys Leu Ser
725 730 735

Tyr Lys Val Thr Val Thr Thr Lys Ala Ala Gln Lys Ala Pro Glu Phe
740 745 750

Gly Ala Leu Ser Trp Ser Asp Gly Val His Ile Val Arg Ser Pro Val
755 760 765

Val Leu Thr Trp Leu Pro Pro Gln
770 775

<210> 40
<211> 766
<212> PRT
<213> Solanum esculentum

<400> 40

Met Glu Arg Leu Arg Leu Met Phe Leu Leu Ile Leu Met Val Val Leu
1 5 10 15

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.t

Phe His Val Phe Val Asp Ala Arg Gln Asn Gln Lys Lys Thr Tyr Ile
20 25 30

Ile His Met Asp Lys Phe Asn Met Pro Ala Asp Phe Asp Asp His Thr
35 40 45

Gln Trp Tyr Asp Ser Ser Leu Lys Ser Val Ser Lys Ser Ala Asn Met
50 55 60

Leu Tyr Thr Tyr Asn Ser Val Ile His Gly Tyr Ser Thr Gln Leu Thr
65 70 75 80

Ala Asp Glu Ala Lys Ala Leu Ala Gln Gln Pro Gly Ile Leu Leu Val
85 90 95

His Glu Glu Val Ile Tyr Glu Leu His Thr Thr Arg Ser Pro Thr Phe
100 105 110

Leu Gly Leu Glu Gly Arg Glu Ser Arg Ser Phe Phe Pro Gln Thr Glu
115 120 125

Ala Arg Ser Glu Val Ile Ile Gly Val Leu Asp Thr Gly Val Trp Pro
130 135 140

Glu Ser Lys Ser Phe Asp Asp Thr Gly Leu Gly Gln Val Pro Ala Ser
145 150 155 160

Trp Lys Gly Lys Cys Gln Thr Gly Lys Asn Phe Asp Ala Ser Ser Cys
165 170 175

Asn Arg Lys Leu Ile Gly Ala Arg Phe Phe Ser Gln Gly Tyr Glu Ala
180 185 190

Ala Phe Gly Ala Ile Asp Glu Thr Ile Glu Ser Lys Ser Pro Arg Asp
195 200 205

Asp Glu Gly His Gly Thr His Thr Ala Thr Thr Ala Ala Gly Ser Val
210 215 220

Val Thr Gly Ala Ser Leu Leu Gly Tyr Ala Thr Gly Thr Ala Arg Gly
225 230 235 240

Met Ala Ser His Ala Arg Val Ala Ala Tyr Lys Val Cys Trp Thr Gly
245 250 255

Gly Cys Phe Ser Ser Asp Ile Leu Ala Gly Met Asp Gln Ala Val Ile
260 265 270

Page 130

SEQ-ID-PCT...USSN...61663071 ...SCHROEDER...SD2012-290...ST25.txt

Asp Gly Val Asn Val Leu Ser Leu Ser Leu Gly Gly Thr Ile Ser Asp
275 280 285

Tyr His Arg Asp Ile Val Ala Ile Gly Ala Phe Ser Ala Ala Ser Gln
290 295 300

Gly Ile Phe Val Ser Cys Ser Ala Gly Asn Gly Gly Pro Ser Ser Gly
305 310 315 320

Thr Leu Ser Asn Val Ala Pro Trp Ile Thr Thr Val Gly Ala Gly Thr
325 330 335

Met Asp Arg Glu Phe Pro Ala Tyr Ile Gly Ile Gly Asn Gly Lys Lys
340 345 350

Leu Asn Gly Val Ser Leu Tyr Ser Gly Lys Ala Leu Pro Ser Ser Val
355 360 365

Met Pro Leu Val Tyr Ala Gly Asn Val Ser Gln Ser Ser Asn Gly Asn
370 375 380

Leu Cys Thr Ser Gly Ser Leu Ile Pro Glu Lys Val Ala Gly Lys Ile
385 390 395 400

Val Val Cys Asp Arg Gly Met Asn Ala Arg Ala Gln Lys Gly Leu Val
405 410 415

Val Lys Asp Ala Gly Gly Ile Gly Met Ile Leu Ala Asn Thr Asp Thr
420 425 430

Tyr Gly Asp Glu Leu Val Ala Asp Ala His Leu Ile Pro Thr Ala Ala
435 440 445

Val Gly Gln Thr Ala Gly Asn Leu Ile Lys Gln Tyr Ile Ala Ser Asn
450 455 460

Ser Asn Pro Thr Ala Thr Ile Ala Phe Gly Gly Thr Lys Leu Gly Val
465 470 475 480

Gln Pro Ser Pro Val Val Ala Ala Phe Ser Ser Arg Gly Pro Asn Pro
485 490 495

Ile Thr Pro Asp Val Leu Lys Pro Asp Leu Ile Ala Pro Gly Val Asn
500 505 510

Ile Leu Ala Gly Trp Thr Gly Lys Val Gly Pro Thr Gly Leu Gln Glu
Page 131

515 SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.tx 520 525

Asp Thr Arg Asn Val Gly Phe Asn Ile Ile Ser Gly Thr Ser Met Ser
530 535 540

Cys Pro His Val Ser Gly Leu Ala Ala Leu Leu Lys Ala Ala His Pro
545 550 555 560

Glu Trp Ser Pro Ala Ala Ile Arg Ser Ala Leu Met Thr Thr Ser Tyr
565 570 575

Ser Thr Tyr Lys Asn Gly Lys Thr Ile Glu Asp Val Ala Thr Gly Met
580 585 590

Ser Ser Thr Pro Phe Asp Tyr Gly Ala Gly His Val Asn Pro Thr Ala
595 600 605

Ala Val Ser Pro Gly Leu Val Tyr Asp Leu Thr Val Asp Asp Tyr Ile
610 615 620

Asn Phe Leu Cys Ala Leu Asp Tyr Ser Pro Ser Met Ile Lys Val Ile
625 630 635 640

Ala Lys Arg Asp Ile Ser Cys Asp Glu Asn Lys Glu Tyr Arg Val Ala
645 650 655

Asp Leu Asn Tyr Pro Ser Phe Ser Ile Pro Met Glu Thr Ala Trp Gly
660 665 670

Glu His Ala Asp Ser Ser Thr Pro Thr Val Thr Arg Tyr Thr Arg Thr
675 680 685

Leu Thr Asn Val Gly Asn Pro Ala Thr Tyr Lys Ala Ser Val Ser Ser
690 695 700

Glu Thr Gln Asp Val Lys Ile Leu Val Glu Pro Gln Thr Leu Thr Phe
705 710 715 720

Ser Arg Lys Asn Glu Lys Lys Thr Tyr Thr Val Thr Phe Thr Ala Thr
725 730 735

Ser Lys Pro Ser Gly Thr Thr Ser Phe Ala Arg Leu Glu Trp Ser Asp
740 745 750

Gly Gln His Val Val Ala Ser Pro Ile Ala Phe Ser Trp Thr
755 760 765

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

<210> 41
<211> 775
<212> PRT
<213> Solanum esculentum

<400> 41
Met Ala Gly Met Leu Leu Lys Cys Met Phe Phe Phe Val Ser Val Cys
1 5 10 15
Leu Ala Ile Asn Leu Ala Lys Cys Ser Pro Asn Thr Lys Lys Thr Tyr
20 25 30
Ile Ile Gln Met Asp Lys Trp Ala Lys Pro Asp Val Phe Val Asp His
35 40 45
Val Gln Trp Tyr Ser Ser Leu Val Lys Ser Val Leu Pro Ser Thr Thr
50 55 60
Glu Val Glu Lys Thr Gly Asp Gly Glu Glu Arg Ile Leu Tyr Ser Tyr
65 70 75 80
Gln Thr Ala Phe His Gly Val Ala Ala Gln Leu Ser Glu Glu Glu Val
85 90 95
Lys Lys Leu Gln Glu Arg Asn Gly Val Leu Ala Val Phe Pro Glu Ile
100 105 110
Lys Tyr Gln Leu His Thr Thr Arg Ser Pro Leu Phe Leu Gly Leu Asp
115 120 125
Arg Glu Asp Ser Ser Lys Leu Trp Ala Asp Arg Leu Ser Asp His Asn
130 135 140
Val Ile Val Gly Val Leu Asp Thr Gly Ile Trp Pro Glu Ser Pro Ser
145 150 155 160
Phe Asn Asp Ser Gly Met Thr Ser Val Pro Ser His Trp Lys Gly Val
165 170 175
Cys Glu Thr Gly Arg Gly Phe Glu Lys His His Cys Ser Lys Lys Ile
180 185 190
Val Gly Ala Arg Val Phe Phe Arg Gly Tyr Glu Ala Ala Ser Gly Lys
195 200 205
Ile Asn Glu Arg Gly Glu Phe Lys Ser Ala Arg Asp Gln Asp Gly His
210 215 220

```

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Gly Thr His Thr Ala Gly Thr Val Ala Gly Ser Val Val Arg Gly Ala
 225 230 235 240

Asn Leu Leu Gly Tyr Ala Tyr Gly Thr Ala Arg Gly Met Ala Pro Gly
 245 250 255

Ala Arg Val Ala Ala Tyr Lys Val Cys Trp Val Gly Gly Cys Phe Ser
 260 265 270

Ser Asp Ile Leu Ser Ala Val Asp Gln Ala Val Ala Asp Gly Val Asn
 275 280 285

Ile Leu Ser Ile Ser Leu Gly Gly Gly Val Ser Ser Tyr Asn Arg Asp
 290 295 300

Ser Leu Ser Ile Ala Ala Phe Gly Ala Met Glu Lys Gly Val Phe Val
 305 310 315 320

Ser Cys Ser Ala Gly Asn Gly Gly Pro Asp Pro Ile Ser Leu Thr Asn
 325 330 335

Val Ser Pro Trp Ile Thr Thr Val Gly Ala Ser Thr Met Asp Arg Asp
 340 345 350

Phe Pro Ala Thr Val Glu Leu Gly Thr Gly Lys Ile Val Thr Gly Ala
 355 360 365

Ser Leu Tyr Lys Gly Arg Met Asn Leu Ser Thr Gln Lys Gln Tyr Pro
 370 375 380

Leu Ile Tyr Leu Gly Ser Asn Ser Ser Asn Leu Met Pro Ser Ser Leu
 385 390 395 400

Cys Leu Asp Gly Thr Leu Asp Lys Ala Ser Val Ala Gly Lys Ile Val
 405 410 415

Ile Cys Asp Arg Gly Ile Ser Pro Arg Val Gln Lys Gly Gln Val Val
 420 425 430

Lys Glu Ala Gly Gly Val Gly Met Ile Leu Thr Asn Thr Ala Ala Asn
 435 440 445

Gly Glu Glu Leu Val Ala Asp Ser His Leu Leu Pro Ala Val Ala Val
 450 455 460

Gly Glu Arg Glu Gly Arg Ala Ile Lys Leu Tyr Ala Ala Gly Arg Ser
 465 470 475 480

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Ala Thr Ala Thr Leu Arg Phe Leu Gly Thr Lys Leu Gly Ile Arg Pro
485 490 495

Ser Pro Val Val Ala Ala Phe Ser Ser Arg Gly Pro Asn Phe Leu Ser
500 505 510

Leu Glu Ile Leu Lys Pro Asp Met Val Ala Pro Gly Val Asn Ile Leu
515 520 525

Ala Gly Trp Thr Gly Ala Leu Gly Pro Ser Ser Leu Pro Ile Asp Gln
530 535 540

Arg Arg Thr Asn Phe Asn Ile Leu Ser Gly Thr Ser Met Ser Cys Pro
545 550 555 560

His Val Ser Gly Ile Ala Ala Leu Leu Lys Ala Arg His Pro Asp Trp
565 570 575

Ser Pro Ala Ala Ile Lys Ser Ala Leu Met Thr Thr Ala Tyr Val His
580 585 590

Asp Asn Thr Tyr Lys Ser Leu Lys Asp Ala Ser Ser Val Thr Pro Ser
595 600 605

Thr Pro Tyr Asp His Gly Ala Gly His Val Asn Pro Arg Lys Ala Val
610 615 620

Asp Pro Gly Leu Ile Tyr Asp Ile Gly Ala Gln Asp Tyr Phe Glu Phe
625 630 635 640

Leu Cys Thr Gln Glu Leu Ser Pro Ser Gln Leu Met Val Phe Gly Lys
645 650 655

Phe Ser Asn Arg Thr Cys His His Ser Leu Ala Asn Pro Gly Asp Leu
660 665 670

Asn Tyr Pro Ala Ile Ser Ala Val Phe Pro Glu Lys Thr Lys Leu Ser
675 680 685

Met Leu Thr Leu His Arg Thr Val Thr Asn Val Gly Ser Pro Ile Ser
690 695 700

Asn Tyr His Val Val Val Ser Ala Phe Lys Gly Ala Val Val Lys Val
705 710 715 720

Glu Pro Glu Arg Leu Asn Phe Thr Ser Lys Asn Gln Lys Leu Ser Tyr
725 730 735

Page 135

SEQ-ID-PCT...USSN...61663071 ...SCHROEDER...SD2012-290...ST25.txt

Lys Val Thr Phe Lys Thr Val Ser Arg Gln Lys Ala Pro Glu Phe Gly
740 745 750

Ser Leu Ile Trp Lys Asp Gly Thr His Lys Val Arg Ser Pro Ile Ala
755 760 765

Ile Thr Trp Leu Ala Ser Val
770 775

<210> 42
<211> 745
<212> PRT
<213> Solanum esculentum

<400> 42

Met Gly Leu Leu Lys Ile Leu Leu Val Phe Ile Phe Cys Ser Phe Gln
1 5 10 15

Trp Pro Thr Ile Gln Ser Asn Leu Glu Thr Tyr Ile Val His Val Glu
20 25 30

Ser Pro Glu Ser Leu Val Thr Thr Gln Ser Leu Leu Thr Asp Leu Gly
35 40 45

Ser Tyr Tyr Leu Ser Phe Leu Pro Lys Thr Ala Thr Thr Ile Ser Ser
50 55 60

Ser Gly Asn Glu Glu Ala Ala Thr Met Ile Tyr Ser Tyr His Asn Val
65 70 75 80

Met Thr Gly Phe Ala Ala Arg Leu Thr Ala Glu Gln Val Lys Glu Met
85 90 95

Glu Lys Lys His Gly Phe Val Ser Ala Gln Lys Gln Arg Ile Leu Ser
100 105 110

Leu His Thr Thr His Thr Pro Ser Phe Leu Gly Leu Gln Gln Asn Met
115 120 125

Gly Val Trp Lys Asp Ser Asn Tyr Gly Lys Gly Val Ile Ile Gly Val
130 135 140

Ile Asp Thr Gly Ile Ile Pro Asp His Pro Ser Phe Ser Asp Val Gly
145 150 155 160

Met Pro Pro Pro Pro Ala Lys Trp Lys Gly Val Cys Glu Ser Asn Phe
165 170 175

Page 136

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Thr Asn Lys Cys Asn Asn Lys Leu Ile Gly Ala Arg Ser Tyr Gln Leu
180 185 190

Gly Asn Gly Ser Pro Ile Asp Ser Ile Gly His Gly Thr His Thr Ala
195 200 205

Ser Thr Ala Ala Gly Ala Phe Val Lys Gly Ala Asn Val Tyr Gly Asn
210 215 220

Ala Asp Gly Thr Ala Val Gly Val Ala Pro Leu Ala His Ile Ala Ile
225 230 235 240

Tyr Lys Val Cys Asn Ser Val Gly Cys Ser Glu Ser Asp Val Leu Ala
245 250 255

Ala Met Asp Ser Ala Ile Asp Asp Gly Val Asp Ile Leu Ser Met Ser
260 265 270

Leu Ser Gly Gly Pro Ile Pro Phe His Arg Asp Asn Ile Ala Ile Gly
275 280 285

Ala Tyr Ser Ala Thr Glu Arg Gly Ile Leu Val Ser Cys Ser Ala Gly
290 295 300

Asn Ser Gly Pro Ser Phe Ile Thr Ala Val Asn Thr Ala Pro Trp Ile
305 310 315 320

Leu Thr Val Gly Ala Ser Thr Leu Asp Arg Lys Ile Lys Ala Thr Val
325 330 335

Lys Leu Gly Asn Gly Glu Glu Phe Glu Gly Glu Ser Ala Tyr Arg Pro
340 345 350

Lys Ile Ser Asn Ala Thr Phe Phe Thr Leu Phe Asp Ala Ala Lys Asn
355 360 365

Ala Lys Asp Pro Ser Glu Thr Pro Tyr Cys Arg Arg Gly Ser Leu Thr
370 375 380

Asp Pro Ala Ile Arg Gly Lys Ile Val Leu Cys Ser Ala Leu Gly His
385 390 395 400

Val Ala Asn Val Asp Lys Gly Gln Ala Val Lys Asp Ala Gly Gly Val
405 410 415

Gly Met Ile Ile Ile Asn Pro Ser Gln Tyr Gly Val Thr Lys Ser Ala
Page 137

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 420 425 430

Asp Ala His Val Leu Pro Ala Leu Val Val Ser Ala Ala Asp Gly Thr
 435 440 445
 Lys Ile Leu Ala Tyr Met Asn Ser Thr Ser Ser Pro Val Ala Thr Ile
 450 455 460
 Ala Phe Gln Gly Thr Ile Ile Gly Asp Lys Asn Ala Pro Met Val Ala
 465 470 475 480
 Ala Phe Ser Ser Arg Gly Pro Ser Arg Ala Ser Pro Gly Ile Leu Lys
 485 490 495
 Pro Asp Ile Ile Gly Pro Gly Ala Asn Ile Leu Ala Ala Trp Pro Thr
 500 505 510
 Ser Val Asp Asp Asn Lys Asn Thr Lys Ser Thr Phe Asn Ile Ile Ser
 515 520 525
 Gly Thr Ser Met Ser Cys Pro His Leu Ser Gly Val Ala Ala Leu Leu
 530 535 540
 Lys Cys Thr His Pro Asp Trp Ser Pro Ala Val Ile Lys Ser Ala Met
 545 550 555 560
 Met Thr Thr Ala Asp Thr Leu Asn Leu Ala Asn Ser Pro Ile Leu Asp
 565 570 575
 Glu Arg Leu Leu Pro Ala Asp Ile Tyr Ala Ile Gly Ala Gly His Val
 580 585 590
 Asn Pro Ser Arg Ala Asn Asp Pro Gly Leu Val Tyr Asp Thr Pro Phe
 595 600 605
 Glu Asp Tyr Val Pro Tyr Leu Cys Gly Leu Lys Tyr Thr Asp Gln Gln
 610 615 620
 Val Gly Asn Leu Ile Gln Arg Arg Val Asn Cys Ser Glu Val Lys Ser
 625 630 635 640
 Ile Leu Glu Ala Gln Leu Asn Tyr Pro Ser Phe Ser Ile Phe Gly Leu
 645 650 655
 Gly Ser Thr Pro Gln Thr Tyr Thr Arg Thr Val Thr Asn Val Gly Asp
 660 665 670

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Ala Thr Ser Ser Tyr Lys Val Glu Val Ala Ser Pro Glu Gly Val Ala
 675 680 685

Ile Glu Val Glu Pro Ser Glu Leu Asn Phe Ser Glu Leu Asn Gln Lys
 690 695 700

Leu Thr Tyr Gln Val Thr Phe Ser Lys Thr Thr Asn Ser Ser Asn Pro
 705 710 715 720

Glu Val Ile Glu Gly Phe Leu Lys Trp Thr Ser Asn Arg His Ser Val
 725 730 735

Arg Ser Pro Ile Ala Val Val Ser Ala
 740 745

<210> 43
 <211> 743
 <212> PRT
 <213> Solanum esculentum

<400> 43

Met Met Pro Gln Tyr Ser Ser Ile Leu Thr Ile Phe Gly Leu Ile Cys
 1 5 10 15

Val Leu Phe Leu Phe Ser Thr Asn Ala Thr Glu Gln Asn Asn Ser Gln
 20 25 30

Ile Tyr Ile Val His Cys Glu Phe Pro Ser Gly Glu Arg Thr Ser Lys
 35 40 45

Tyr Gln Asp Leu Glu Ser Trp Tyr Leu Ser Phe Leu Pro Ala Thr Thr
 50 55 60

Ser Asp Ser Ser Arg Glu Ala Pro Arg Leu Ile Tyr Ser Tyr Arg Asn
 65 70 75 80

Val Leu Thr Gly Phe Ala Ala Lys Leu Ser Gln Glu Asp Ile Lys Glu
 85 90 95

Met Glu Lys Met Glu Gly Phe Val Ser Ala Arg Pro Gln Arg Leu Leu
 100 105 110

Lys Leu His Thr Thr His Ser Val Asp Phe Leu Gly Leu Gln Gln Asn
 115 120 125

Met Gly Phe Trp Lys Asp Ser Asn Tyr Gly Lys Gly Val Ile Ile Gly
 130 135 140

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
Val Ile Asp Ser Gly Val Phe Pro Asp His Pro Ser Phe Ser Asp Val
145 150 155 160
Gly Met Pro Pro Ile Pro Ala Lys Trp Lys Gly Val Cys Glu Ser Asp
165 170 175
Phe Ala Thr Lys Cys Asn Asn Lys Leu Ile Gly Ala Arg Ser Tyr Gln
180 185 190
Ile Ala Asn Gly Ser Pro Ile Asp Asn Asp Gly His Gly Thr His Thr
195 200 205
Ala Gly Thr Thr Ala Gly Ala Phe Val Glu Gly Ala Asn Gly Ser Ser
210 215 220
Gly Asn Ala Asn Gly Thr Ala Val Gly Val Ala Pro Leu Ala His Ile
225 230 235 240
Ala Ile Tyr Lys Val Cys Asn Ser Asn Ser Cys Ser Asp Ser Asp Ile
245 250 255
Leu Ala Ala Met Asp Ser Ala Ile Glu Tyr Gly Val Asp Ile Leu Ser
260 265 270
Met Ser Leu Gly Gly Ser Pro Val Pro Phe Tyr Glu Asp Ser Ile Ala
275 280 285
Phe Gly Ala Tyr Ala Ala Thr Glu Arg Gly Ile Leu Val Ser Cys Ser
290 295 300
Ala Gly Asn Ser Gly Pro Ser Tyr Ile Thr Ala Ser Asn Thr Ala Pro
305 310 315 320
Trp Ile Leu Thr Val Gly Ala Ser Thr Ile Asp Arg Lys Ile Lys Ala
325 330 335
Thr Val Thr Leu Gly Asn Thr Glu Glu Phe Glu Gly Glu Ser Ala Tyr
340 345 350
Arg Pro Gln Ile Ser Asp Ser Thr Tyr Phe Thr Leu Tyr Asp Ala Ala
355 360 365
Lys Ser Ile Gly Asp Pro Ser Glu Pro Tyr Cys Thr Arg Ser Leu Thr
370 375 380
Asp Pro Ala Ile Lys Lys Ile Ala Ile Cys Gln Ala Gly Asp Val Ser
385 390 395 400

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Asn Ile Glu Lys Arg Gln Ala Val Lys Asp Ala Gly Gly Val Gly Met
405 410 415

Ile Val Ile Asn His His Ile Tyr Gly Val Thr Lys Ser Ala Asp Ala
420 425 430

His Val Leu Pro Gly Leu Val Val Ser Ala Ala Asp Gly Ser Lys Ile
435 440 445

Leu Asp Tyr Thr Asn Ser Ile Ser Asn Pro Ile Ala Thr Ile Thr Ile
450 455 460

Gln Gly Thr Ile Ile Gly Asp Lys Asn Ala Pro Ile Val Ala Ala Phe
465 470 475 480

Ser Ser Arg Gly Pro Ser Lys Pro Asn Pro Gly Ile Leu Lys Pro Asp
485 490 495

Ile Ile Gly Pro Gly Val Asn Ile Leu Ala Ala Trp Pro Thr Ser Val
500 505 510

Asp Asp Asn Lys Asp Thr Lys Ser Thr Phe Asn Ile Ile Ser Gly Thr
515 520 525

Ser Met Ser Cys Pro His Leu Ser Gly Ile Ala Ala Leu Leu Lys Ser
530 535 540

Thr His Pro Asp Trp Ser Pro Ala Ala Ile Lys Ser Ala Ile Met Thr
545 550 555 560

Thr Ala Tyr Thr Leu Asn Leu Asp Ser Ser Pro Ile Leu Asp Glu Arg
565 570 575

Leu Leu Pro Ala Asp Ile Phe Ala Ile Gly Ala Gly His Val Asn Pro
580 585 590

Ser Ser Ala Asn Asp Pro Gly Leu Val Tyr Asp Thr Pro Ser Glu Asp
595 600 605

Tyr Phe Pro Tyr Leu Cys Gly Leu Gly Tyr Thr Asn Ala Gln Val Ser
610 615 620

Ser Leu Leu Arg Arg Thr Val Asn Cys Leu Glu Val Asn Ser Ile Pro
625 630 635 640

Glu Ala Gln Leu Asn Tyr Pro Ser Phe Ser Ile Tyr Gly Leu Gly Ser
645 650 655

Page 141

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Thr Pro Gln Thr Tyr Thr Arg Thr Val Thr Asn Val Gly Asp Ala Thr
660 665 670
Ser Ser Tyr Lys Val Lys Ile Ala Ser Leu Ile Gly Val Ala Val Glu
675 680 685
Val Val Pro Thr Glu Leu Asn Phe Ser Glu Leu Asn Gln Lys Leu Thr
690 695 700
Tyr Gln Val Thr Phe Ser Lys Thr Thr Ser Ser Ser Glu Val Val Val
705 710 715 720
Val Glu Gly Phe Leu Lys Trp Thr Ser Thr Arg His Ser Val Arg Ser
725 730 735
Pro Ile Ala Val Val Leu Val
740

<210> 44
<211> 746
<212> PRT
<213> Solanum esculentum
<400> 44

Met Met Ala Gln Tyr Ser Ser Val Leu Thr Ile Ile Gly Leu Ile Cys
1 5 10 15
Val Leu Phe Ser Phe Thr Thr His Ala Ala Glu Gln Asn Asn Ser Gln
20 25 30
Ile Tyr Ile Val His Cys Glu Phe Pro Ser Gly Glu Arg Thr Ala Glu
35 40 45
Tyr Gln Asp Leu Glu Ser Trp Tyr Leu Ser Phe Leu Pro Thr Thr Thr
50 55 60
Ser Val Ser Ser Arg Glu Ala Pro Arg Leu Ile Tyr Ser Tyr Arg Asn
65 70 75 80
Val Leu Thr Gly Phe Ala Ala Lys Leu Ser Glu Glu Asp Ile Lys Glu
85 90 95
Met Glu Lys Lys Glu Gly Phe Val Ser Ala Arg Pro Gln Gln Phe Val
100 105 110
Ser Leu His Thr Thr His Ser Val Asn Phe Leu Gly Leu Gln Gln Asn
115 120 125

Page 142

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290...ST25.txt

Met Gly Phe Trp Lys Asp Ser Asn Tyr Gly Lys Gly Val Ile Ile Gly
130 135 140

Val Leu Asp Thr Gly Ile Leu Pro Asp His Pro Ser Phe Ser Asp Val
145 150 155 160

Gly Met Pro Thr Pro Pro Ala Lys Trp Lys Gly Val Cys Glu Ser Asn
165 170 175

Phe Met Asn Lys Cys Asn Lys Lys Leu Ile Gly Ala Arg Ser Tyr Gln
180 185 190

Leu Gly Asn Gly Ser Pro Ile Asp Gly Asn Gly His Gly Thr His Thr
195 200 205

Ala Ser Thr Ala Ala Gly Ala Phe Val Lys Gly Ala Asn Val Tyr Gly
210 215 220

Asn Ala Asn Gly Thr Ala Val Gly Val Ala Pro Leu Ala His Ile Ala
225 230 235 240

Ile Tyr Lys Val Cys Gly Ser Asp Gly Lys Cys Ser Asp Ser Asp Ile
245 250 255

Leu Ala Ala Met Asp Ser Ala Ile Asp Asp Gly Val Asp Ile Ile Ser
260 265 270

Met Ser Leu Gly Gly Gly Pro Val Pro Phe His Ser Asp Asn Ile Ala
275 280 285

Leu Gly Ala Tyr Ser Ala Thr Glu Arg Gly Ile Leu Val Ser Ala Ser
290 295 300

Ala Gly Asn Ser Gly Pro Ser Leu Ile Thr Ala Gly Asn Thr Ala Pro
305 310 315 320

Trp Ile Leu Thr Val Gly Ala Ser Thr Thr Asp Arg Lys Ile Lys Val
325 330 335

Thr Val Thr Leu Gly Asn Thr Glu Glu Phe Glu Gly Glu Ala Ser Tyr
340 345 350

Arg Pro Gln Ile Ser Asp Ser Lys Phe Phe Thr Leu Tyr Asp Ala Ser
355 360 365

Lys Gly Lys Gly Asp Pro Ser Lys Thr Pro Tyr Cys Lys Pro Gly Ser
Page 143

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

370 375 380

Leu Thr Asp Pro Ala Ile Lys Gly Lys Ile Val Ile Cys Tyr Pro Gly
385 390 395 400

Val Val Ser Lys Val Val Lys Gly Gln Ala Val Lys Asp Ala Gly Gly
405 410 415

Val Gly Met Ile Ala Ile Asn Leu Pro Glu Asp Gly Val Thr Lys Ser
420 425 430

Ala Asp Ala His Val Leu Pro Ala Leu Glu Val Ser Ala Ala Asp Gly
435 440 445

Ile Arg Ile Leu Thr Tyr Thr Asn Ser Ile Ser Asn Pro Thr Ala Lys
450 455 460

Ile Thr Phe Gln Gly Thr Ile Ile Gly Asp Glu Asn Ala Pro Ile Val
465 470 475 480

Ala Ser Phe Ser Ser Arg Gly Pro Asn Lys Pro Ser Pro Gly Ile Leu
485 490 495

Lys Pro Asp Ile Ile Gly Pro Gly Val Asn Ile Leu Ala Ala Trp Pro
500 505 510

Thr Ser Val Asp Asp Asn Lys Lys Thr Lys Ser Thr Phe Asn Ile Ile
515 520 525

Ser Gly Thr Ser Met Ser Cys Pro His Leu Ser Gly Val Ala Ala Leu
530 535 540

Leu Lys Ser Thr His Pro Asp Trp Ser Pro Ala Ala Ile Lys Ser Ala
545 550 555 560

Ile Met Thr Thr Ala Tyr Thr Leu Asn Leu Ala Ser Ser Pro Ile Leu
565 570 575

Asp Glu Arg Leu Leu Pro Ala Asp Ile Phe Ala Ile Gly Ala Gly His
580 585 590

Val Asn Pro Ser Ser Ala Asn Asp Pro Gly Leu Val Tyr Asp Thr Pro
595 600 605

Ser Glu Asp Tyr Phe Pro Tyr Leu Cys Gly Leu Arg Tyr Thr Asn Ala
610 615 620

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Gln Val Ser Lys Leu Leu Gln Arg Lys Val Asn Cys Leu Glu Val Lys
 625 630 635 640

Ser Ile Pro Glu Ala Glu Leu Asn Tyr Pro Ser Phe Ser Ile Phe Gly
 645 650 655

Leu Gly Ser Thr Pro Gln Thr Tyr Thr Arg Thr Val Thr Asn Val Gly
 660 665 670

Asp Val Ala Ser Ser Tyr Lys Val Glu Ile Ala Ser Pro Ile Gly Val
 675 680 685

Ala Ile Glu Val Val Pro Thr Glu Leu Asn Phe Ser Lys Leu Asn Gln
 690 695 700

Lys Leu Thr Tyr Gln Val Thr Phe Ser Lys Thr Thr Ser Ser Ser Glu
 705 710 715 720

Val Val Val Val Glu Gly Phe Leu Lys Trp Thr Ser Thr Arg His Ser
 725 730 735

Val Arg Ser Pro Ile Ala Val Val Leu Val
 740 745

<210> 45
 <211> 747
 <212> PRT
 <213> Solanum esculentum

<400> 45

Met Gly Phe Leu Lys Ile Leu Leu Ile Phe Ile Phe Cys Ser Phe Leu
 1 5 10 15

Arg Pro Ser Ile Gln Ser Asp Leu Glu Thr Tyr Ile Val His Val Glu
 20 25 30

Ser Pro Glu Asn Gln Ile Ser Thr Gln Ser Ser Leu Thr Asp Leu Glu
 35 40 45

Ser Tyr Tyr Leu Ser Phe Leu Pro Lys Thr Thr Thr Ala Ile Ser Ser
 50 55 60

Ser Gly Asp Glu Glu Ala Ala Ser Met Ile Tyr Ser Tyr His Asn Val
 65 70 75 80

Met Lys Gly Phe Ala Ala Arg Leu Thr Ala Ala Gln Val Lys Glu Met
 85 90 95

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Glu Lys Lys His Gly Phe Val Ser Ala Gln Lys Gln Arg Ile Phe Ser
 100 105 110
 Leu His Thr Thr His Thr Pro Ser Phe Leu Gly Leu Gln Gln Asn Met
 115 120 125
 Gly Leu Trp Lys Asp Ser Asn Phe Gly Val Gly Val Ile Ile Gly Val
 130 135 140
 Leu Asp Thr Gly Ile Leu Pro Asp His Pro Ser Phe Ser Asp Val Gly
 145 150 155 160
 Met Pro Pro Pro Pro Ala Lys Trp Lys Gly Val Cys Glu Ser Asn Phe
 165 170 175
 Thr Thr Lys Cys Asn Asn Lys Leu Ile Gly Ala Arg Ser Tyr Gln Leu
 180 185 190
 Gly Asn Gly Ser Pro Ile Asp Asp Asn Gly His Gly Thr His Thr Ala
 195 200 205
 Gly Thr Ala Ala Gly Ala Phe Val Lys Gly Val Asn Ile Phe Gly Asn
 210 215 220
 Ala Asn Gly Thr Ala Val Gly Val Ala Pro Leu Ala His Ile Ala Val
 225 230 235 240
 Tyr Lys Val Cys Ser Ser Asp Gly Gly Cys Ser Asp Ser Asp Ile Leu
 245 250 255
 Ala Ala Met Asp Ala Ala Ile Asp Asp Gly Val Asp Ile Leu Ser Ile
 260 265 270
 Ser Leu Gly Gly Ser Thr Lys Pro Phe His Asp Asp Gly Ile Ala Leu
 275 280 285
 Gly Thr Tyr Ser Ala Thr Glu Arg Gly Ile Phe Val Ser Ala Ser Ala
 290 295 300
 Gly Asn Ser Gly Pro Ser Leu Gly Thr Val Ala Asn Glu Ala Pro Trp
 305 310 315 320
 Ile Leu Thr Val Gly Ala Ser Thr His Asp Arg Lys Leu Lys Val Thr
 325 330 335
 Val Lys Leu Gly Asn Ser Glu Glu Phe Glu Gly Glu Ser Ala Tyr His
 340 345 350

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Pro Lys Thr Ser Asn Ser Thr Phe Phe Pro Leu Tyr Asp Ala Gly Lys
355 360 365

Asn Glu Ser Asp Gln Phe Ser Ala Pro Phe Cys Ser Pro Gly Ser Leu
370 375 380

Asn Asp Pro Ala Ile Lys Gly Lys Ile Val Leu Cys Leu Arg Ser Ile
385 390 395 400

Ser Leu Leu Arg Val Ala Gln Gly Gln Ser Val Lys Asp Ala Gly Gly
405 410 415

Val Gly Met Ile Leu Ile Asn Glu Gln Lys Arg Gly Val Thr Lys Ser
420 425 430

Ala Glu Ala His Val Leu Pro Ala Leu Asp Val Ser Asn Ala Asp Gly
435 440 445

Lys Lys Ile Leu Ala Tyr Met Asn Ser Ser Ser Asn Pro Val Ala Ser
450 455 460

Ile Thr Phe His Gly Thr Val Ile Gly Asp Lys Asn Ala Pro Ile Val
465 470 475 480

Ala Ser Phe Ser Ser Arg Gly Pro Ser Val Ala Ser Pro Gly Ile Leu
485 490 495

Lys Pro Asp Ile Ile Gly Pro Gly Val Asn Val Leu Ala Ala Trp Pro
500 505 510

Thr Ser Val Asp Asn Asn Lys Asn Thr Lys Ser Thr Phe Asn Ile Val
515 520 525

Ser Gly Thr Ser Met Ser Cys Pro His Leu Ser Gly Val Ala Ala Leu
530 535 540

Leu Lys Ser Ala His Pro Asp Trp Ser Pro Ala Ala Ile Lys Ser Ala
545 550 555 560

Met Met Thr Thr Ala Asp Thr Val Asn Leu Ala Asn Ser Pro Ile Leu
565 570 575

Asp Glu Arg Leu Ile Ser Ala Asp Leu Phe Ala Met Gly Ala Gly His
580 585 590

Val Asn Pro Ser Arg Ala Ser Asp Pro Gly Leu Val Tyr Asp Thr Pro
595 600 605

Page 147

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Phe Glu Asp Tyr Ile Pro Tyr Leu Cys Gly Leu Asn Tyr Thr Asn Arg
610 615 620

Glu Val Gly Lys Val Leu Gln Arg Lys Val Asn Cys Ser Glu Val Lys
625 630 635 640

Arg Ile Pro Glu Gly Gln Leu Asn Tyr Pro Ser Phe Ser Ile Arg Leu
645 650 655

Gly Ser Thr Pro Gln Thr Tyr Thr Arg Thr Val Thr Asn Val Gly Asp
660 665 670

Ala Lys Ser Ser Tyr Lys Val Glu Ile Val Ser Pro Lys Gly Val Val
675 680 685

Val Lys Val Glu Pro Ser Ala Leu Asn Phe Ser Thr Leu Asn Gln Lys
690 695 700

Leu Thr Tyr Gln Val Ile Phe Thr Lys Thr Thr Asn Ile Ser Thr Thr
705 710 715 720

Ser Asp Val Glu Gly Phe Leu Lys Trp Asn Ser Asn Arg His Ser Val
725 730 735

Arg Ser Pro Ile Ala Val Arg Val Ser Ala Glu
740 745

<210> 46
<211> 754
<212> PRT
<213> Solanum esculentum

<400> 46

Met Gly Phe Leu Lys Ile Phe Phe Val Phe Ile Phe Cys Ser Phe Pro
1 5 10 15

Trp Pro Thr Ile Gln Ser Asp Phe Glu Thr Tyr Ile Val His Val Glu
20 25 30

Ser Pro Glu Ser Leu Ile Thr Thr Gln Ser Ser Phe Met Asp Leu Glu
35 40 45

Ser Tyr Tyr Leu Ser Phe Leu Pro Glu Thr Met Ser Ala Ile Ser Ser
50 55 60

Ser Gly Asn Glu Glu Ala Ala Ser Ile Ile Tyr Ser Tyr His Asn Val
65 70 75 80

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Met Thr Gly Phe Ala Ala Arg Leu Thr Ala Glu Gln Val Lys Glu Met
85 90 95

Glu Lys Lys His Gly Phe Val Ser Ala Gln Lys Gln Arg Ile Leu Ser
100 105 110

Leu His Thr Thr His Thr Pro Ser Phe Leu Gly Leu Gln Gln Asn Lys
115 120 125

Gly Val Trp Lys Asp Ser Asn Tyr Gly Lys Gly Val Ile Ile Gly Val
130 135 140

Leu Asp Thr Gly Ile Ile Pro Asp His Pro Ser Phe Ser Asp Val Gly
145 150 155 160

Met Pro Ser Pro Pro Ala Lys Trp Lys Gly Val Cys Lys Ser Asn Phe
165 170 175

Thr Asn Lys Cys Asn Asn Lys Leu Ile Gly Ala Arg Ser Tyr Glu Leu
180 185 190

Gly Asn Ala Ser Pro Ile Asp Asn Asp Gly His Gly Thr His Thr Ala
195 200 205

Ser Thr Ala Ala Gly Ala Phe Val Lys Gly Ala Asn Val His Gly Asn
210 215 220

Ala Asn Gly Thr Ala Val Gly Val Ala Pro Leu Ala His Ile Ala Ile
225 230 235 240

Tyr Lys Val Cys Gly Phe Asp Gly Lys Cys Pro Gly Ser Asp Ile Leu
245 250 255

Ala Ala Met Asp Ala Ala Ile Asp Asp Gly Val Asp Ile Leu Ser Ile
260 265 270

Ser Leu Gly Gly Ser Leu Ser Pro Leu Tyr Asp Glu Thr Ile Ala Leu
275 280 285

Gly Ala Tyr Ser Thr Thr Gln Arg Gly Ile Leu Val Ser Cys Ser Ala
290 295 300

Gly Asn Ser Gly Pro Ser Pro Ala Ser Val Asp Asn Ser Ala Pro Trp
305 310 315 320

Ile Leu Thr Val Gly Ala Ser Thr Leu Asp Arg Lys Ile Lys Ala Thr
Page 149

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
325 330 335

Val Lys Leu Gly Asn Gly Glu Glu Phe Glu Gly Glu Ser Ala Tyr His
340 345 350

Pro Lys Thr Ser Asn Ala Thr Phe Phe Thr Leu Phe Asp Ala Ala Lys
355 360 365

Asn Ala Lys Asp Pro Ser Glu Thr Pro Tyr Cys Arg Arg Gly Ser Leu
370 375 380

Thr Asp Pro Ala Ile Arg Gly Lys Ile Val Leu Cys Leu Ala Phe Gly
385 390 395 400

Gly Val Ala Asn Val Asp Lys Gly Gln Ala Val Lys Asp Ala Gly Gly
405 410 415

Val Gly Met Ile Val Ile Asn Pro Ser Gln Tyr Gly Val Thr Lys Ser
420 425 430

Ala Asp Ala His Val Leu Pro Ala Leu Val Val Ser Ala Ala Asp Gly
435 440 445

Thr Lys Ile Arg Ala Tyr Thr Asn Ser Ile Leu Asn Pro Val Ala Thr
450 455 460

Ile Thr Phe Gln Gly Thr Ile Ile Gly Asp Lys Asn Ala Pro Ile Val
465 470 475 480

Ala Ala Phe Ser Ser Arg Gly Pro Asn Thr Ala Ser Arg Gly Ile Leu
485 490 495

Lys Pro Asp Ile Ile Gly Pro Gly Val Asn Ile Leu Ala Ala Trp Pro
500 505 510

Thr Ser Val Asp Gly Asn Lys Asn Thr Lys Ser Thr Phe Asn Ile Ile
515 520 525

Ser Gly Thr Ser Met Ser Cys Pro His Leu Ser Gly Val Ala Ala Leu
530 535 540

Leu Lys Ser Ser His Pro Asp Trp Ser Pro Ala Val Ile Lys Ser Ala
545 550 555 560

Ile Met Thr Thr Ala Asp Thr Leu Asn Leu Ala Ser Ser Pro Ile Leu
565 570 575

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.tx
 Asp Glu Arg Leu Ser Pro Ala Asp Ile Tyr Ala Ile Gly Ala Gly His
 580 585 590

Val Asn Pro Ser Arg Ala Asn Asp Pro Gly Leu Val Tyr Asp Thr Pro
 595 600 605

Phe Glu Asp Tyr Leu Pro Tyr Leu Cys Gly Leu Asn Tyr Thr Asn Ser
 610 615 620

Gln Val Gly Lys Leu Leu Lys Arg Lys Val Asn Cys Ser Glu Val Glu
 625 630 635 640

Ser Ile Pro Glu Ala Gln Leu Asn Tyr Pro Ser Phe Cys Ile Ser Arg
 645 650 655

Leu Gly Ser Thr Pro Gln Thr Phe Thr Arg Thr Val Thr Asn Val Gly
 660 665 670

Asp Ala Lys Ser Ser Tyr Thr Val Gln Ile Ala Ser Pro Lys Gly Val
 675 680 685

Val Val Lys Val Lys Pro Arg Lys Leu Ile Phe Ser Glu Leu Lys Gln
 690 695 700

Lys Leu Thr Tyr Gln Val Thr Phe Ser Lys Arg Thr Asn Ser Ser Lys
 705 710 715 720

Ser Gly Val Phe Glu Gly Phe Leu Lys Trp Asn Ser Asn Lys Tyr Ser
 725 730 735

Val Arg Ser Pro Ile Ala Val Glu Phe Ala Leu Ala Thr Lys Tyr Ser
 740 745 750

Asp Ile

<210> 47
 <211> 747
 <212> PRT
 <213> Solanum esculentum

<400> 47

Met Gly Phe Leu Lys Ile Leu Leu Ile Phe Ile Phe Cys Ser Phe Leu
 1 5 10 15

Arg Pro Ser Ile Gln Ser Asp Leu Glu Thr Tyr Ile Val His Val Glu
 20 25 30

SEQ-ID=PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Ser Pro Glu Asn Gln Ile Ser Thr Gln Ser Ser Leu Thr Asp Leu Glu
35 40 45

Ser Tyr Tyr Leu Ser Phe Leu Pro Lys Thr Thr Thr Ala Ile Ser Ser
50 55 60

Ser Gly Asp Glu Glu Ala Ala Ser Met Ile Tyr Ser Tyr His Asn Val
65 70 75 80

Met Lys Gly Phe Ala Ala Arg Leu Thr Ala Ala Gln Val Lys Glu Met
85 90 95

Glu Lys Lys His Gly Phe Val Ser Ala Gln Lys Gln Arg Ile Phe Ser
100 105 110

Leu His Thr Thr His Thr Pro Ser Phe Leu Gly Leu Gln Gln Asn Met
115 120 125

Gly Leu Trp Lys Asp Ser Asn Phe Gly Val Gly Val Ile Ile Gly Val
130 135 140

Leu Asp Thr Gly Ile Leu Pro Asp His Pro Ser Phe Ser Asp Val Gly
145 150 155 160

Met Pro Pro Pro Pro Ala Lys Trp Lys Gly Val Cys Glu Ser Asn Phe
165 170 175

Thr Thr Lys Cys Asn Asn Lys Leu Ile Gly Ala Arg Ser Tyr Gln Leu
180 185 190

Gly Asn Gly Ser Pro Ile Asp Asp Asn Gly His Gly Thr His Thr Ala
195 200 205

Gly Thr Ala Ala Gly Ala Phe Val Lys Gly Ala Asn Ile Phe Gly Asn
210 215 220

Ala Asn Gly Thr Ala Val Gly Val Ala Pro Leu Ala His Ile Ala Val
225 230 235 240

Tyr Lys Val Cys Ser Ser Asp Gly Gly Cys Ser Asp Ser Asp Ile Leu
245 250 255

Ala Ala Met Asp Ala Ala Ile Asp Asp Gly Val Asp Ile Leu Ser Ile
260 265 270

Ser Leu Gly Gly Ser Thr Lys Pro Phe His Asp Asp Gly Ile Ala Leu
275 280 285

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Gly Thr Tyr Ser Ala Thr Glu Arg Gly Ile Phe Val Ser Ala Ser Ala
290 295 300

Gly Asn Ser Gly Pro Ser Leu Gly Thr Val Ala Asn Glu Ala Pro Trp
305 310 315 320

Ile Leu Thr Val Gly Ala Ser Thr His Asp Arg Lys Leu Lys Val Thr
325 330 335

Val Lys Leu Gly Asn Ser Glu Glu Phe Glu Gly Glu Ser Ala Tyr His
340 345 350

Pro Lys Thr Ser Asn Ser Thr Phe Phe Pro Leu Tyr Asp Ala Gly Lys
355 360 365

Asn Glu Ser Asp Gln Phe Ser Ala Pro Phe Cys Ser Pro Gly Ser Leu
370 375 380

Asn Asp Pro Ala Ile Lys Gly Lys Ile Val Leu Cys Leu Arg Ser Ile
385 390 395 400

Ser Leu Leu Arg Val Ala Gln Gly Gln Ser Val Lys Asp Ala Gly Gly
405 410 415

Val Gly Met Ile Leu Ile Asn Glu Gln Glu Glu Gly Val Thr Lys Ser
420 425 430

Ala Glu Ala His Val Leu Pro Ala Leu Asp Val Ser Asn Ala Asp Gly
435 440 445

Lys Lys Ile Leu Ala Tyr Met Asn Ser Ser Ser Asn Pro Val Ala Ser
450 455 460

Ile Thr Phe His Gly Thr Val Ile Gly Asp Lys Asn Ala Pro Ile Val
465 470 475 480

Ala Ser Phe Ser Ser Arg Gly Pro Ser Val Ala Ser Pro Gly Ile Leu
485 490 495

Lys Pro Asp Ile Ile Gly Pro Gly Val Asn Val Leu Ala Ala Trp Pro
500 505 510

Thr Ser Val Asp Asn Asn Lys Asn Thr Lys Ser Thr Phe Asn Ile Val
515 520 525

Ser Gly Thr Ser Met Ser Cys Pro His Leu Ser Gly Val Ala Ala Leu
530 535 540

Page 153

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Leu Lys Ser Ala His Pro Asp Trp Ser Pro Ala Ala Ile Lys Ser Ala
545 550 555 560

Met Met Thr Thr Ala Asp Thr Val Asn Leu Ala Asn Ser Pro Ile Leu
565 570 575

Asp Glu Arg Leu Ile Ser Ala Asp Leu Phe Ala Met Gly Ala Gly His
580 585 590

Val Asn Pro Ser Arg Ala Ser Asp Pro Gly Leu Val Tyr Asp Thr Pro
595 600 605

Phe Glu Asp Tyr Ile Pro Tyr Leu Cys Gly Leu Asn Tyr Thr Asn Arg
610 615 620

Glu Val Gly Lys Val Leu Gln Arg Lys Val Asn Cys Ser Glu Val Lys
625 630 635 640

Arg Ile Pro Glu Gly Gln Leu Asn Tyr Pro Ser Phe Ser Ile Arg Leu
645 650 655

Gly Ser Thr Pro Gln Thr Tyr Thr Arg Thr Val Thr Asn Val Gly Asp
660 665 670

Ala Lys Ser Ser Tyr Lys Val Glu Ile Val Ser Pro Lys Gly Val Val
675 680 685

Val Lys Val Glu Pro Ser Ala Leu Asn Phe Ser Thr Leu Asn Gln Lys
690 695 700

Leu Thr Tyr Gln Val Ile Phe Thr Lys Thr Thr Asn Ile Ser Thr Thr
705 710 715 720

Ser Asp Val Glu Gly Phe Leu Lys Trp Asn Ser Asn Arg His Ser Val
725 730 735

Arg Ser Pro Ile Ala Val Arg Val Ser Ala Glu
740 745

<210> 48
<211> 747
<212> PRT
<213> Solanum esculentum

<400> 48

Met Gly Phe Leu Lys Ile Leu Leu Val Phe Ile Phe Gly Ser Phe Pro
1 5 10 15

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Trp Pro Thr Ile Gln Ser Asn Leu Glu Thr Tyr Leu Val His Val Glu
20 25 30

Ser Pro Glu Ser Leu Ile Ser Thr Gln Ser Ser Leu Thr Asp Leu Asp
35 40 45

Ser Tyr Tyr Leu Ser Phe Leu Pro Lys Thr Thr Thr Ala Ile Ser Ser
50 55 60

Ser Gly Asn Glu Glu Ala Ala Thr Met Ile Tyr Ser Tyr His Asn Val
65 70 75 80

Met Thr Gly Phe Ala Ala Arg Leu Thr Ala Glu Gln Val Lys Glu Met
85 90 95

Glu Lys Ile His Gly Phe Val Ser Ala Gln Lys Gln Arg Thr Leu Ser
100 105 110

Leu Asp Thr Thr His Thr Ser Ser Phe Leu Gly Leu Gln Gln Asn Met
115 120 125

Gly Val Trp Lys Asp Ser Asn Tyr Gly Lys Gly Val Ile Ile Gly Val
130 135 140

Ile Asp Thr Gly Ile Leu Pro Asp His Pro Ser Phe Ser Asp Val Gly
145 150 155 160

Met Pro Pro Pro Pro Ala Lys Trp Lys Gly Val Cys Glu Ser Asn Phe
165 170 175

Thr Asn Lys Cys Asn Asn Lys Leu Ile Gly Ala Arg Ser Tyr Gln Leu
180 185 190

Gly His Gly Ser Pro Ile Asp Asp Asp Gly His Gly Thr His Thr Ala
195 200 205

Ser Thr Ala Ala Gly Ala Phe Val Asn Gly Ala Asn Val Phe Gly Asn
210 215 220

Ala Asn Gly Thr Ala Ala Gly Val Ala Pro Phe Ala His Ile Ala Val
225 230 235 240

Tyr Lys Val Cys Asn Ser Asp Gly Cys Ala Asp Thr Asp Val Leu Ala
245 250 255

Ala Met Asp Ala Ala Ile Asp Asp Gly Val Asp Ile Leu Ser Ile Ser
Page 155

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
260 265 270

Leu Gly Gly Gly Gly Ser Ser Asp Phe Tyr Ser Asn Pro Ile Ala Leu
275 280 285

Gly Ala Tyr Ser Ala Thr Glu Arg Gly Ile Leu Val Ser Cys Ser Ala
290 295 300

Gly Asn Asn Gly Pro Ser Thr Gly Ser Val Gly Asn Glu Ala Pro Trp
305 310 315 320

Ile Leu Thr Val Gly Ala Ser Thr Gln Asp Arg Lys Leu Lys Ala Thr
325 330 335

Val Lys Leu Gly Asn Gly Glu Glu Phe Glu Gly Glu Ser Ala Tyr Arg
340 345 350

Pro Lys Ile Ser Asn Ser Thr Phe Phe Ala Leu Phe Asp Ala Gly Lys
355 360 365

Asn Ala Ser Asp Glu Phe Glu Thr Pro Tyr Cys Arg Ser Gly Ser Leu
370 375 380

Thr Asp Pro Val Ile Arg Gly Lys Ile Val Ile Cys Leu Ala Gly Gly
385 390 395 400

Gly Val Pro Arg Val Asp Lys Gly Gln Ala Val Lys Asp Ala Gly Gly
405 410 415

Val Gly Met Ile Ile Ile Asn Gln Gln Arg Ser Gly Val Thr Lys Ser
420 425 430

Ala Asp Ala His Val Leu Pro Ala Leu Asp Ile Ser Asp Ala Asp Gly
435 440 445

Thr Lys Ile Leu Ala Tyr Met Asn Ser Thr Ser Asn Pro Val Ala Thr
450 455 460

Ile Thr Phe Gln Gly Thr Ile Ile Gly Asp Lys Asn Ala Pro Ile Val
465 470 475 480

Ala Ala Phe Ser Ser Arg Gly Pro Ser Gly Ala Ser Ile Gly Ile Leu
485 490 495

Lys Pro Asp Ile Ile Gly Pro Gly Val Asn Ile Leu Ala Ala Trp Pro
500 505 510

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Thr Ser Val Asp Asp Asn Lys Asn Thr Lys Ser Thr Phe Asn Ile Ile
 515 520 525

Ser Gly Thr Ser Met Ser Cys Pro His Leu Ser Gly Val Ala Ala Leu
 530 535 540

Leu Lys Ser Thr His Pro Asp Trp Ser Pro Ala Ala Ile Lys Ser Ala
 545 550 555 560

Met Met Thr Thr Ala Asp Thr Leu Asn Leu Ala Asn Ser Pro Ile Leu
 565 570 575

Asp Glu Arg Leu Leu Pro Ala Asp Ile Tyr Ala Ile Gly Ala Gly His
 580 585 590

Val Asn Pro Ser Arg Ala Asn Asp Pro Gly Leu Val Tyr Asp Thr Pro
 595 600 605

Phe Glu Asp Tyr Val Pro Tyr Leu Cys Gly Leu Asn Tyr Thr Asn Arg
 610 615 620

Gln Val Gly Asn Leu Leu Gln Arg Lys Val Asn Cys Ser Glu Val Lys
 625 630 635 640

Ser Ile Leu Glu Ala Gln Leu Asn Tyr Pro Ser Phe Ser Ile Tyr Asp
 645 650 655

Leu Gly Ser Thr Pro Gln Thr Tyr Thr Arg Thr Val Thr Asn Val Gly
 660 665 670

Asp Ala Lys Ser Ser Tyr Lys Val Glu Val Ala Ser Pro Glu Gly Val
 675 680 685

Ala Ile Glu Val Glu Pro Ser Glu Leu Asn Phe Ser Glu Leu Asn Gln
 690 695 700

Lys Leu Thr Tyr Gln Val Thr Phe Ser Lys Thr Ala Asn Ser Ser Asn
 705 710 715 720

Thr Glu Val Ile Glu Gly Phe Leu Lys Trp Thr Ser Asn Arg His Ser
 725 730 735

Val Arg Ser Pro Ile Ala Leu Leu Leu Ile Gln
 740 745

<210> 49
 <211> 754
 <212> PRT

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
<213> Solanum esculentum

<400> 49

```

Met Gly Phe Leu Lys Ile Leu Leu Val Leu Ile Phe Cys Ser Phe Pro
1          5          10          15

Trp Pro Thr Ile Gln Ser Gly Leu Glu Ile Tyr Ile Val His Val Glu
20          25          30

Ser Pro Glu Ser Leu Ile Ser Thr Gln Ser Ser Phe Thr Asp Leu Asp
35          40          45

Ser Tyr Tyr Leu Ser Phe Leu Pro Glu Thr Thr Ser Ala Ile Ser Ser
50          55          60

Ser Gly Asn Glu Glu Ala Ala Thr Met Ile Tyr Ser Tyr His Asn Val
65          70          75          80

Met Thr Gly Phe Ala Ala Arg Leu Thr Ala Ser His Val Lys Glu Met
85          90          95

Glu Lys Lys Arg Gly Phe Val Ser Ala Gln Lys Gln Arg Ile Leu Ser
100         105         110

Leu Asp Thr Thr His Thr Pro Ser Phe Leu Gly Leu Gln Gln Asn Met
115         120         125

Gly Val Trp Lys Asp Ser Asn Tyr Gly Lys Gly Val Ile Ile Gly Val
130         135         140

Leu Asp Thr Gly Ile Leu Pro Asp His Pro Ser Phe Ser Asp Val Gly
145         150         155         160

Met Pro Pro Pro Pro Ala Lys Trp Lys Gly Val Cys Glu Ser Asn Phe
165         170         175

Thr Asn Lys Cys Asn Asn Lys Leu Ile Gly Ala Arg Ser Tyr His Leu
180         185         190

Gly Asn Gly Ser Pro Ile Asp Gly Asp Gly His Gly Thr His Thr Ala
195         200         205

Ser Thr Ala Ala Gly Ala Phe Val Lys Gly Ala Asn Val Tyr Gly Asn
210         215         220

Ala Asn Gly Thr Ala Val Gly Val Ala Pro Leu Ala His Ile Ala Val
225         230         235         240

```

Page 158

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Tyr Lys Val Cys Ser Ser Asp Gly Gly Cys Ser Asp Ser Asp Ile Leu
245 250 255

Ala Ala Met Asp Ser Ala Ile Asp Asp Gly Val Asp Ile Leu Ser Ile
260 265 270

Ser Ile Gly Gly Ser Pro Asn Ser Leu Tyr Asp Asp Pro Ile Ala Leu
275 280 285

Gly Ala Tyr Ser Ala Thr Ala Arg Gly Val Phe Val Ser Cys Ser Ala
290 295 300

Gly Asn Arg Gly Pro Leu Leu Ala Ser Val Gly Asn Ala Ala Pro Trp
305 310 315 320

Ile Leu Thr Val Gly Ala Ser Thr Leu Asp Arg Lys Ile Lys Ala Thr
325 330 335

Val Lys Leu Gly Asn Gly Glu Glu Phe Glu Gly Glu Ser Ala Tyr Arg
340 345 350

Pro Gln Thr Ser Asn Ser Thr Phe Phe Thr Leu Phe Asp Ala Ala Lys
355 360 365

His Ala Lys Asp Pro Ser Glu Thr Pro Tyr Cys Arg Pro Gly Ser Leu
370 375 380

Thr Asp Pro Val Ile Arg Gly Lys Ile Val Leu Cys Leu Ala Cys Gly
385 390 395 400

Gly Val Ser Ser Val Asp Lys Gly Lys Val Val Lys Asp Ala Gly Gly
405 410 415

Val Gly Met Ile Val Ile Asn Pro Ser Gln Tyr Gly Val Thr Lys Ser
420 425 430

Ala Asp Ala His Val Leu Pro Ala Leu Asp Val Ser Asp Ala Asp Gly
435 440 445

Thr Arg Ile Arg Ala Tyr Thr Asn Ser Ile Leu Asn Pro Val Ala Thr
450 455 460

Ile Thr Phe Gln Gly Thr Ile Ile Gly Asp Glu Asn Ala Pro Ile Val
465 470 475 480

Ala Ala Phe Ser Ser Arg Gly Pro Asn Thr Ala Ser Pro Gly Ile Leu
485 490 495

Page 159

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Lys Pro Asp Ile Ile Gly Pro Gly Val Asn Ile Leu Ala Ala Trp Pro
500 505 510

Thr Ser Val Asp Gly Asn Lys Asn Thr Lys Ser Thr Phe Asn Ile Ile
515 520 525

Ser Gly Thr Ser Met Ser Cys Pro His Leu Ser Gly Val Ala Ala Leu
530 535 540

Leu Lys Ser Ser His Pro Asp Trp Ser Pro Ala Val Ile Lys Ser Ala
545 550 555 560

Ile Met Thr Thr Ala Asp Thr Leu Asn Leu Ala Ser Ser Pro Ile Leu
565 570 575

Asp Glu Arg Leu Ser Pro Ala Asp Ile Tyr Ala Ile Gly Ala Gly His
580 585 590

Val Asn Pro Ser Arg Ala Asn Asp Pro Gly Leu Val Tyr Asp Thr Pro
595 600 605

Phe Glu Asp Tyr Leu Pro Tyr Leu Cys Gly Leu Asn Tyr Thr Asn Ser
610 615 620

Gln Val Gly Lys Leu Leu Lys Arg Lys Val Asn Cys Ser Glu Val Glu
625 630 635 640

Ser Ile Pro Glu Ala Gln Leu Asn Tyr Pro Ser Phe Cys Ile Ser Arg
645 650 655

Leu Gly Ser Thr Pro Gln Thr Phe Thr Arg Thr Val Thr Asn Val Gly
660 665 670

Asp Ala Lys Ser Ser Tyr Thr Val Gln Ile Ala Ser Pro Lys Gly Val
675 680 685

Val Val Lys Val Lys Pro Arg Lys Leu Ile Phe Ser Glu Leu Lys Gln
690 695 700

Lys Leu Thr Tyr Gln Val Thr Phe Ser Lys Arg Thr Asn Ser Ser Lys
705 710 715 720

Ser Gly Val Phe Glu Gly Phe Leu Lys Trp Asn Ser Asn Lys Tyr Ser
725 730 735

Val Arg Ser Pro Ile Ala Val Glu Phe Ala Leu Ala Thr Lys Tyr Ser
Page 160

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
740 745 750

Asp Ile

<210> 50
<211> 745
<212> PRT
<213> Solanum esculentum

<400> 50

Met Gly Phe Leu Lys Ile Leu Leu Val Phe Ile Phe Cys Ser Phe Pro
1 5 10 15

Trp Pro Thr Ile Gln Ser Asn Leu Glu Thr Tyr Leu Val His Val Glu
20 25 30

Ser Pro Glu Ser Leu Ile Ser Thr Gln Ser Ser Leu Thr Asp Leu Asp
35 40 45

Ser Tyr Tyr Leu Ser Phe Leu Pro Lys Thr Thr Thr Ala Ile Ser Ser
50 55 60

Ser Gly Asn Glu Glu Ala Ala Thr Met Ile Tyr Ser Tyr His Asn Val
65 70 75 80

Met Thr Gly Phe Ala Ala Arg Leu Thr Ala Glu Gln Val Lys Glu Met
85 90 95

Glu Lys Ile His Gly Phe Val Ser Ala Gln Lys Gln Arg Thr Leu Ser
100 105 110

Leu Asp Thr Thr His Thr Ser Ser Phe Leu Gly Leu Gln Gln Asn Met
115 120 125

Gly Val Trp Lys Asp Ser Asn Tyr Gly Lys Gly Val Ile Ile Gly Val
130 135 140

Ile Asp Thr Gly Ile Leu Pro Asp His Pro Ser Phe Ser Asp Val Gly
145 150 155 160

Met Pro Pro Pro Pro Ala Lys Trp Lys Gly Val Cys Glu Ser Asn Phe
165 170 175

Thr Asn Lys Cys Asn Asn Lys Leu Ile Gly Ala Arg Ser Tyr Gln Leu
180 185 190

Gly His Gly Ser Pro Ile Asp Asp Asp Gly His Gly Thr His Thr Ala
Page 161

195 SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 ...SCHROEDER_SD2012-290...ST25.txt
200 205

Ser Thr Ala Ala Gly Ala Phe Val Asn Gly Ala Asn Val Phe Gly Asn
210 215 220

Ala Asn Gly Thr Ala Ala Gly Val Ala Pro Phe Ala His Ile Ala Val
225 230 235 240

Tyr Lys Val Cys Asn Ser Asp Gly Cys Ala Asp Thr Asp Val Leu Ala
245 250 255

Ala Met Asp Ala Ala Ile Asp Asp Gly Val Asp Ile Leu Ser Ile Ser
260 265 270

Leu Gly Gly Gly Gly Ser Ser Asp Phe Tyr Ser Asn Pro Ile Ala Leu
275 280 285

Gly Ala Tyr Ser Ala Thr Glu Arg Gly Ile Leu Val Ser Cys Ser Ala
290 295 300

Gly Asn Asn Gly Pro Ser Thr Gly Ser Val Gly Asn Glu Ala Pro Trp
305 310 315 320

Ile Leu Thr Val Gly Ala Ser Thr Gln Asp Arg Lys Leu Lys Ala Thr
325 330 335

Val Lys Leu Gly Asn Arg Glu Glu Phe Glu Gly Glu Ser Ala Tyr Arg
340 345 350

Pro Lys Ile Ser Asn Ser Thr Phe Phe Ala Leu Phe Asp Ala Gly Lys
355 360 365

Asn Ala Ser Asp Glu Phe Glu Thr Pro Tyr Cys Arg Ser Gly Ser Leu
370 375 380

Thr Asp Pro Val Ile Arg Gly Lys Ile Val Ile Cys Leu Ala Gly Gly
385 390 395 400

Gly Val Pro Arg Val Asp Lys Gly Gln Ala Val Lys Asp Ala Gly Gly
405 410 415

Val Gly Met Ile Ile Ile Asn Gln Gln Arg Ser Gly Val Thr Lys Ser
420 425 430

Ala Asp Ala His Val Ile Pro Ala Leu Asp Ile Ser Asp Ala Asp Gly
435 440 445

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Thr Lys Ile Leu Ala Tyr Met Asn Ser Thr Ser Asn Pro Val Ala Thr
 450 455 460
 Ile Thr Phe Gln Gly Thr Ile Ile Gly Asp Lys Asn Ala Pro Ile Val
 465 470 475 480
 Ala Ala Phe Ser Ser Arg Gly Pro Ser Gly Ala Ser Ile Gly Ile Leu
 485 490 495
 Lys Pro Asp Ile Ile Gly Pro Gly Val Asn Ile Leu Ala Ala Trp Pro
 500 505 510
 Thr Ser Val Asp Asp Asn Lys Asn Thr Lys Ser Thr Phe Asn Ile Ile
 515 520 525
 Ser Gly Thr Ser Met Ser Cys Pro His Leu Ser Gly Val Arg Ala Leu
 530 535 540
 Leu Lys Ser Thr His Pro Asp Trp Ser Pro Ala Ala Ile Lys Ser Ala
 545 550 555 560
 Met Met Thr Thr Ala Asp Thr Leu Asn Leu Ala Asn Ser Pro Ile Leu
 565 570 575
 Asp Glu Arg Leu Leu Pro Ala Asp Ile Tyr Ala Ile Gly Ala Gly His
 580 585 590
 Val Asn Pro Ser Arg Ala Asn Asp Pro Gly Leu Val Tyr Asp Thr Pro
 595 600 605
 Phe Glu Asp Tyr Val Pro Tyr Leu Cys Gly Leu Asn Tyr Thr Asn Arg
 610 615 620
 Gln Val Gly Asn Leu Leu Gln Arg Lys Val Asn Cys Ser Glu Val Lys
 625 630 635 640
 Ser Ile Leu Glu Ala Gln Leu Asn Tyr Pro Ser Phe Ser Ile Tyr Asp
 645 650 655
 Leu Gly Ser Thr Pro Gln Thr Tyr Thr Arg Thr Val Thr Asn Val Gly
 660 665 670
 Asp Ala Lys Ser Ser Tyr Lys Val Glu Val Ala Ser Pro Glu Ala Leu
 675 680 685
 Pro Ser Lys Leu Thr Leu Arg Ala Asn Phe Ser Ser Asp Gln Lys Leu
 690 695 700

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Thr Tyr Gln Val Thr Phe Ser Lys Thr Ala Asn Ser Ser Asn Thr Glu
705 710 715 720

Val Ile Glu Gly Phe Leu Lys Trp Thr Ser Asn Arg His Ser Val Arg
725 730 735

Ser Pro Ile Ala Leu Leu Leu Ile Gln
740 745

<210> 51
<211> 777
<212> PRT
<213> Solanum esculentum
<400> 51

Met Glu Ser Arg Met Glu Phe Arg Tyr Phe Leu His Leu Leu Phe Leu
1 5 10 15

Ser Thr His Met Phe Cys Phe Leu Thr Ile Ala Gln Arg Ser Thr Tyr
20 25 30

Ile Val His Leu Asp Lys Ser Leu Met Pro Asn Val Phe Thr Asp His
35 40 45

His His Trp His Ser Ser Thr Ile Asp Ser Ile Lys Ala Ser Val Pro
50 55 60

Ser Ser Val Asp Arg Phe His Ser Ala Pro Lys Leu Val Tyr Ser Tyr
65 70 75 80

Asp Asn Val Phe His Gly Phe Ser Ala Val Leu Ser Gln Asn Glu Leu
85 90 95

Ala Ala Leu Lys Lys Leu Pro Gly Phe Val Ser Ala Tyr Glu Asp Arg
100 105 110

Thr Val Glu Pro His Thr Thr His Thr Ser Asp Phe Leu Lys Leu Asn
115 120 125

Pro Ser Ser Gly Leu Trp Pro Ala Ser Gly Leu Gly Gln Asp Val Ile
130 135 140

Ile Ala Val Leu Asp Gly Gly Ile Trp Pro Glu Ser Ala Ser Phe Gln
145 150 155 160

Asp Asp Gly Met Pro Glu Ile Pro Lys Arg Trp Lys Gly Ile Cys Arg
165 170 175

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Pro Gly Thr Gln Phe Asn Thr Ser Met Cys Asn Arg Lys Leu Ile Gly
180 185 190

Ala Asn Tyr Phe Asn Lys Gly Ile Leu Ala Asp Asp Pro Thr Val Asn
195 200 205

Ile Ser Met Asn Ser Ala Arg Asp Thr Asn Gly His Gly Thr His Cys
210 215 220

Ala Ser Ile Ala Ala Gly Asn Phe Ala Lys Asp Ala Ser His Phe Gly
225 230 235 240

Tyr Ala Pro Gly Ile Ala Arg Gly Val Ala Pro Arg Ala Arg Ile Ala
245 250 255

Val Tyr Lys Phe Ser Phe Ser Glu Gly Thr Phe Thr Ser Asp Leu Ile
260 265 270

Ala Ala Met Asp Gln Ala Val Ala Asp Gly Val Asp Met Ile Ser Ile
275 280 285

Ser Phe Gly Tyr Arg Phe Ile Pro Leu Tyr Glu Asp Ala Ile Ser Ile
290 295 300

Ala Ser Phe Gly Ala Met Met Lys Gly Val Leu Val Ser Ala Ser Ala
305 310 315 320

Gly Asn Arg Gly Pro Ser Val Gly Ser Leu Gly Asn Gly Ser Pro Trp
325 330 335

Ile Leu Cys Val Ala Ala Gly His Thr Asp Arg Arg Phe Ala Gly Thr
340 345 350

Leu Thr Leu Gly Asn Gly Leu Lys Ile Arg Gly Trp Ser Leu Phe Pro
355 360 365

Ala Arg Ala Tyr Val Arg Asp Ser Leu Val Ile Tyr Asn Lys Thr Leu
370 375 380

Ala Thr Cys Asp Ser Val Glu Leu Leu Ser Gln Val Pro Asp Ala Glu
385 390 395 400

Arg Thr Ile Val Ile Cys Asp Tyr Asn Ala Asp Glu Asp Gly Phe Gly
405 410 415

Phe Ala Ser Gln Ile Phe Asn Ile Asn Gln Ala Arg Val Lys Ala Gly
420 425 430

Page 165

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

Ile Phe Ile Ser Glu Asp Pro Thr Val Phe Thr Ser Ser Ser Phe Ser
  435                440                445

Tyr Pro Gly Val Val Ile Asn Lys Lys Glu Gly Lys Gln Val Ile Asn
  450                455                460

Tyr Val Lys Asn Ser Ala Ser Pro Thr Ala Thr Ile Thr Phe Gln Glu
  465                470                475                480

Thr Tyr Met Asp Gly Glu Arg Pro Ala Pro Ile Leu Ala Arg Phe Ser
  485                490                495

Ala Arg Gly Pro Ser Arg Ser Tyr Leu Gly Ile Pro Lys Pro Asp Ile
  500                505                510

Met Ala Pro Gly Val Leu Ile Leu Ala Ala Phe Pro Pro Asn Ile Phe
  515                520                525

Ser Glu Ser Ile Gln Asn Ile Glu Leu Ser Ser Asp Tyr Glu Leu Lys
  530                535                540

Ser Gly Thr Ser Met Ala Ala Pro His Ala Ala Gly Ile Ala Ala Met
  545                550                555                560

Leu Lys Gly Ala His Pro Glu Trp Ser Pro Ser Ala Ile Arg Ser Ala
  565                570                575

Met Met Thr Thr Ala Asn His Leu Asp Ser Thr Gln Lys Pro Ile Arg
  580                585                590

Glu Asp Asp Asn Met Ile Ala Thr Pro Leu Asp Met Gly Ala Gly His
  595                600                605

Val Asp Pro Asn Arg Ala Leu Asp Pro Gly Leu Val Tyr Asp Ala Thr
  610                615                620

Pro Gln Asp Tyr Ile Asn Leu Ile Cys Ser Met Asn Phe Thr Glu Glu
  625                630                635                640

Gln Phe Lys Thr Phe Ala Arg Ser Ser Ala Asn Tyr Asn Asn Cys Ser
  645                650                655

Asn Pro Ser Ala Asp Leu Asn Tyr Pro Ser Phe Ile Ala Leu Tyr Pro
  660                665                670

Phe Ser Leu Glu Gly Asn Phe Thr Trp Leu Glu Gln Lys Phe Arg Arg
  675                680                685

```

Page 166

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
675 680 685

Thr Leu Thr Asn Val Gly Lys Gly Gly Ala Thr Tyr Lys Val Lys Ile
690 695 700

Glu Thr Pro Lys Asn Ser Thr Val Ser Val Ser Pro Arg Thr Leu Val
705 710 715 720

Phe Lys Gly Lys Asn Asp Lys Gln Ser Tyr Asn Leu Thr Ile Arg Tyr
725 730 735

Ile Gly Asp Ser Asp Gln Ser Lys Asn Phe Gly Ser Ile Thr Trp Val
740 745 750

Glu Glu Asn Gly Asn His Thr Val Arg Ser Pro Ile Val Thr Ser Thr
755 760 765

Ile Ile Glu Val Trp Gly Ser Glu Asp
770 775

<210> 52
<211> 666
<212> PRT
<213> Solanum esculentum

<400> 52

Met Gly Phe Phe Lys Ile Leu Phe Val Phe Ile Phe Cys Ser Phe Pro
1 5 10 15

Trp Pro Thr Ile Gln Ser Asp Leu Glu Thr Tyr Ile Val His Val Glu
20 25 30

Ser Pro Glu Ser Leu Ile Thr Thr Gln Ser Ser Leu Thr Asp Leu Asp
35 40 45

Ser Tyr Tyr Leu Ser Phe Leu Pro Lys Thr Thr Thr Thr Ile Ser Ser
50 55 60

Ser Gly Asn Glu Glu Ala Ala Thr Met Ile Tyr Ser Tyr His Asn Val
65 70 75 80

Met Thr Gly Phe Ala Ala Arg Leu Thr Ala Glu Gln Val Lys Glu Met
85 90 95

Glu Lys Lys His Gly Phe Val Ser Ala Gln Lys Gln Arg Ile Leu Ser
100 105 110

Leu His Thr Thr His Thr Pro Ser Phe Leu Gly Leu Gln Gln Asn Met
Page 167

115 SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
120 125

Gly Leu Trp Lys Asp Ser Asn Tyr Gly Lys Gly Val Ile Ile Gly Val
130 135 140

Ile Asp Thr Gly Ile Val Pro Asp His Pro Ser Leu Ser Asp Val Gly
145 150 155 160

Met Pro Ser Pro Pro Ala Lys Trp Lys Gly Val Cys Glu Ser Asn Phe
165 170 175

Thr Asn Lys Cys Asn Asn Lys Leu Ile Gly Ala Arg Ser Tyr Gln Leu
180 185 190

Ala Asn Gly Ser Pro Ile Asp Asp Asp Gly His Gly Thr His Thr Ala
195 200 205

Ser Thr Ala Ala Gly Ala Phe Val Asn Gly Ala Asn Val Phe Gly Asn
210 215 220

Ala Asn Gly Thr Ala Val Gly Val Ala Pro Leu Ala His Ile Ala Ile
225 230 235 240

Tyr Lys Val Cys Ser Ser Asp Gly Cys Ser Asp Ser Asp Ile Leu Ala
245 250 255

Ala Met Asp Ala Ala Ile Asp Asp Gly Val Asp Ile Leu Ser Ile Ser
260 265 270

Leu Gly Gly Ser Pro Ile Pro Leu Tyr Glu Asp Ser Ile Ala Met Gly
275 280 285

Ala Tyr Ser Ala Thr Glu Arg Gly Ile Leu Val Ser Cys Ser Ala Gly
290 295 300

Asn Asp Gly His Ser Met Gly Ser Val Asp Asn Ser Ala Pro Trp Ile
305 310 315 320

Leu Thr Val Gly Ala Ser Thr Leu Asp Arg Lys Ile Lys Ala Thr Val
325 330 335

Lys Leu Gly Asn Arg Glu Glu Phe Gln Gly Glu Ser Ala Tyr Arg Pro
340 345 350

Gln Ile Ser Asn Ser Thr Phe Phe Thr Leu Phe Asp Ala Ala Lys Asn
355 360 365

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
Ala Ser Asp Glu Phe Lys Thr Pro Tyr Cys Arg Pro Gly Ser Leu Thr
370 375 380
Asp Pro Ala Ile Arg Gly Lys Ile Val Leu Cys Leu Ala Phe Gly Gly
385 390 395 400
Val Thr Ile Val Asp Lys Gly Gln Ala Val Lys Asp Ala Gly Gly Val
405 410 415
Gly Met Ile Ile Ile Asn Ser Pro Asp Asp Gly Val Thr Lys Ser Ala
420 425 430
Asp Ala His Val Leu Pro Ala Leu Asp Val Ser Asp Ala Asp Gly Thr
435 440 445
Lys Ile Leu Ala Tyr Met Asn Ser Thr Ser Asn Pro Val Ala Thr Ile
450 455 460
Ala Phe Gln Gly Thr Ile Ile Gly Asp Lys Asn Ala Pro Met Val Ala
465 470 475 480
Ala Phe Ser Ser Arg Gly Pro Ser Arg Ala Ser Pro Gly Ile Leu Lys
485 490 495
Pro Asp Ile Ile Gly Pro Gly Val Asn Ile Leu Ala Ala Trp Pro Thr
500 505 510
Ser Val Asp Asp Asn Lys Asp Thr Lys Ser Thr Phe Asn Ile Ile Ser
515 520 525
Gly Thr Ser Met Ser Cys Pro His Leu Ser Gly Val Ala Ala Leu Leu
530 535 540
Lys Ser Thr His Pro Asp Trp Ser Pro Ala Ala Ile Lys Ser Ala Ile
545 550 555 560
Met Thr Thr Ala Asp Thr Leu Asn Leu Ala Asn Ser Pro Ile Leu Asp
565 570 575
Glu Arg Leu Leu Pro Ala Asp Ile Phe Ala Thr Gly Ala Gly His Val
580 585 590
Asn Pro Ser Arg Ala Asn Asp Pro Gly Leu Val Tyr Asp Ile Pro Phe
595 600 605
Glu Asp Tyr Leu Pro Tyr Leu Cys Gly Leu Asn Tyr Thr Asn Arg Gln
610 615 620

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Val Gly Asn Leu Leu Gln Arg Arg Val Asn Cys Ser Glu Val Lys Ile
625 630 635 640

Ile Leu Glu Ala Gln Leu Asn Tyr Pro Ser Phe Cys Ile Thr Glu Leu
645 650 655

Gly Ser Arg Leu Phe Glu Arg Thr Leu Ile
660 665

<210> 53
<211> 770
<212> PRT
<213> Glycine max
<400> 53

Met Lys Gly Asn Asn Thr Leu Leu Leu His Leu Phe Tyr Thr Leu Leu
1 5 10 15

Leu Phe Leu Gly Val Ser Ala Gly Asn Gly Asn Asn Asp Asp Thr Asn
20 25 30

Arg Lys Glu Val Tyr Ile Val Tyr Met Gly Ala Ala Asp Ser Thr Asn
35 40 45

Val Ser Leu Arg Asn Asp His Ala Gln Val Leu Asn Leu Val Leu Arg
50 55 60

Arg Asn Glu Asn Ala Leu Val Arg Asn Tyr Lys His Gly Phe Ser Gly
65 70 75 80

Phe Ala Ala Arg Leu Ser Lys Glu Glu Ala Ala Ser Ile Ala His Lys
85 90 95

Pro Gly Val Val Ser Val Phe Pro Asp Pro Ile Leu Asn Leu His Thr
100 105 110

Thr Arg Ser Trp Glu Phe Leu Lys Tyr Gln Thr His Val Lys Ile Asp
115 120 125

Thr Lys Pro Asn Ala Val Ser Asn Ser Ser Ser Ser Asp Ile Ile
130 135 140

Leu Gly Val Leu Asp Thr Gly Ile Trp Pro Glu Ala Ala Ser Phe Ser
145 150 155 160

Asp Glu Gly Met Gly Pro Val Pro Ser Arg Trp Lys Gly Thr Cys Met
165 170 175

Page 170

SEQ-ID=PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Lys Ser Gln Asp Phe Asn Ser Ser Asn Cys Asn Arg Lys Leu Ile Gly
180 185 190

Ala Arg Phe Tyr Thr Asp Pro Thr Gly Asn Asp Asp Glu Gly Asp
195 200 205

Asn Thr Pro Arg Asp Ser Val Gly His Gly Thr His Val Ala Ser Thr
210 215 220

Ala Val Gly Ala Thr Val Thr Asn Ala Ser Tyr Tyr Gly Leu Ala Ala
225 230 235 240

Gly Ser Ala Thr Gly Gly Ser Ser Glu Ser Arg Leu Ala Val Tyr Arg
245 250 255

Val Cys Ser Asn Phe Gly Cys Arg Gly Ser Ala Ile Leu Gly Ala Phe
260 265 270

Asp Asp Ala Ile Ser Asp Gly Val Asp Val Leu Ser Leu Ser Leu Gly
275 280 285

Ala Ser Pro Gly Phe Gln Pro Asp Leu Thr Thr Asp Pro Ile Ala Leu
290 295 300

Gly Ala Phe His Ala Val Glu Arg Gly Ile Leu Val Val Cys Ser Ala
305 310 315 320

Gly Asn Ser Gly Pro Ser Ser Ser Thr Val Val Asn Asp Ala Pro Trp
325 330 335

Ile Leu Thr Val Ala Ala Ser Thr Ile Asp Arg Asp Phe Gln Ser Asp
340 345 350

Val Val Leu Gly Val Asp Lys Thr Val Lys Gly Arg Ala Ile Asn Phe
355 360 365

Ser Pro Leu Ser Asn Ser Ala Glu Tyr Pro Met Ile Tyr Gly Glu Ser
370 375 380

Ala Lys Ala Ala Ser Thr Ser Leu Ala Glu Ala Arg Gln Cys His Pro
385 390 395 400

Asp Ser Leu Asp Ala Asn Lys Val Lys Gly Lys Ile Val Val Cys Asp
405 410 415

Gly Lys Asn Asp Gly Tyr Ser Thr Ser Glu Lys Ile Gly Thr Val Lys
420 425 430

Page 171

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Glu Ala Gly Gly Ile Gly Leu Val His Ile Thr Asp Gln Asn Gly Ala
435 440 445

Ile Ala Ser Tyr Tyr Gly Asp Phe Pro Ala Thr Val Ile Ser Ser Lys
450 455 460

Asp Gly Val Thr Ile Leu Gln Tyr Ile Asn Ser Thr Ser Asn Pro Val
465 470 475 480

Ala Thr Ile Leu Pro Thr Ala Thr Val Leu Asp Tyr Lys Pro Ala Pro
485 490 495

Val Val Pro Asn Phe Ser Ser Arg Gly Pro Ser Ser Leu Ser Ser Asn
500 505 510

Ile Leu Lys Pro Asp Ile Ala Ala Pro Gly Val Asn Ile Leu Ala Ala
515 520 525

Trp Ile Gly Asn Asn Ala Asp Asp Val Pro Lys Gly Arg Lys Pro Ser
530 535 540

Leu Tyr Asn Ile Ile Ser Gly Thr Ser Met Ala Cys Pro His Val Ser
545 550 555 560

Gly Leu Ala Ser Ser Val Lys Thr Arg Asn Pro Thr Trp Ser Ala Ser
565 570 575

Ala Ile Lys Ser Ala Ile Met Thr Ser Ala Ile Gln Ile Asn Asn Leu
580 585 590

Lys Ala Pro Ile Thr Thr Asp Ser Gly Arg Val Ala Thr Pro Tyr Asp
595 600 605

Tyr Gly Ala Gly Glu Met Thr Thr Ser Glu Ser Leu Gln Pro Gly Leu
610 615 620

Val Tyr Glu Thr Asn Thr Ile Asp Tyr Leu Asn Tyr Leu Cys Tyr Ile
625 630 635 640

Gly Leu Asn Ile Thr Thr Val Lys Val Ile Ser Arg Thr Val Pro Ala
645 650 655

Asn Phe Ser Cys Pro Lys Asp Ser Ser Ser Asp Leu Ile Ser Asn Ile
660 665 670

Asn Tyr Pro Ser Ile Ala Val Asn Phe Thr Gly Lys Ala Ala Val Asn
Page 172

675 SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt 680 685

Val Ser Arg Thr Val Thr Asn Val Gly Glu Glu Asp Glu Thr Ala Tyr
690 695 700

Ser Pro Val Val Glu Ala Pro Ser Gly Val Lys Val Thr Val Thr Pro
705 710 715 720

Asp Lys Leu Gln Phe Thr Lys Ser Ser Lys Lys Leu Gly Tyr Gln Val
725 730 735

Ile Phe Ser Ser Thr Leu Thr Ser Leu Lys Glu Asp Leu Phe Gly Ser
740 745 750

Ile Thr Trp Ser Asn Gly Lys Tyr Met Val Arg Ser Pro Phe Val Leu
755 760 765

Thr Lys
770

<210> 54
<211> 766
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 54

Met Lys Gly Asn Asp Thr Leu Leu Leu His Leu Phe Tyr Thr Leu Leu
1 5 10 15

Leu Phe Leu Gly Val Arg Ser Ser Ser Ser Ala Gly Asn Gly Ser Asn
20 25 30

Asp Val Thr Asn Arg Lys Glu Val Tyr Ile Val Tyr Met Gly Ala Ala
35 40 45

Asp Ser Thr Asp Ala Ser Phe Arg Asn Asp His Ala Gln Val Leu Asn
50 55 60

Ser Val Leu Arg Arg Asn Glu Asn Ala Leu Val Arg Asn Tyr Lys His
65 70 75 80

Gly Phe Ser Gly Phe Ala Ala Arg Leu Ser Lys Lys Glu Ala Thr Ser
85 90 95

Ile Ala Gln Lys Pro Gly Val Val Ser Val Phe Pro Gly Pro Val Leu
100 105 110

Lys Leu His Thr Thr Arg Ser Trp Asp Phe Leu Lys Tyr Gln Thr Gln
Page 173

115 SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290...ST25.txt
120 125

Val Lys Ile Asp Thr Lys Pro Asn Ala Val Ser Lys Ser Ser Ser Val
130 135 140
Ile Gly Ile Leu Asp Thr Gly Ile Trp Pro Glu Ala Ala Ser Phe Ser
145 150 155 160
Asp Lys Gly Met Gly Pro Val Pro Ser Arg Trp Lys Gly Thr Cys Met
165 170 175
Lys Ser Gln Asp Phe Tyr Ser Ser Asn Cys Asn Arg Lys Leu Ile Gly
180 185 190
Ala Arg Tyr Tyr Ala Asp Pro Asn Asp Ser Gly Asp Asn Thr Ala Arg
195 200 205
Asp Ser Asn Gly His Gly Thr His Val Ala Gly Thr Ala Ala Gly Val
210 215 220
Met Val Thr Asn Ala Ser Tyr Tyr Gly Val Ala Thr Gly Cys Ala Lys
225 230 235 240
Gly Gly Ser Pro Glu Ser Arg Leu Ala Val Tyr Arg Val Cys Ser Asn
245 250 255
Phe Gly Cys Arg Gly Ser Ser Ile Leu Ala Ala Phe Asp Asp Ala Ile
260 265 270
Ala Asp Gly Val Asp Leu Leu Ser Val Ser Leu Gly Ala Ser Thr Gly
275 280 285
Phe Arg Pro Asp Leu Thr Ser Asp Pro Ile Ser Leu Gly Ala Phe His
290 295 300
Ala Met Glu His Gly Ile Leu Val Val Cys Ser Ala Gly Asn Asp Gly
305 310 315 320
Pro Ser Ser Tyr Thr Leu Val Asn Asp Ala Pro Trp Ile Leu Thr Val
325 330 335
Ala Ala Ser Thr Ile Asp Arg Asn Phe Leu Ser Asn Ile Val Leu Gly
340 345 350
Asp Asn Lys Ile Ile Lys Gly Lys Ala Ile Asn Leu Ser Pro Leu Ser
355 360 365

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Asn Ser Pro Lys Tyr Pro Leu Ile Tyr Gly Glu Ser Ala Lys Ala Asn
 370 375 380

Ser Thr Ser Leu Val Glu Ala Arg Gln Cys Arg Pro Asn Ser Leu Asp
 385 390 395 400

Gly Asn Lys Val Lys Gly Lys Ile Val Val Cys Asp Asp Lys Asn Asp
 405 410 415

Lys Tyr Ser Thr Arg Lys Lys Val Ala Thr Val Lys Ala Val Gly Gly
 420 425 430

Ile Gly Leu Val His Ile Thr Asp Gln Asn Glu Ala Ile Ala Ser Asn
 435 440 445

Tyr Gly Asp Phe Pro Ala Thr Val Ile Ser Ser Lys Asp Gly Val Thr
 450 455 460

Ile Leu Gln Tyr Ile Asn Ser Thr Ser Asn Pro Val Ala Thr Ile Leu
 465 470 475 480

Ala Thr Thr Ser Val Leu Asp Tyr Lys Pro Ala Pro Leu Val Pro Asn
 485 490 495

Phe Ser Ser Arg Gly Pro Ser Ser Leu Ser Ser Asn Ile Leu Lys Pro
 500 505 510

Asp Ile Ala Ala Pro Gly Val Asn Ile Leu Ala Ala Trp Ile Gly Asn
 515 520 525

Gly Thr Glu Val Val Pro Lys Gly Lys Lys Pro Ser Leu Tyr Lys Ile
 530 535 540

Ile Ser Gly Thr Ser Met Ala Cys Pro His Val Ser Gly Leu Ala Ser
 545 550 555 560

Ser Val Lys Thr Arg Asn Pro Ala Trp Ser Ala Ser Ser Ile Lys Ser
 565 570 575

Ala Ile Met Thr Ser Ala Ile Gln Ser Asn Asn Leu Lys Ala Pro Ile
 580 585 590

Thr Thr Glu Ser Gly Ser Val Ala Thr Pro Tyr Asp Tyr Gly Ala Gly
 595 600 605

Glu Met Thr Thr Ser Glu Pro Leu Gln Pro Gly Leu Val Tyr Glu Thr
 610 615 620

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

Ser Ser Val Asp Tyr Leu Asn Phe Leu Cys Tyr Ile Gly Phe Asn Val
625          630          635          640

Thr Thr Val Lys Val Ile Ser Lys Thr Val Pro Arg Asn Phe Asn Cys
          645          650          655

Pro Lys Asp Leu Ser Ser Asp His Ile Ser Asn Ile Asn Tyr Pro Ser
          660          665          670

Ile Ala Ile Asn Phe Ser Gly Lys Arg Ala Val Asn Leu Ser Arg Thr
          675          680          685

Val Thr Asn Val Gly Glu Asp Asp Glu Thr Val Tyr Ser Pro Ile Val
          690          695          700

Asp Ala Pro Ser Gly Val His Val Thr Leu Thr Pro Asn Lys Leu Arg
705          710          715          720

Phe Thr Lys Ser Ser Lys Lys Leu Ser Tyr Arg Val Ile Phe Ser Ser
          725          730          735

Thr Leu Thr Ser Leu Lys Glu Asp Leu Phe Gly Ser Ile Thr Trp Ser
          740          745          750

Asn Gly Lys Tyr Met Val Arg Ser Pro Phe Val Leu Thr Lys
          755          760          765

<210> 55
<211> 766
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 55

Met Lys Gly Asn Asp Thr Leu Leu Leu His Leu Phe Tyr Thr Leu Leu
1          5          10          15

Leu Phe Leu Gly Val Arg Ser Ser Ser Ser Ala Gly Asn Gly Ser Asn
          20          25          30

Asp Val Thr Asn Arg Lys Glu Val Tyr Ile Val Tyr Met Gly Ala Ala
          35          40          45

Asp Ser Thr Asp Ala Ser Phe Arg Asn Asp His Ala Gln Val Leu Asn
          50          55          60

Ser Val Leu Arg Arg Asn Glu Asn Ala Leu Val Arg Asn Tyr Lys His
65          70          75          80

```

Page 176

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Gly Phe Ser Gly Phe Ala Ala Arg Leu Ser Lys Lys Glu Ala Thr Ser
85 90 95

Ile Ala Gln Lys Pro Gly Val Val Ser Val Phe Pro Gly Pro Val Leu
100 105 110

Lys Leu His Thr Thr Arg Ser Trp Asp Phe Leu Lys Tyr Gln Thr Gln
115 120 125

Val Lys Ile Asp Thr Lys Pro Asn Ala Val Ser Lys Ser Ser Ser Val
130 135 140

Ile Gly Ile Leu Asp Thr Gly Ile Trp Pro Glu Ala Ala Ser Phe Ser
145 150 155 160

Asp Lys Gly Met Gly Pro Val Pro Ser Arg Trp Lys Gly Thr Cys Met
165 170 175

Lys Ser Gln Asp Phe Tyr Ser Ser Asn Cys Asn Arg Lys Leu Ile Gly
180 185 190

Ala Arg Tyr Tyr Ala Asp Pro Asn Asp Ser Gly Asp Asn Thr Ala Arg
195 200 205

Asp Ser Asn Gly His Gly Thr His Val Ala Gly Thr Ala Ala Gly Val
210 215 220

Met Val Thr Asn Ala Ser Tyr Tyr Gly Val Ala Thr Gly Cys Ala Lys
225 230 235 240

Gly Gly Ser Pro Glu Ser Arg Leu Ala Val Tyr Arg Val Cys Ser Asn
245 250 255

Phe Gly Cys Arg Gly Ser Ser Ile Leu Ala Ala Phe Asp Asp Ala Ile
260 265 270

Ala Asp Gly Val Asp Leu Leu Ser Val Ser Leu Gly Ala Ser Thr Gly
275 280 285

Phe Arg Pro Asp Leu Thr Ser Asp Pro Ile Ser Leu Gly Ala Phe His
290 295 300

Ala Met Glu His Gly Ile Leu Val Val Cys Ser Ala Gly Asn Asp Gly
305 310 315 320

Pro Ser Ser Tyr Thr Leu Val Asn Asp Ala Pro Trp Ile Leu Thr Val
325 330 335

Page 177

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Ala Ala Ser Thr Ile Asp Arg Asn Phe Leu Ser Asn Ile Val Leu Gly
340 345 350

Asp Asn Lys Ile Ile Lys Gly Lys Ala Ile Asn Leu Ser Pro Leu Ser
355 360 365

Asn Ser Pro Lys Tyr Pro Leu Ile Tyr Gly Glu Ser Ala Lys Ala Asn
370 375 380

Ser Thr Ser Leu Val Glu Ala Arg Gln Cys His Pro Asn Ser Leu Asp
385 390 395 400

Gly Asn Lys Val Lys Gly Lys Ile Val Val Cys Asp Asp Lys Asn Asp
405 410 415

Lys Tyr Ser Thr Arg Lys Lys Val Ala Thr Val Lys Ala Val Gly Gly
420 425 430

Ile Gly Leu Val His Ile Thr Asp Gln Asn Glu Ala Ile Ala Ser Asn
435 440 445

Tyr Gly Asp Phe Pro Ala Thr Val Ile Ser Ser Lys Asp Gly Val Thr
450 455 460

Ile Leu Gln Tyr Ile Asn Ser Thr Ser Asn Pro Val Ala Thr Ile Leu
465 470 475 480

Ala Thr Thr Ser Val Leu Asp Tyr Lys Pro Ala Pro Leu Val Pro Asn
485 490 495

Phe Ser Ser Arg Gly Pro Ser Ser Leu Ser Ser Asn Ile Leu Lys Pro
500 505 510

Asp Ile Ala Ala Pro Gly Val Asn Ile Leu Ala Val Trp Ile Gly Asn
515 520 525

Gly Thr Glu Val Val Pro Lys Gly Lys Lys Pro Ser Leu Tyr Lys Ile
530 535 540

Ile Ser Gly Thr Ser Met Ala Cys Pro His Val Ser Gly Leu Ala Ser
545 550 555 560

Ser Val Lys Thr Arg Asn Pro Thr Arg Ser Ala Ser Ser Ile Lys Ser
565 570 575

Ala Ile Met Thr Ser Ala Ile Gln Ser Asn Asn Leu Lys Ala Pro Ile
Page 178

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
580 585 590

Thr Thr Glu Ser Gly Ser Val Ala Thr Pro Tyr Asp Tyr Gly Ala Gly
595 600 605

Glu Met Thr Thr Ser Glu Pro Leu Gln Pro Gly Leu Val Tyr Glu Thr
610 615 620

Ser Ser Val Asp Tyr Leu Asn Phe Leu Cys Tyr Ile Gly Phe Asn Val
625 630 635 640

Thr Thr Val Lys Val Ile Ser Lys Thr Val Pro Arg Asn Phe Asn Cys
645 650 655

Pro Lys Asp Leu Ser Ser Asp His Ile Ser Ser Ile Asn Tyr Pro Ser
660 665 670

Ile Ala Ile Asn Phe Ser Gly Lys Arg Ala Val Asn Leu Ser Arg Thr
675 680 685

Val Thr Asn Val Gly Glu Asp Asp Glu Thr Val Tyr Ser Pro Ile Val
690 695 700

Asp Ala Pro Ser Gly Val His Val Thr Leu Thr Pro Asn Lys Leu Arg
705 710 715 720

Phe Thr Lys Ser Ser Lys Lys Leu Ser Tyr Arg Val Ile Phe Ser Ser
725 730 735

Thr Leu Thr Ser Leu Lys Glu Asp Leu Phe Gly Ser Ile Thr Trp Ser
740 745 750

Asn Gly Lys Tyr Met Val Arg Ser Pro Phe Val Leu Thr Lys
755 760 765

<210> 56
<211> 769
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 56

Met Lys Gly Asn Asn Thr Leu Leu Leu Pro Leu Phe Tyr Thr Leu Leu
1 5 10 15

Leu Phe Leu Gly Val Ser Ala Gly Asn Gly Ser Asn Asp Asp Thr Asn
20 25 30

Arg Lys Glu Val Tyr Ile Val Tyr Met Gly Ala Ala Asp Ser Thr Asn
Page 179

35 SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt 40 45

Ala Tyr Leu Arg Asn Asp His Val Gln Ile Leu Asn Ser Val Leu Lys
50 55 60

Arg Asn Glu Asn Ala Ile Val Arg Asn Tyr Lys His Gly Phe Ser Gly
65 70 75 80

Phe Ala Ala Arg Leu Ser Lys Glu Glu Ala Asn Ser Ile Ser Gln Lys
85 90 95

Pro Gly Val Val Ser Val Phe Pro Asp Pro Ile Leu Lys Leu His Thr
100 105 110

Thr Arg Ser Trp Asp Phe Leu Lys Ser Gln Thr Arg Val Asn Ile Asp
115 120 125

Thr Lys Pro Asn Thr Glu Ser Ser Ser Ser Ser Ser Asp Val Ile
130 135 140

Leu Gly Ile Leu Asp Thr Gly Ile Trp Pro Glu Ala Ala Ser Phe Ser
145 150 155 160

Asp Glu Gly Phe Gly Pro Val Pro Ser Arg Trp Lys Gly Thr Cys Met
165 170 175

Thr Ser Lys Asp Phe Asn Ser Ser Asn Cys Asn Arg Lys Leu Ile Gly
180 185 190

Ala Arg Phe Tyr Pro Asp Pro Asp Gly Lys Asn Asp Asp Asn Asp Lys
195 200 205

Thr Pro Arg Asp Ser Asn Gly His Gly Thr His Val Ala Ser Thr Ala
210 215 220

Val Cys Val Ala Val Ser Asn Ala Ser Phe Tyr Gly Leu Ala Thr Gly
225 230 235 240

Thr Ala Lys Gly Gly Ser Pro Glu Ser Arg Leu Ala Val Tyr Lys Val
245 250 255

Cys Tyr Arg Asn Gly Cys Arg Gly Ser Ala Ile Leu Ala Ala Phe Asp
260 265 270

Asp Ala Ile Ala Asp Gly Val Asp Val Leu Ser Leu Ser Leu Gly Val
275 280 285

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Leu Pro Leu Ser Arg Pro Lys Leu Thr Ser Asp Thr Ile Ala Ile Gly
 290 295 300

Ala Phe His Ala Val Gln Arg Gly Ile Leu Val Val Cys Ala Ala Gly
 305 310 315 320

Asn Ala Gly Pro Leu Lys Tyr Ser Val Val Asn Asp Ala Pro Trp Ile
 325 330 335

Leu Thr Val Ala Ala Ser Thr Ile Asp Arg Asp Leu Gln Ser Asn Val
 340 345 350

Val Leu Gly Thr Asn His Val Val Lys Gly Arg Ala Ile Asn Phe Ser
 355 360 365

Pro Leu Ser Asn Ser Pro Glu Tyr Pro Met Val Tyr Gly Glu Ser Ala
 370 375 380

Lys Ala Lys Arg Ala Asn Leu Gly Thr Ala Arg Lys Cys His Pro Asn
 385 390 395 400

Ser Leu Asp Arg Asn Lys Val Lys Gly Lys Ile Val Ile Cys Asp Gly
 405 410 415

Lys Lys Asp Pro Lys Tyr Ile Thr Met Glu Lys Ile Asn Ile Val Lys
 420 425 430

Ala Ala Gly Gly Ile Gly Leu Ala His Ile Thr Asp Gln Asp Gly Ser
 435 440 445

Val Ala Phe Asn Tyr Val Asp Phe Pro Ala Thr Glu Ile Ser Ser Lys
 450 455 460

Asp Gly Val Ala Leu Leu Gln Tyr Ile Asn Ser Thr Ser Asn Pro Val
 465 470 475 480

Gly Thr Ile Leu Ala Thr Val Thr Val Pro Asp Tyr Lys Pro Ala Pro
 485 490 495

Val Val Gly Phe Phe Ser Ser Arg Gly Pro Ser Thr Leu Ser Ser Asn
 500 505 510

Ile Leu Lys Pro Asp Ile Ala Ala Pro Gly Val Asn Ile Leu Ala Ala
 515 520 525

Trp Ile Gly Asp Asp Thr Ser Glu Val Pro Lys Gly Arg Lys Pro Ser
 530 535 540

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Leu Tyr Asn Ile Ile Ser Gly Thr Ser Met Ala Thr Pro His Val Ser
545 550 555 560

Gly Leu Val Cys Ser Val Lys Thr Gln Asn Pro Ser Trp Ser Ala Ser
565 570 575

Ala Ile Lys Ser Ala Ile Met Thr Ser Ala Ile Gln Asn Asp Asn Leu
580 585 590

Lys Ala Pro Ile Thr Thr Asp Ser Gly Ser Ile Ala Thr Pro Tyr Asp
595 600 605

Tyr Gly Ala Gly Glu Ile Thr Thr Ser Lys Pro Leu Gln Pro Gly Leu
610 615 620

Val Tyr Glu Thr Asn Thr Val Asp Tyr Leu Asn Tyr Leu Cys Tyr Thr
625 630 635 640

Gly His Asn Leu Thr Thr Val Lys Val Ile Ser Gly Thr Val Pro Asp
645 650 655

Asn Phe Asn Cys Pro Lys Asp Ser Thr Ser Asp Leu Ile Ser Asn Ile
660 665 670

Asn Tyr Pro Ser Ile Ala Val Asn Phe Thr Gly Lys Ala Asn Val Val
675 680 685

Val Ser Arg Thr Val Thr Asn Val Ala Glu Glu Asp Glu Thr Val Tyr
690 695 700

Ser Ala Val Val Glu Ala Pro Lys Gly Val Phe Val Lys Val Thr Pro
705 710 715 720

Asn Lys Leu Gln Phe Thr Lys Ser Ser Lys Lys Leu Ser Tyr Gln Val
725 730 735

Ile Phe Ala Pro Lys Ala Ser Leu Arg Lys Asp Leu Phe Gly Ser Ile
740 745 750

Thr Trp Ser Asn Gly Lys Tyr Ile Val Arg Ser Pro Phe Val Leu Thr
755 760 765

Lys

<210> 57
<211> 770

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 57

Met Lys Gly Asn Asn Thr Leu Leu Leu His Leu Phe Tyr Thr Thr Leu
1 5 10 15

Phe Leu Phe Leu Val Val Ser Ser Ser Ser Ser Thr Gly Asn Glu Ser
20 25 30

Asn Asp Asp Thr Asn Ser Lys Glu Val Tyr Ile Val Tyr Met Gly Ala
35 40 45

Ala Asp Ser Thr Lys Ala Ser Leu Lys Asn Glu His Ala Gln Ile Leu
50 55 60

Asn Ser Val Leu Arg Arg Asn Glu Asn Ala Leu Val Arg Asn Tyr Lys
65 70 75 80

His Gly Phe Ser Gly Phe Ala Ala Arg Leu Ser Lys Glu Glu Ala Asn
85 90 95

Ser Ile Ala Gln Lys Pro Gly Val Val Ser Val Phe Pro Asp Pro Ile
100 105 110

Leu Lys Leu His Thr Thr Arg Ser Trp Asp Phe Leu Lys Ser Gln Thr
115 120 125

Arg Val Asn Ile Asp Thr Lys Pro Asn Thr Leu Ser Gly Ser Ser Phe
130 135 140

Ser Ser Ser Asp Val Ile Leu Gly Val Leu Asp Thr Gly Ile Trp Pro
145 150 155 160

Glu Ala Ala Ser Phe Ser Asp Lys Gly Phe Gly Pro Val Pro Ser Arg
165 170 175

Trp Lys Gly Thr Cys Met Thr Ser Lys Asp Phe Asn Ser Ser Cys Cys
180 185 190

Asn Arg Lys Ile Ile Gly Ala Arg Phe Tyr Pro Asn Pro Glu Glu Lys
195 200 205

Thr Ala Arg Asp Phe Asn Gly His Gly Thr His Val Ser Ser Thr Ala
210 215 220

Val Gly Val Pro Val Ser Gly Ala Ser Phe Tyr Gly Leu Ala Ala Gly
225 230 235 240

Page 183

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Thr Ala Arg Gly Gly Ser Pro Glu Ser Arg Leu Ala Val Tyr Lys Val
245 250 255

Cys Gly Ala Phe Gly Ser Cys Pro Gly Ser Ala Ile Leu Ala Gly Phe
260 265 270

Asp Asp Ala Ile His Asp Gly Val Asp Ile Leu Ser Leu Ser Leu Gly
275 280 285

Gly Phe Gly Gly Thr Lys Thr Asp Leu Thr Thr Asp Pro Ile Ala Ile
290 295 300

Gly Ala Phe His Ser Val Gln Arg Gly Ile Leu Val Val Cys Ala Ala
305 310 315 320

Gly Asn Asp Gly Glu Pro Phe Thr Val Leu Asn Asp Ala Pro Trp Ile
325 330 335

Leu Thr Val Ala Ala Ser Thr Ile Asp Arg Asp Leu Gln Ser Asp Val
340 345 350

Val Leu Gly Asn Asn Gln Val Val Lys Gly Arg Ala Ile Asn Phe Ser
355 360 365

Pro Leu Leu Asn Ser Pro Asp Tyr Pro Met Ile Tyr Ala Glu Ser Ala
370 375 380

Ala Arg Ala Asn Ile Ser Asn Ile Thr Asp Ala Arg Gln Cys His Pro
385 390 395 400

Asp Ser Leu Asp Pro Lys Lys Val Ile Gly Lys Ile Val Val Cys Asp
405 410 415

Gly Lys Asn Asp Ile Tyr Tyr Ser Thr Asp Glu Lys Ile Val Ile Val
420 425 430

Lys Ala Leu Gly Gly Ile Gly Leu Val His Ile Thr Asp Gln Ser Gly
435 440 445

Ser Val Ala Phe Tyr Tyr Val Asp Phe Pro Val Thr Glu Val Lys Ser
450 455 460

Lys His Gly Asp Ala Ile Leu Gln Tyr Ile Asn Ser Thr Ser His Pro
465 470 475 480

Val Gly Thr Ile Leu Ala Thr Val Thr Ile Pro Asp Tyr Lys Pro Ala
Page 184

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
485 490 495

Pro Arg val Gly Tyr Phe Ser Ser Arg Gly Pro Ser Leu Ile Thr Ser
500 505 510

Asn Val Leu Lys Pro Asp Ile Ala Ala Pro Gly Val Asn Ile Leu Ala
515 520 525

Ala Trp Phe Gly Asn Asp Thr Ser Glu Val Pro Lys Gly Arg Lys Pro
530 535 540

Ser Leu Tyr Arg Ile Leu Ser Gly Thr Ser Met Ala Thr Pro His Val
545 550 555 560

Ser Gly Leu Ala Cys Ser Val Lys Arg Lys Asn Pro Thr Trp Ser Ala
565 570 575

Ser Ala Ile Lys Ser Ala Ile Met Thr Ser Ala Ile Gln Asn Asp Asn
580 585 590

Leu Lys Gly Pro Ile Thr Thr Asp Ser Gly Leu Ile Ala Thr Pro Tyr
595 600 605

Asp Tyr Gly Ala Gly Ala Ile Thr Thr Ser Glu Pro Leu Gln Pro Gly
610 615 620

Leu Val Tyr Glu Thr Asn Asn Val Asp Tyr Leu Asn Tyr Leu Cys Tyr
625 630 635 640

Asn Gly Leu Asn Ile Thr Met Ile Lys Val Ile Ser Gly Thr Val Pro
645 650 655

Glu Asn Phe Asn Cys Pro Lys Asp Ser Ser Ser Asp Leu Ile Ser Ser
660 665 670

Ile Asn Tyr Pro Ser Ile Ala Val Asn Phe Thr Gly Lys Ala Asp Ala
675 680 685

Val Val Ser Arg Thr Val Thr Asn Val Asp Glu Glu Asp Glu Thr Val
690 695 700

Tyr Phe Pro Val Val Glu Ala Pro Ser Glu Val Ile Val Thr Leu Phe
705 710 715 720

Pro Tyr Asn Leu Glu Phe Thr Thr Ser Ile Lys Lys Gln Ser Tyr Asn
725 730 735

SEQ-ID-PCT...USSN...61663071 ...SCHROEDER...SD2012-290...ST25.txt
 Ile Thr Phe Arg Pro Lys Thr Ser Leu Lys Lys Asp Leu Phe Gly Ser
 740 745 750

Ile Thr Trp Ser Asn Asp Lys Tyr Met Val Arg Ile Pro Phe Val Leu
 755 760 765

Thr Lys
 770

<210> 58
 <211> 778
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 58

Met Glu Gly Leu Gln Lys Phe Leu His Phe Phe Phe Val Ala Ser Leu
 1 5 10 15

Leu Ile Ser Thr Thr Ala Ile Ser Asp His Thr Pro Lys Pro Tyr Val
 20 25 30

Val Tyr Met Gly Asn Ser Ser Pro Asn Lys Ile Gly Val Glu Ser Gln
 35 40 45

Ile Ala Glu Ser Ser His Leu Gln Leu Leu Ser Leu Ile Ile Pro Ser
 50 55 60

Glu Glu Ser Glu Arg Ile Ala Leu Thr His His Phe Ser His Ala Phe
 65 70 75 80

Ser Gly Phe Ser Ala Met Leu Thr Glu Ser Glu Ala Ser Ala Leu Ser
 85 90 95

Gly His Asp Gly Val Val Ser Val Phe Pro Asp Pro Val Leu Glu Leu
 100 105 110

His Thr Thr Arg Ser Trp Asp Phe Leu Glu Ser Glu Leu Gly Met Lys
 115 120 125

Pro Tyr Tyr Ser His Gly Thr Pro Thr Leu His Lys His Pro Ser Thr
 130 135 140

Asp Ile Ile Ile Gly Val Ile Asp Thr Gly Ile Trp Pro Glu Ser Pro
 145 150 155 160

Ser Phe Arg Asp Glu Gly Ile Gly Glu Ile Pro Ser Lys Trp Lys Gly
 165 170 175

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
Val Cys Met Glu Gly Arg Asp Phe Lys Lys Ser Asn Cys Asn Arg Lys
180 185 190

Leu Ile Gly Ala Arg Tyr Tyr Lys Ile Gln Ala Thr Ser Gly Asp Asn
195 200 205

Gln Thr His Ile Glu Ala Ala Lys Gly Ser Pro Arg Asp Thr Val Gly
210 215 220

His Gly Thr His Thr Ala Ser Ile Ala Ala Gly Val His Val Asn Asn
225 230 235 240

Ala Ser Tyr Phe Gly Leu Ala Lys Gly Thr Ala Arg Gly Gly Ser Pro
245 250 255

Ser Thr Arg Ile Ala Ala Tyr Lys Thr Cys Ser Asp Glu Gly Cys Ser
260 265 270

Gly Ala Thr Ile Leu Lys Ala Ile Asp Asp Ala Val Lys Asp Gly Val
275 280 285

Asp Ile Ile Ser Ile Ser Ile Gly Leu Ser Ser Leu Phe Gln Ser Asp
290 295 300

Phe Leu Ser Asp Pro Ile Ala Ile Gly Ala Phe His Ala Glu Gln Lys
305 310 315 320

Gly Val Leu Val Val Cys Ser Ala Gly Asn Asp Gly Pro Asp Pro Phe
325 330 335

Thr Val Val Asn Ser Ala Pro Trp Ile Phe Thr Ile Ala Ala Ser Asn
340 345 350

Ile Asp Arg Asn Phe Gln Ser Thr Ile Val Leu Gly Asn Gly Lys Tyr
355 360 365

Leu Gln Gly Thr Gly Ile Asn Phe Ser Asn Leu Thr His Ser Lys Met
370 375 380

His Arg Leu Val Phe Gly Glu Gln Val Ala Ala Lys Phe Val Pro Ala
385 390 395 400

Ser Glu Ala Arg Asn Cys Phe Pro Gly Ser Leu Asp Phe Asn Lys Thr
405 410 415

Ala Gly Asn Ile Val Val Cys Val Asn Asp Asp Pro Ser Val Ser Arg
420 425 430

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Arg Ile Lys Lys Leu Val Val Gln Asp Ala Arg Ala Val Gly Ile Ile
435 440 445

Leu Ile Asn Glu Asn Asn Lys Asp Ala Pro Phe Asp Ala Gly Val Phe
450 455 460

Pro Phe Thr Gln Val Gly Asn Leu Glu Gly His Gln Ile Leu Lys Tyr
465 470 475 480

Ile Asn Ser Thr Lys Asn Pro Thr Ala Thr Ile Leu Pro Thr Thr Glu
485 490 495

Val Ala Arg Ser Lys Pro Ser Pro Ile Val Ala Ser Phe Ser Ser Arg
500 505 510

Gly Pro Ser Ser Leu Thr Glu Asn Ile Leu Lys Pro Asp Val Met Ala
515 520 525

Pro Gly Val Gly Ile Leu Ala Ala Val Ile Pro Lys Ser Lys Glu Pro
530 535 540

Gly Ser Val Pro Ile Gly Lys Lys Pro Ser Leu Tyr Ala Ile Lys Ser
545 550 555 560

Gly Thr Ser Met Ala Cys Pro His Val Thr Gly Ala Ala Ala Phe Ile
565 570 575

Lys Ser Val His Lys Lys Trp Ser Ser Ser Met Ile Lys Ser Ala Leu
580 585 590

Met Thr Thr Ala Thr Asn Tyr Asn Asn Met Arg Lys Pro Leu Thr Asn
595 600 605

Ser Ser Asn Ser Ile Ala Gly Pro His Glu Met Gly Val Gly Glu Ile
610 615 620

Asn Pro Leu Arg Ala Leu Asn Pro Gly Leu Val Phe Glu Thr Asp Val
625 630 635 640

Glu Asp Tyr Leu Arg Phe Leu Cys Tyr Phe Gly Tyr Ser Gln Lys Ile
645 650 655

Ile Arg Ser Ile Ser Glu Thr Asn Phe Asn Cys Pro Lys Asn Ser Ser
660 665 670

Glu Asp Leu Ile Ser Ser Val Asn Tyr Pro Ser Ile Ser Ile Ser Thr
675 680 685

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Leu Lys Arg Gln Gln Lys Ala Lys Val Ile Thr Arg Thr Val Thr Asn
690 695 700

Val Gly Tyr Leu Asn Ala Thr Tyr Thr Ala Lys Val Arg Ala Pro Gln
705 710 715 720

Gly Leu Val Val Glu Val Ile Pro Asn Lys Leu Val Phe Ser Glu Gly
725 730 735

Val Gln Arg Met Thr Tyr Lys Val Ser Phe Tyr Gly Lys Glu Ala His
740 745 750

Gly Gly Tyr Asn Phe Gly Ser Leu Thr Trp Leu Asp Gly His His Tyr
755 760 765

Val His Thr Val Phe Ala Val Lys Val Glu
770 775

<210> 59
<211> 777
<212> PRT
<213> Glycine max
<400> 59

Met Glu Cys Leu Gln Gln Phe Leu His Phe Leu Phe Val Ala Ser Leu
1 5 10 15

Leu Ile Ser Ser Thr Ala Ile Ser Asp Gln Ile Pro Lys Pro Tyr Val
20 25 30

Val Tyr Met Gly Asn Ser Ser Pro Asn Asn Ile Gly Val Glu Gly Gln
35 40 45

Ile Leu Glu Ser Ser His Leu His Leu Leu Ser Ser Ile Ile Pro Ser
50 55 60

Glu Gln Ser Glu Arg Ile Ala Leu Thr His His Phe Ser His Ala Phe
65 70 75 80

Ser Gly Phe Ser Ala Leu Leu Thr Glu Gly Glu Ala Ser Ala Leu Ser
85 90 95

Gly His Asp Ser Val Val Ser Val Phe Pro Asp Pro Val Leu Gln Leu
100 105 110

His Thr Thr Arg Ser Trp Asp Phe Leu Glu Ser Asp Leu Gly Met Lys
115 120 125

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

Pro Tyr Ser Tyr Gly Thr Pro Lys Leu His Gln His Ser Ser Ser Asp
 130          135          140

Ile Ile Ile Gly Val Ile Asp Thr Gly Ile Trp Pro Glu Ser Pro Ser
 145          150          155          160

Phe Arg Asp Glu Gly Ile Gly Glu Ile Pro Ser Arg Trp Lys Gly Val
          165          170          175

Cys Met Glu Gly Ser Asp Phe Lys Lys Ser Asn Cys Asn Arg Lys Leu
          180          185          190

Ile Gly Ala Arg Tyr Tyr Asn Ile Leu Ala Thr Ser Gly Asp Asn Gln
 195          200          205

Thr His Ile Glu Ala Thr Lys Gly Ser Pro Arg Asp Ser Val Gly His
 210          215          220

Gly Thr His Thr Ala Ser Ile Ala Ala Gly Val His Val Asn Asn Ala
 225          230          235          240

Ser Tyr Phe Gly Leu Ala Gln Gly Thr Ala Arg Gly Gly Ser Pro Ser
          245          250          255

Thr Arg Ile Ala Ala Tyr Lys Thr Cys Ser Asp Glu Gly Cys Ser Gly
          260          265          270

Ala Thr Ile Leu Lys Ala Ile Asp Asp Ala Val Lys Asp Gly Val Asp
          275          280          285

Ile Ile Ser Ile Ser Ile Gly Leu Ser Ser Leu Phe Gln Ser Asp Phe
 290          295          300

Leu Ser Asp Pro Ile Ala Ile Gly Ala Phe His Ala Glu Gln Lys Gly
 305          310          315          320

Val Leu Val Val Cys Ser Ala Gly Asn Asp Gly Pro Asp Pro Phe Thr
          325          330          335

Val Val Asn Thr Ala Pro Trp Ile Phe Thr Ile Ala Ala Ser Asn Ile
          340          345          350

Asp Arg Asn Phe Gln Ser Thr Ile Val Leu Gly Asn Gly Lys Tyr Phe
          355          360          365

Gln Gly Thr Gly Ile Asn Phe Ser Asn Leu Thr His Ser Lys Met His
          Page 190

```

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 ...SCHROEDER...SD2012-290...ST25.txt

370 375 380

Arg Leu Val Phe Gly Glu Gln Val Ala Ala Lys Phe Val Pro Ala Ser
385 390 395 400

Glu Ala Arg Asn Cys Phe Pro Gly Ser Leu Asp Phe Asn Lys Thr Ala
405 410 415

Gly Ser Ile Val Val Cys Val Asn Asp Asp Pro Thr Val Ser Arg Gln
420 425 430

Ile Lys Lys Leu Val Val Gln Asp Ala Arg Ala Ile Gly Ile Ile Leu
435 440 445

Ile Asn Glu Asp Asn Lys Asp Ala Pro Phe Asp Ala Gly Ala Phe Pro
450 455 460

Phe Thr Gln Val Gly Asn Leu Glu Gly His Gln Ile Leu Gln Tyr Ile
465 470 475 480

Asn Ser Thr Lys Asn Pro Thr Ala Thr Ile Leu Pro Thr Thr Glu Val
485 490 495

Ser Arg Leu Lys Pro Ser Pro Ile Val Ala Ser Phe Ser Ser Arg Gly
500 505 510

Pro Ser Ser Leu Thr Glu Asn Val Leu Lys Pro Asp Val Met Ala Pro
515 520 525

Gly Val Gly Ile Leu Ala Ala Val Ile Pro Lys Thr Lys Glu Pro Gly
530 535 540

Ser Val Pro Ile Gly Lys Lys Pro Ser Leu Tyr Ala Ile Lys Ser Gly
545 550 555 560

Thr Ser Met Ala Cys Pro His Val Thr Gly Ala Ala Ala Phe Ile Lys
565 570 575

Ser Val His Thr Lys Trp Ser Ser Ser Met Ile Lys Ser Ala Leu Met
580 585 590

Thr Thr Ala Thr Asn Tyr Asn Asn Leu Arg Lys Pro Leu Thr Asn Ser
595 600 605

Ser Asn Ser Ile Ala Asp Pro His Glu Met Gly Val Gly Glu Ile Asn
610 615 620

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Pro Leu Arg Ala Leu Asn Pro Gly Leu Val Phe Glu Thr Asp Val Glu
 625 630 635 640

Asp Tyr Leu Arg Phe Leu Cys Tyr Phe Gly Tyr Ser Gln Lys Ile Ile
 645 650 655

Arg Ser Met Ser Lys Thr Asn Phe Asn Cys Pro Lys Asn Ser Ser Glu
 660 665 670

Gly Leu Ile Ser Asn Val Asn Tyr Pro Ser Ile Ser Val Ser Thr Leu
 675 680 685

Lys Lys Gln Gln Lys Ala Lys Val Ile Thr Arg Lys Val Thr Asn Val
 690 695 700

Gly Ser Leu Asn Ala Thr Tyr Thr Ala Lys Val Leu Ala Pro Glu Gly
 705 710 715 720

Leu Val Val Lys Val Ile Pro Asn Lys Leu Val Phe Ser Glu Gly Val
 725 730 735

Gln Arg Met Thr Tyr Lys Val Ser Phe Tyr Gly Lys Glu Ala Arg Ser
 740 745 750

Gly Tyr Asn Phe Gly Ser Leu Thr Trp Leu Asp Gly His His Tyr Val
 755 760 765

His Thr Val Phe Ala Val Lys Val Glu
 770 775

<210> 60
 <211> 782
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 60

Met Ala Leu Ala Trp Asn Leu Val Ile Thr Leu Ile Leu Leu Leu
 1 5 10 15

Gln Gln Ser Cys Phe Leu Val Thr Phe Ala Ser Ser Asn Val His Ile
 20 25 30

Val Tyr Met Gly Asp Arg Met Ser Gln Ser Glu Gln Gln Leu Val Glu
 35 40 45

Asp Ser His Leu Asp Ile Leu Leu Arg Ile Leu Gly Ser Lys Val Ala
 50 55 60

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
Ala Arg Arg Ser Ile Leu Tyr Ser Tyr Lys His Gly Phe Ser Gly Phe
65 70 75 80
Ala Ala Val Leu Ser Gln Pro Gln Ala Lys Leu Ile Ala Asp Phe Pro
85 90 95
Gly Val Val Arg Val Ile Pro Asn Lys Ile Leu Ser Leu His Thr Thr
100 105 110
Arg Ser Trp Asp Phe Leu His Val Lys Gln Asp Ile Val Thr Gly Ala
115 120 125
Leu Ser Arg Gly Gln Ser Gly Arg Gly Thr Ile Ile Gly Ile Met Asp
130 135 140
Thr Gly Ile Trp Pro Glu Ser Glu Ser Phe Arg Asp Glu His Met Asp
145 150 155 160
Asn Pro Pro Leu His Trp Arg Gly Ile Cys Gln Glu Gly Glu Ser Phe
165 170 175
Asp His Ser His Cys Asn Ser Lys Ile Ile Gly Ala Arg Trp Tyr Ile
180 185 190
Lys Gly Tyr Glu Ala Glu Ile Gly Lys Leu Asn Thr Ser Asp Gly Val
195 200 205
Glu Tyr Leu Ser Pro Arg Asp Ala Ser Gly His Gly Thr His Thr Ser
210 215 220
Ser Thr Ala Ala Gly Val Ala Val Glu Asn Ala Ser Phe Met Gly Leu
225 230 235 240
Ala Lys Gly Leu Ala Arg Gly Gly Ala Pro Ser Ala Trp Leu Ala Ile
245 250 255
Tyr Lys Ile Cys Trp Ser Thr Gly Gly Cys Ser Ser Ala Asp Ile Leu
260 265 270
Ala Ala Phe Asp Asp Ala Ile Phe Asp Gly Val Asp Ile Leu Ser Ala
275 280 285
Ser Leu Gly Ser Asp Pro Pro Leu Pro Thr Tyr Val Glu Asp Ala Leu
290 295 300
Ala Ile Gly Ser Phe His Ala Val Ala Lys Gly Ile Ser Val Val Cys
305 310 315 320

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Ser Gly Gly Asn Ser Gly Pro Tyr Pro Gln Thr Val Ile Asn Thr Ala
325 330 335

Pro Trp Leu Val Thr Val Ala Ala Ser Thr Ile Asp Arg Glu Phe Ser
340 345 350

Ser Arg Ile Ile Leu Gly Asn Asn Gln Thr Leu Gln Gly Gln Ser Leu
355 360 365

Tyr Thr Gly Lys Asp Leu Ser Lys Phe Tyr Pro Ile Val Phe Gly Glu
370 375 380

Asp Ile Ala Ala Ser Asp Ser Asp Glu Glu Ser Ala Arg Ser Cys Asn
385 390 395 400

Ser Gly Ser Leu Asn Ser Thr Leu Ala Lys Gly Lys Ala Ile Leu Cys
405 410 415

Phe Gln Ser Arg Ser Gln Arg Ser Ala Thr Val Ala Ile Arg Thr Val
420 425 430

Thr Glu Ala Gly Gly Ala Gly Leu Ile Phe Ala Gln Phe Pro Thr Lys
435 440 445

Asp Val Asp Thr Ser Trp Ser Lys Pro Cys Val Gln Val Asp Phe Ile
450 455 460

Thr Gly Thr Thr Ile Leu Ser Tyr Met Glu Ala Thr Arg Asn Pro Val
465 470 475 480

Ile Lys Phe Ser Lys Thr Lys Thr Val Val Gly Arg Gln Leu Ser Pro
485 490 495

Glu Val Ala Phe Phe Ser Ser Arg Gly Pro Ser Ser Leu Ser Pro Ser
500 505 510

Val Leu Lys Pro Asp Ile Ala Ala Pro Gly Val Asn Ile Leu Ala Ala
515 520 525

Trp Ser Pro Ala Ser Ser Ala Arg Leu Val Ser Asp Ala Glu Asn Glu
530 535 540

Asp Glu Thr Glu Leu His Pro Leu Asn Phe Asn Ile Glu Ser Gly Thr
545 550 555 560

Ser Met Ala Cys Pro His Ile Thr Gly Ile Val Ala Leu Ile Lys Thr
565 570 575

Page 194

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

Ile His Pro Thr Trp Ser Pro Ala Ala Ile Lys Ser Ala Leu Val Thr
      580      585      590
Thr Ala Ser Leu Lys Asn Glu Tyr Lys Glu Tyr Ile Trp Ala Glu Gly
      595      600      605
Ala Pro His Lys Gln Ala Asp Pro Phe Asp Tyr Gly Gly Gly His Val
      610      615      620
Asp Pro Asn Lys Val Thr Asp Pro Gly Leu Val Tyr Asp Met Lys Asn
      625      630      635
Ser Asp Tyr Ile Arg Phe Leu Cys Ser Met Gly Tyr Asn Asn Thr Ala
      645      650      655
Ile Ser Ile Leu Thr Gly Phe Pro Thr Lys Cys His Lys Ser His Lys
      660      665      670
Phe Leu Leu Asn Met Asn Leu Pro Ser Ile Thr Ile Pro Glu Leu Lys
      675      680      685
Gln Pro Leu Thr Val Ser Arg Thr Val Thr Asn Val Gly Pro Val Lys
      690      695      700
Ser Asn Tyr Thr Ala Arg Val Val Ala Pro Ile Gly Ile Ser Val Ile
      705      710      715      720
Val Glu Pro Ser Thr Leu Ala Phe Ser Ser Lys Arg Lys Lys Met Lys
      725      730      735
Phe Lys Val Thr Phe Ser Ser Lys Leu Arg Val Gln Ser Arg Phe Ser
      740      745      750
Phe Gly Tyr Leu Leu Trp Glu Asp Gly Leu His Glu Val Arg Ile Pro
      755      760      765
Leu Ala Val Arg Ser Ala Val His Glu Phe Cys Gly Gln Ile
      770      775      780

<210> 61
<211> 774
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 61
Met Asp Thr Asn Ser Arg Asn Trp Arg Trp Ala Arg Lys Ala Gln Leu
1      5      10      15

```

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Leu Ile Ala Ser Ala Leu Leu Leu Leu Gln Asp Ser Leu Val Asn Ser
20 25 30

Ala Glu Ala Ser Ser Val His Ile Val Tyr Met Gly Asp Lys Ile Tyr
35 40 45

Gln Asn Pro Gln Thr Thr Lys Met Tyr His His Lys Met Leu Ser Ser
50 55 60

Leu Leu Gly Ser Lys Glu Ala Ala Lys Asn Ser Ile Leu Tyr Ser Tyr
65 70 75 80

Lys His Gly Phe Ser Gly Phe Ala Ala Arg Leu Thr Lys Tyr Gln Ala
85 90 95

Glu Ala Ile Ala Lys Phe Pro Gly Val Val Ser Val Ile Pro Asn Gly
100 105 110

Ile His Lys Leu His Thr Thr Arg Ser Trp Asp Phe Met Gly Val His
115 120 125

His Ser Thr Ser Lys Ile Ala Phe Ser Asp Ser Asn Leu Gly Glu Gly
130 135 140

Thr Ile Ile Gly Val Ile Asp Thr Gly Ile Trp Pro Glu Ser Pro Ser
145 150 155 160

Phe Asn Asp Glu Ala Met Gly Gln Ile Pro Ser Arg Trp Lys Gly Ile
165 170 175

Cys Gln Gly Gly Lys His Phe Asn Ser Thr Asn Cys Asn Lys Lys Ile
180 185 190

Ile Gly Ala Arg Trp Phe Met Lys Gly Ile Ser Asp Gln Thr Lys Lys
195 200 205

Leu Leu Gln Gly Asn Asn Ser Asp Glu Tyr Leu Ser Ala Arg Asp Ala
210 215 220

Ile Gly His Gly Thr His Thr Ala Ser Thr Ala Ala Gly Tyr Phe Val
225 230 235 240

Gly Asn Ala Asn Tyr Arg Gly Leu Ala Ser Gly Leu Ala Arg Gly Gly
245 250 255

Ala Pro Leu Ala His Leu Ala Ile Tyr Lys Ala Cys Trp Asp Phe Pro
Page 196

SEQ-ID=PCT...USSN...61663071 ...SCHROEDER...SD2012-290...ST25.txt
 260 265 270

Ile Gly Asp Cys Thr Asp Ala Asp Ile Leu Lys Ala Phe Asp Lys Ala
 275 280 285

Ile His Asp Gly Val Asp Val Leu Thr Val Ser Leu Gly Phe Ala Ile
 290 295 300

Pro Leu Phe Ser Tyr Val Asp Gln Arg Asp Ser Leu Ala Ile Gly Ser
 305 310 315 320

Phe His Ala Thr Ser Lys Gly Ile Thr Val Val Cys Ser Ala Gly Asn
 325 330 335

Ser Gly Pro Val Ser Gln Thr Val Thr Asn Thr Ala Pro Trp Ile Ile
 340 345 350

Thr Val Gly Ala Thr Thr Ile Asp Arg Ala Phe Pro Ala Ala Ile Thr
 355 360 365

Leu Gly Asn Asn Arg Thr Val Trp Gly Gln Ser Ile Asp Met Gly Lys
 370 375 380

His Asn Leu Gly Ser Val Gly Leu Thr Tyr Ser Glu Arg Ile Ala Val
 385 390 395 400

Asp Pro Ser Asp Asn Leu Ala Lys Asp Cys Gln Ser Gly Ser Leu Asn
 405 410 415

Ala Thr Met Ala Ala Gly Lys Ile Val Leu Cys Phe Ser Val Ser Asp
 420 425 430

Gln Gln Asp Ile Val Ser Ala Ser Leu Thr Val Lys Glu Ala Gly Gly
 435 440 445

Val Gly Leu Val Tyr Ala Gln Tyr His Glu Asp Gly Leu Asn Gln Cys
 450 455 460

Gly Ser Phe Pro Cys Ile Lys Val Asp Tyr Glu Val Gly Thr Gln Thr
 465 470 475 480

Leu Thr Tyr Ile Arg Arg Ser Arg Phe Pro Thr Ala Ser Leu Ser Phe
 485 490 495

Pro Lys Thr Val Ile Gly Lys Trp Thr Ser Pro Arg Val Ala Ser Phe
 500 505 510

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
Ser Ser Arg Gly Pro Ser Ser Met Ser Pro Thr Val Leu Lys Pro Asp
515 520 525
Ile Ala Ala Pro Gly Val Asp Ile Leu Ala Ala Phe Pro Pro Lys Gly
530 535 540
Thr Thr Arg Ser Ser Gly Phe Ala Phe Leu Ser Gly Thr Ser Met Ser
545 550 555 560
Cys Pro His Val Ala Gly Ile Ala Ala Leu Ile Lys Ser Lys His Pro
565 570 575
Thr Trp Ser Pro Ala Ala Ile Arg Ser Ala Leu Val Thr Thr Ala Ser
580 585 590
Gln Thr Gly Thr Asp Gly Ser Leu Ile Ser Glu Glu Gly Ser Thr His
595 600 605
Lys Ala Ala Asp Pro Phe Asp Ile Gly Gly Gly His Val Asp Pro Asn
610 615 620
Lys Ala Met Asp Pro Gly Leu Ile Tyr Asp Ile Thr Thr Glu Asp Tyr
625 630 635 640
Val Gln Phe Leu Cys Ser Met Gly His Ser Ser Ala Ser Ile Ser Lys
645 650 655
Val Thr Lys Thr Thr Thr Ser Cys Lys Lys Gly Lys His Gln Thr Leu
660 665 670
Asn Leu Asn Leu Pro Ser Ile Leu Val Pro Asn Leu Lys Arg Val Ala
675 680 685
Thr Val Met Arg Thr Val Thr Asn Val Gly Asn Ile Thr Ala Val Tyr
690 695 700
Lys Ala Leu Leu Lys Val Pro Tyr Gly Ile Lys Val Arg Val Glu Pro
705 710 715 720
Gln Thr Leu Ser Phe Asn Ser Asp Ala Arg Ile Leu Asn Phe Ser Val
725 730 735
Ser Phe Leu Ser Thr Gln Lys Phe His Gly Asp Tyr Lys Phe Gly Ser
740 745 750
Leu Thr Trp Thr Asp Gly Lys Tyr Phe Val Arg Thr Pro Ile Ala Val
755 760 765

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Arg Thr Ile Gln Phe Glu
770

<210> 62
<211> 762
<212> PRT
<213> Glycine max
<400> 62

Met Ser Ser Ser Gly Tyr Ala Thr Ser Ser Ala Leu Phe Phe Leu Phe
1 5 10 15
Leu Ala Val Phe Ala Ala Lys Val Ser Phe Cys Phe Ser Thr Lys Val
20 25 30
Tyr Val Val Tyr Met Gly Ser Lys Ser Gly Glu His Pro Asp Asp Ile
35 40 45
Leu Lys Glu Asn His Gln Ile Leu Ala Ser Val His Ser Gly Ser Ile
50 55 60
Glu Glu Ala Gln Ala Ser His Ile Tyr Thr Tyr Lys His Gly Phe Arg
65 70 75 80
Gly Phe Ala Ala Lys Leu Ser Asp Glu Gln Ala Ser Gln Ile Ser Lys
85 90 95
Met Pro Gly Val Val Ser Val Phe Pro Asn Ser Lys Arg Lys Leu His
100 105 110
Thr Thr His Ser Trp Asp Phe Met Gly Leu Leu Asp Asp Gln Thr Met
115 120 125
Glu Thr Leu Gly Tyr Ser Ile Arg Asn Gln Glu Asn Ile Ile Ile Gly
130 135 140
Phe Ile Asp Thr Gly Ile Trp Pro Glu Ser Pro Ser Phe Ser Asp Thr
145 150 155 160
Asp Met Pro Ala Val Pro Pro Gly Trp Lys Gly Gln Cys Gln Ser Gly
165 170 175
Glu Gly Phe Asn Ala Ser Ser Cys Asn Arg Lys Val Ile Gly Ala Arg
180 185 190
Tyr Tyr Arg Ser Gly Tyr Glu Ala Ala Glu Gly Asp Ser Asp Ala Lys
195 200 205

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Lys Ser Phe Ile Ser Ala Arg Asp Ser Thr Gly His Gly Ser His Thr
210 215 220

Ala Ser Ile Ala Ala Gly Arg Phe Val Ala Asn Met Asn Tyr Lys Gly
225 230 235 240

Leu Ala Ser Gly Gly Ala Arg Gly Gly Ala Pro Met Ala Arg Ile Ala
245 250 255

Val Tyr Lys Thr Cys Trp Asp Ser Gly Cys Tyr Asp Val Asp Leu Leu
260 265 270

Ala Ala Phe Asp Asp Ala Ile Arg Asp Gly Val His Ile Leu Ser Leu
275 280 285

Ser Leu Gly Ala Glu Ser Pro Gln Gly Asp Tyr Phe Ser Asp Ala Ile
290 295 300

Ser Val Gly Ser Phe His Ala Ala Ser Arg Gly Val Leu Val Val Ala
305 310 315 320

Ser Ala Gly Asn Glu Gly Ser Ala Gly Ser Ala Thr Asn Leu Ala Pro
325 330 335

Trp Met Leu Thr Val Ala Ala Ser Ser Thr Asp Arg Asp Phe Thr Ser
340 345 350

Asp Ile Ile Leu Gly Asn Gly Ala Lys Ile Met Gly Glu Ser Leu Ser
355 360 365

Leu Phe Glu Met Asn Ala Ser Thr Arg Ile Ile Ser Ala Ser Ala Ala
370 375 380

Asn Gly Gly Tyr Phe Thr Pro Tyr Gln Ser Ser Tyr Cys Leu Glu Ser
385 390 395 400

Ser Leu Asn Lys Thr Lys Ser Lys Gly Lys Val Leu Val Cys Arg His
405 410 415

Ala Glu Ser Ser Thr Glu Ser Lys Val Leu Lys Ser Lys Ile Val Lys
420 425 430

Ala Ala Gly Gly Val Gly Met Ile Leu Ile Asp Glu Thr Asp Gln Asp
435 440 445

Val Ala Ile Pro Phe Val Ile Pro Ser Ala Ile Val Gly Asn Lys Ile
450 455 460

Page 200

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Gly Glu Lys Ile Leu Ser Tyr Leu Arg Thr Thr Arg Lys Pro Val Ser
465 470 475 480

Arg Ile Phe Gly Ala Lys Thr Val Leu Gly Ala His Pro Ala Pro Arg
485 490 495

Val Ala Ala Phe Ser Ser Lys Gly Pro Asn Ala Leu Asn Pro Glu Ile
500 505 510

Leu Lys Pro Asp Val Thr Ala Pro Gly Leu Asn Ile Leu Ala Ala Trp
515 520 525

Ser Pro Ala Ala Gly Asn Met Phe Asn Ile Leu Ser Gly Thr Ser Met
530 535 540

Ala Cys Pro His Val Thr Gly Ile Ala Thr Leu Val Lys Ala Val His
545 550 555 560

Pro Ser Trp Ser Pro Ser Ala Ile Lys Ser Ala Ile Met Thr Thr Ala
565 570 575

Thr Val Leu Asp Lys His His Arg Pro Ile Thr Ala Asp Pro Glu Gln
580 585 590

Arg Arg Ala Asn Ala Phe Asp Tyr Gly Ser Gly Phe Val Asn Pro Ala
595 600 605

Arg Val Leu Asp Pro Gly Leu Ile Tyr Asp Ser Lys Pro Ala Asp Phe
610 615 620

Val Ala Phe Leu Cys Ser Leu Gly Tyr Asp Gln Arg Ser Leu His Gln
625 630 635 640

Val Thr Arg Asp Asn Ser Thr Cys Asp Arg Ala Phe Ser Thr Ala Ser
645 650 655

Asp Leu Asn Tyr Pro Ser Ile Ala Val Pro Asn Leu Lys Asp Asn Phe
660 665 670

Ser Val Thr Arg Ile Val Thr Asn Val Gly Lys Ala Arg Ser Val Tyr
675 680 685

Lys Ala Val Val Ser Ser Pro Pro Gly Val Arg Val Ser Val Ile Pro
690 695 700

Asn Arg Leu Ile Phe Thr Arg Ile Gly Gln Lys Ile Asn Phe Thr Val
Page 201

705 SEQ-ID-PCT...USSN...61663071 ...SCHROEDER...SD2012-290_ST25.txt
710 715 720

Asn Phe Lys Leu Ser Ala Pro Ser Lys Gly Tyr Ala Phe Gly Phe Leu
725 730 735

Ser Trp Arg Asn Arg Ile Ser Gln Val Thr Ser Pro Leu Val Val Arg
740 745 750

Val Ala Pro Gly Lys Asn Gly Leu Val Arg
755 760

<210> 63
<211> 762
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 63

Met Ser Ser Ser Gly Tyr Thr Thr Ser Ser Ala Leu Phe Phe Leu Phe
1 5 10 15

Leu Thr Val Leu Ala Ala Lys Val Ser Phe Cys Phe Ser Thr Lys Val
20 25 30

Tyr Val Val Tyr Met Gly Ser Lys Ser Gly Glu His Pro Asp Asp Ile
35 40 45

Leu Lys Glu Asn His Gln Ile Leu Ala Ser Val His Ser Gly Ser Ile
50 55 60

Glu Gln Ala Gln Ala Ser His Ile Tyr Thr Tyr Arg His Gly Phe Arg
65 70 75 80

Gly Phe Ala Ala Lys Leu Ser Asp Glu Gln Ala Ser Gln Ile Ser Lys
85 90 95

Met Pro Gly Val Val Ser Val Phe Pro Asn Ser Lys Arg Lys Leu His
100 105 110

Thr Thr His Ser Trp Asp Phe Met Gly Leu Leu Asp Asp Gln Thr Met
115 120 125

Glu Thr Leu Gly Tyr Ser Ile Arg Asn Gln Glu Asn Ile Ile Ile Gly
130 135 140

Phe Ile Asp Thr Gly Ile Trp Pro Glu Ser Pro Ser Phe Ser Asp Thr
145 150 155 160

Asp Met Pro Ala Val Pro Pro Gly Trp Lys Gly Gln Cys Gln Ser Gly
Page 202

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
165 170 175

Glu Gly Phe Asn Ser Ser Ser Cys Asn Arg Lys Val Ile Gly Ala Arg
180 185 190

Tyr Tyr Arg Ser Gly Tyr Glu Ala Ala Glu Gly Asp Ser Asp Ala Lys
195 200 205

Lys Ser Phe Arg Ser Ala Arg Asp Ser Thr Gly His Gly Ser His Thr
210 215 220

Ala Ser Ile Ala Ala Gly Arg Phe Val Ala Asn Met Asn Tyr Lys Gly
225 230 235 240

Leu Ala Ser Gly Gly Ala Arg Gly Gly Ala Pro Met Ala Arg Ile Ala
245 250 255

Val Tyr Lys Thr Cys Trp Asp Ser Gly Cys Tyr Asp Val Asp Leu Leu
260 265 270

Ala Ala Phe Asp Asp Ala Ile Arg Asp Gly Val His Ile Leu Ser Leu
275 280 285

Ser Leu Gly Ala Glu Ser Pro Gln Gly Asp Tyr Phe Ser Asp Ala Ile
290 295 300

Ser Val Gly Ser Phe His Ala Val Ser Arg Gly Val Leu Val Val Ala
305 310 315 320

Ser Ala Gly Asn Glu Gly Ser Ala Gly Ser Ala Thr Asn Leu Ala Pro
325 330 335

Trp Met Leu Thr Val Ala Ala Ser Ser Thr Asp Arg Asp Phe Thr Ser
340 345 350

Asp Ile Met Leu Gly Asn Gly Ala Lys Ile Met Gly Glu Ser Leu Ser
355 360 365

Leu Phe Glu Met Asn Ala Ser Thr Arg Ile Ile Ser Ala Ser Ala Ala
370 375 380

Asn Gly Gly Tyr Phe Thr Pro Tyr Gln Ser Ser Tyr Cys Leu Glu Ser
385 390 395 400

Ser Leu Asn Lys Thr Lys Ser Lys Gly Lys Val Leu Val Cys Arg His
405 410 415

SEQ-ID-PCT...BSSN...61663071 ...SCHROEDER...SD2012-290...ST25.txt
Ala Glu Ser Ser Thr Glu Ser Lys Val Glu Lys Ser Lys Ile Val Lys
420 425 430
Ala Ala Gly Gly Val Gly Met Ile Leu Ile Asp Glu Thr Asp Gln Asp
435 440 445
Val Ala Ile Pro Phe Val Ile Pro Ser Ala Ile Val Gly Lys Lys Thr
450 455 460
Gly Glu Lys Ile Leu Ser Tyr Leu Arg Thr Thr Arg Lys Pro Glu Ser
465 470 475 480
Arg Ile Phe Gly Ala Lys Thr Val Leu Gly Ala His Pro Ala Pro Arg
485 490 495
Val Ala Ala Phe Ser Ser Lys Gly Pro Asn Ala Leu Asn Pro Glu Ile
500 505 510
Leu Lys Pro Asp Val Thr Ala Pro Gly Leu Asn Ile Leu Ala Ala Trp
515 520 525
Ser Pro Ala Ala Gly Asn Met Phe Asn Ile Leu Ser Gly Thr Ser Met
530 535 540
Ala Cys Pro His Val Thr Gly Ile Ala Thr Leu Val Lys Ala Val His
545 550 555 560
Pro Ser Trp Ser Pro Ser Ala Ile Lys Ser Ala Ile Leu Thr Thr Ala
565 570 575
Thr Ile Leu Asp Lys His His Arg Pro Ile Ile Ala Asp Pro Glu Gln
580 585 590
Arg Arg Ala Asn Ala Phe Asp Tyr Gly Ser Gly Phe Val Asn Pro Ala
595 600 605
Arg Val Leu Asp Pro Gly Leu Ile Tyr Asp Leu Lys Pro Ala Asp Phe
610 615 620
Val Ala Phe Leu Cys Ser Leu Gly Tyr Asp Pro Arg Ser Leu His Gln
625 630 635 640
Val Thr Arg Asp Asn Ser Thr Cys Asp Arg Ala Phe Ser Thr Ala Ser
645 650 655
Asp Leu Asn Tyr Pro Ser Ile Ser Val Pro Asn Leu Lys Asp Asn Phe
660 665 670

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

Ser Val Thr Arg Ile Val Thr Asn Val Gly Lys Ala Lys Ser Val Tyr
675 680 685

Lys Ala Val Val Ser Pro Pro Pro Gly Val Arg Val Ser Val Ile Pro
690 695 700

Asn Arg Leu Ile Phe Ser Arg Ile Gly Gln Lys Ile Asn Phe Thr Val
705 710 715 720

Asn Phe Lys Val Thr Ala Pro Ser Lys Gly Tyr Ala Phe Gly Leu Leu
725 730 735

Ser Trp Arg Asn Arg Arg Ser Gln Val Thr Ser Pro Leu Val Val Arg
740 745 750

Val Ala Pro Gly Lys Asn Gly Leu Val Arg
755 760

<210> 64
<211> 758
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 64

Met Arg Phe Ala Lys Ile Leu Ser Ser Phe Thr Leu Leu Phe Ile Gly
1 5 10 15

Tyr Thr Leu Val Asn Gly Ser Thr Pro Lys His Tyr Ile Val Tyr Met
20 25 30

Gly Asp His Ser His Pro Asn Ser Glu Ser Val Ile Arg Ala Asn His
35 40 45

Glu Ile Leu Ala Ser Val Thr Gly Ser Leu Ser Glu Ala Lys Ala Ala
50 55 60

Ala Leu His His Tyr Thr Lys Ser Phe Gln Gly Phe Ser Ala Met Ile
65 70 75 80

Thr Pro Glu Gln Ala Ser Gln Leu Ala Glu Tyr Glu Ser Val Leu Ser
85 90 95

Val Phe Glu Ser Lys Met Asn Lys Leu His Thr Thr His Ser Trp Asp
100 105 110

Phe Leu Gly Leu Glu Thr Ile Ser Lys Asn Asn Pro Lys Ala Leu Asp
115 120 125

```

Page 205

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Thr Thr Ser Asp Val Ile Val Gly Val Ile Asp Ser Gly Ile Trp Pro
130 135 140

Glu Ser Glu Ser Phe Thr Asp Tyr Gly Leu Gly Pro Val Pro Lys Lys
145 150 155 160

Phe Lys Gly Glu Cys Val Thr Gly Glu Lys Phe Thr Leu Ala Asn Cys
165 170 175

Asn Lys Lys Ile Ile Gly Ala Arg Phe Tyr Ser Lys Gly Phe Glu Ala
180 185 190

Glu Val Gly Pro Leu Glu Gly Val Asn Lys Ile Phe Phe Arg Ser Ala
195 200 205

Arg Asp Gly Asp Gly His Gly Thr His Thr Ala Ser Thr Ile Ala Gly
210 215 220

Ser Ile Val Ala Asn Ala Ser Leu Leu Gly Ile Ala Lys Gly Thr Ala
225 230 235 240

Arg Gly Gly Ala Pro Ser Ala Arg Leu Ala Ile Tyr Lys Ala Cys Trp
245 250 255

Phe Asp Phe Cys Gly Asp Ala Asp Ile Leu Ser Ala Met Asp Asp Ala
260 265 270

Ile His Asp Gly Val Asp Ile Leu Ser Leu Ser Leu Gly Pro Asp Pro
275 280 285

Pro Glu Pro Ile Tyr Phe Glu Asn Ala Ile Ser Val Gly Ala Phe His
290 295 300

Ala Phe Gln Lys Gly Val Leu Val Ser Ala Ser Ala Gly Asn Ser Val
305 310 315 320

Phe Pro Arg Thr Ala Cys Asn Val Ala Pro Trp Ile Leu Thr Val Ala
325 330 335

Ala Ser Thr Ile Asp Arg Glu Phe Ser Ser Asn Ile Leu Leu Gly Asn
340 345 350

Ser Lys Val Leu Lys Gly Ser Ser Leu Asn Pro Ile Arg Met Asp His
355 360 365

Ser Tyr Gly Leu Ile Tyr Gly Ser Ala Ala Ala Ala Val Gly Val Ser
370 375 380

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Ala Thr Ile Ala Gly Phe Cys Lys Asn Asn Thr Leu Asp Pro Thr Leu
385 390 395 400

Ile Lys Gly Lys Ile Val Ile Cys Thr Ile Glu Lys Phe Ser Asp Asp
405 410 415

Arg Arg Ala Lys Ala Ile Ala Ile Arg Gln Gly Gly Gly Val Gly Met
420 425 430

Ile Leu Ile Asp His Asn Ala Lys Asp Ile Gly Phe Gln Phe Val Ile
435 440 445

Pro Ser Thr Leu Ile Gly Gln Asp Ala Val Glu Glu Leu Gln Ala Tyr
450 455 460

Ile Lys Thr Asp Lys Asn Pro Thr Ala Arg Ile Tyr Pro Thr Ile Thr
465 470 475 480

Val Val Gly Thr Lys Pro Ala Pro Glu Met Ala Ala Phe Ser Ser Ile
485 490 495

Gly Pro Asn Ile Ile Thr Pro Asp Ile Ile Lys Pro Asp Ile Thr Ala
500 505 510

Pro Gly Val Asn Ile Leu Ala Ala Trp Ser Pro Val Ala Thr Glu Ala
515 520 525

Thr Val Glu Gln Arg Ser Ile Asp Tyr Asn Ile Ile Ser Gly Thr Ser
530 535 540

Met Ser Cys Pro His Ile Thr Ala Val Ala Ala Ile Ile Lys Ser His
545 550 555 560

His Pro His Trp Gly Pro Ala Ala Ile Met Ser Ser Ile Met Thr Thr
565 570 575

Ala Thr Val Met Asp Asn Thr Arg Arg Ile Ile Gly Arg Asp Pro Asn
580 585 590

Gly Thr Gln Thr Thr Pro Phe Asp Tyr Gly Ser Gly His Val Asn Pro
595 600 605

Val Ala Ser Leu Asn Pro Gly Leu Val Tyr Glu Phe Asn Ser Lys Asp
610 615 620

Val Leu Asn Phe Leu Cys Ser Asn Gly Ala Ser Pro Ala Gln Leu Lys
Page 207

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
625 630 635 640

Asn Leu Thr Gly Ala Leu Thr Gln Cys Gln Lys Pro Leu Thr Ala Ser
645 650 655

Ser Asn Phe Asn Tyr Pro Ser Ile Gly Val Ser Asn Leu Asn Gly Ser
660 665 670

Ser Ser Val Tyr Arg Thr Val Thr Tyr Tyr Gly Gln Gly Pro Thr Val
675 680 685

Tyr His Ala Ser Val Glu Asn Pro Ser Gly Val Asn Val Lys Val Thr
690 695 700

Pro Ala Glu Leu Lys Phe Arg Lys Thr Gly Glu Lys Ile Thr Phe Arg
705 710 715 720

Ile Asp Phe Phe Pro Phe Lys Asn Ser Asn Gly Asn Phe Val Phe Gly
725 730 735

Ala Leu Ile Trp Asn Asn Gly Ile Gln Arg Val Arg Ser Pro Ile Gly
740 745 750

Leu Asn Val Val Ser Thr
755

<210> 65
<211> 758
<212> PRT
<213> Glycine max
<400> 65

Met Gly Phe Ala Lys Ile Leu Ser Ser Phe Thr Val Leu Phe Ile Gly
1 5 10 15

Tyr Thr Leu Val Asn Gly Ser Thr Pro Lys His Tyr Ile Val Tyr Met
20 25 30

Gly Asp His Ser His Pro Asn Ser Glu Ser Val Ile Arg Ala Asn His
35 40 45

Glu Ile Leu Ala Ser Val Thr Gly Ser Leu Ser Glu Ala Lys Ala Ala
50 55 60

Ala Leu His His Tyr Ser Lys Ser Phe Gln Gly Phe Ser Ala Met Ile
65 70 75 80

Thr Pro Val Gln Ala Ser Gln Leu Ala Glu Tyr Lys Ser Val Val Ser
Page 208

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
85 90 95

Val Phe Glu Ser Lys Met Asn Lys Leu His Thr Thr His Ser Trp Asp
100 105 110

Phe Leu Gly Leu Glu Thr Ile Asn Lys Asn Asn Pro Lys Ala Leu Asp
115 120 125

Thr Thr Ser Asp Val Ile Val Gly Val Ile Asp Ser Gly Ile Trp Pro
130 135 140

Glu Ser Glu Ser Phe Thr Asp Tyr Gly Leu Gly Pro Val Pro Lys Lys
145 150 155 160

Phe Lys Gly Glu Cys Val Thr Gly Glu Lys Phe Thr Leu Ala Asn Cys
165 170 175

Asn Lys Lys Ile Ile Gly Ala Arg Phe Tyr Ser Lys Gly Ile Glu Ala
180 185 190

Glu Val Gly Pro Leu Glu Thr Ala Asn Lys Ile Phe Phe Arg Ser Ala
195 200 205

Arg Asp Gly Asp Gly His Gly Thr His Thr Ala Ser Thr Ile Ala Gly
210 215 220

Ser Ile Val Ala Asn Ala Ser Leu Leu Gly Ile Ala Lys Gly Thr Ala
225 230 235 240

Arg Gly Gly Ala Pro Ser Ala Arg Leu Ala Ile Tyr Lys Ala Cys Trp
245 250 255

Phe Asp Phe Cys Ser Asp Ala Asp Val Leu Ser Ala Met Asp Asp Ala
260 265 270

Ile His Asp Gly Val Asp Ile Leu Ser Leu Ser Leu Gly Pro Asp Pro
275 280 285

Pro Gln Pro Ile Tyr Phe Glu Asn Ala Ile Ser Val Gly Ala Phe His
290 295 300

Ala Phe Gln Lys Gly Val Leu Val Ser Ala Ser Ala Gly Asn Ser Val
305 310 315 320

Phe Pro Arg Thr Ala Cys Asn Val Ala Pro Trp Ile Leu Thr Val Ala
325 330 335

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
Ala Ser Thr Ile Asp Arg Glu Phe Ser Ser Asn Ile Tyr Leu Gly Asn
340 345 350
Ser Lys Val Leu Lys Gly Ser Ser Leu Asn Pro Ile Arg Met Glu His
355 360 365
Ser Asn Gly Leu Ile Tyr Gly Ser Ala Ala Ala Ala Ala Gly Val Ser
370 375 380
Ala Thr Asn Ala Ser Phe Cys Lys Asn Asn Thr Leu Asp Pro Thr Leu
385 390 395 400
Ile Lys Gly Lys Ile Val Ile Cys Thr Ile Glu Thr Phe Ser Asp Asp
405 410 415
Arg Arg Ala Lys Ala Ile Ala Ile Arg Gln Gly Gly Gly Val Gly Met
420 425 430
Ile Leu Ile Asp His Asn Ala Lys Asp Ile Gly Phe Gln Phe Val Ile
435 440 445
Pro Ser Thr Leu Ile Gly Gln Asp Ala Val Gln Glu Leu Gln Ala Tyr
450 455 460
Ile Lys Thr Asp Lys Asn Pro Thr Ala Ile Ile Asn Pro Thr Ile Thr
465 470 475 480
Val Val Gly Thr Lys Pro Ala Pro Glu Met Ala Ala Phe Ser Ser Ile
485 490 495
Gly Pro Asn Ile Ile Thr Pro Asp Ile Ile Lys Pro Asp Ile Thr Ala
500 505 510
Pro Gly Val Asn Ile Leu Ala Ala Trp Ser Pro Val Ala Thr Glu Ala
515 520 525
Thr Val Glu His Arg Ser Val Asp Tyr Asn Ile Ile Ser Gly Thr Ser
530 535 540
Met Ser Cys Pro His Val Thr Ala Val Ala Ala Ile Ile Lys Ser His
545 550 555 560
His Pro His Trp Gly Pro Ala Ala Ile Met Ser Ser Ile Met Thr Thr
565 570 575
Ala Thr Val Ile Asp Asn Thr Arg Arg Val Ile Gly Arg Asp Pro Asn
580 585 590

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Gly Thr Gln Thr Thr Pro Phe Asp Tyr Gly Ser Gly His Val Asn Pro
595 600 605

Val Ala Ser Leu Asn Pro Gly Leu Val Tyr Asp Phe Asn Ser Gln Asp
610 615 620

Val Leu Asn Phe Leu Cys Ser Asn Gly Ala Ser Pro Ala Gln Leu Lys
625 630 635 640

Asn Leu Thr Gly Val Ile Ser Gln Cys Gln Lys Pro Leu Thr Ala Ser
645 650 655

Ser Asn Phe Asn Tyr Pro Ser Ile Gly Val Ser Ser Leu Asn Gly Ser
660 665 670

Leu Ser Val Tyr Arg Thr Val Thr Tyr Tyr Gly Gln Gly Pro Thr Val
675 680 685

Tyr Arg Ala Ser Val Glu Asn Pro Ser Gly Val Asn Val Lys Val Thr
690 695 700

Pro Ala Glu Leu Lys Phe Val Lys Thr Gly Glu Lys Ile Thr Phe Arg
705 710 715 720

Ile Asp Phe Phe Pro Phe Lys Asn Ser Asp Gly Ser Phe Val Phe Gly
725 730 735

Ala Leu Ile Trp Asn Asn Gly Ile Gln Arg Val Arg Ser Pro Ile Gly
740 745 750

Leu Asn Val Leu Ser Thr
755

<210> 66
<211> 762
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 66

Met Ser Cys Ser Asn Tyr Ala Arg Ser Cys Thr Phe Phe Tyr Leu Phe
1 5 10 15

Leu Ala Val Leu Leu Ala Lys Thr Ser Ser Cys Phe Ser Ala Lys Val
20 25 30

Tyr Val Val Tyr Met Gly Ser Lys Thr Gly Glu Asp Pro Asp Asp Ile
35 40 45

Page 211

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Leu Lys His Asn His Gln Met Leu Ala Ser Val His Ser Gly Ser Ile
50 55 60

Glu Gln Ala Gln Ala Ser His Val Tyr Ser Tyr Lys His Ala Phe Arg
65 70 75 80

Gly Phe Ala Ala Lys Leu Thr Asn Glu Gln Ala Tyr Gln Ile Ser Lys
85 90 95

Met Pro Gly Val Val Ser Val Phe Pro Asn Ala Lys Arg Lys Leu His
100 105 110

Thr Thr His Ser Trp Asp Phe Ile Gly Leu Leu Gly Asn Glu Ser Met
115 120 125

Glu Ile His Gly His Ser Thr Lys Asn Gln Glu Asn Ile Ile Ile Gly
130 135 140

Phe Ile Asp Thr Gly Ile Trp Pro Glu Ser Ser Ser Phe Ser Asp Thr
145 150 155 160

Asp Met Pro Pro Val Pro Arg Gly Trp Lys Gly His Cys Gln Leu Gly
165 170 175

Glu Ala Phe Asn Ala Ser Ser Cys Asn Arg Lys Val Ile Gly Ala Arg
180 185 190

Tyr Tyr Ile Ser Gly His Glu Ala Glu Glu Glu Ser Asp Arg Glu Val
195 200 205

Ser Phe Ile Ser Ala Arg Asp Ser Ser Gly His Gly Ser His Thr Ala
210 215 220

Ser Thr Ala Ala Gly Arg Tyr Val Ala Asn Met Asn Tyr Lys Gly Leu
225 230 235 240

Ala Ala Gly Gly Ala Arg Gly Gly Ala Pro Lys Ala Arg Ile Ala Val
245 250 255

Tyr Lys Val Cys Trp Asp Ser Gly Cys Tyr Asp Val Asp Leu Leu Ala
260 265 270

Ala Phe Asp Asp Ala Ile Arg Asp Gly Val His Ile Ile Ser Leu Ser
275 280 285

Leu Gly Pro Glu Ser Pro Gln Gly Asp Tyr Phe Ser Asp Ala Val Ser
290 295 300

Page 212

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Val Ala Ser Phe His Ala Ala Lys His Arg Val Leu Val Val Ala Ser
305 310 315 320

Val Gly Asn Gln Gly Asn Pro Gly Ser Ala Thr Asn Val Ala Pro Trp
325 330 335

Ile Ile Thr Val Ala Ala Ser Ser Ile Asp Arg Asn Phe Thr Ser Asp
340 345 350

Ile Thr Leu Gly Asn Gly Val Asn Ile Thr Gly Glu Ser Leu Ser Leu
355 360 365

Leu Gly Met Asp Ala Ser Arg Arg Leu Ile Asp Ala Ser Glu Ala Phe
370 375 380

Ser Gly Tyr Phe Thr Pro Tyr Gln Ser Ser Tyr Cys Val Asp Ser Ser
385 390 395 400

Leu Asn Lys Thr Lys Ala Lys Gly Lys Val Leu Val Cys Arg His Ala
405 410 415

Glu Tyr Ser Gly Glu Ser Lys Leu Glu Lys Ser Lys Ile Val Lys Lys
420 425 430

Ala Gly Gly Val Gly Met Ile Leu Ile Asp Glu Ala Asn Gln Gly Val
435 440 445

Ser Thr Pro Phe Val Ile Pro Ser Ala Val Val Gly Thr Lys Thr Gly
450 455 460

Glu Arg Ile Leu Ser Tyr Ile Asn Ser Thr Arg Met Pro Met Ser Arg
465 470 475 480

Ile Ser Lys Ala Lys Thr Val Leu Gly Val Gln Pro Ala Pro Arg Val
485 490 495

Ala Ala Phe Ser Ser Lys Gly Pro Asn Ala Leu Thr Pro Glu Ile Leu
500 505 510

Lys Pro Asp Val Thr Ala Pro Gly Leu Asn Ile Leu Ala Ala Trp Ser
515 520 525

Pro Ala Ser Ala Gly Met Lys Phe Asn Ile Ile Ser Gly Thr Ser Met
530 535 540

Ser Cys Pro His Ile Thr Gly Ile Ala Thr Leu Val Lys Ala Val His
Page 213

545 SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
550 555 560

Pro Ser Trp Ser Pro Ser Ala Ile Lys Ser Ala Ile Met Thr Thr Ala
565 570 575

Thr Ile Leu Asp Lys His His Gln Pro Ile Arg Ala Asp Pro Asp Arg
580 585 590

Arg Arg Ala Asn Ala Phe Asp Tyr Gly Ser Gly Phe Val Asn Pro Ser
595 600 605

Arg Val Leu Asp Pro Gly Leu Val Tyr Asp Ser His Pro Glu Asp Phe
610 615 620

Val Ala Phe Leu Cys Ser Leu Gly Tyr Asp Glu Arg Ser Leu His Leu
625 630 635 640

Val Thr Gly Asp Asn Ser Thr Cys Asp Arg Ala Phe Lys Thr Pro Ser
645 650 655

Asp Leu Asn Tyr Pro Ser Ile Ala Val Pro Asn Leu Glu Asp Asn Phe
660 665 670

Ser Val Thr Arg Val Val Thr Asn Val Gly Lys Ala Arg Ser Ile Tyr
675 680 685

Lys Ala Val Val Val Ser Pro Ala Gly Val Asn Val Thr Val Val Pro
690 695 700

Asn Arg Leu Val Phe Thr Arg Ile Gly Glu Lys Ile Lys Phe Thr Val
705 710 715 720

Asn Phe Lys Val Val Ala Pro Ser Lys Asp Tyr Ala Phe Gly Phe Leu
725 730 735

Ser Trp Lys Asn Gly Arg Thr Gln Val Thr Ser Pro Leu Val Ile Lys
740 745 750

Val Ala Pro Ala Ser His Gly Leu Val Arg
755 760

<210> 67
<211> 763
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 67

Met Ser Cys Ser Asn Tyr Ala Arg Ser Thr Ser Thr Phe Phe Tyr Leu
Page 214

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

1 5 10 15

Phe Leu Ala Val Leu Val Ala Asn Thr Ser Phe Cys Phe Ser Ala Lys
20 25 30

Val Tyr Val Val Tyr Met Gly Ser Lys Thr Gly Glu Asn Pro Asp Asp
35 40 45

Ile Leu Lys His Asn His Gln Met Leu Ala Ala Val His Ser Gly Ser
50 55 60

Ile Glu Gln Ala Gln Ala Ser His Val Tyr Ser Tyr Lys His Ala Phe
65 70 75 80

Arg Gly Phe Ala Ala Lys Leu Thr Asn Glu Gln Ala Tyr Gln Ile Ser
85 90 95

Lys Met Pro Gly Val Val Ser Val Phe Pro Asn Ser Lys Arg Lys Leu
100 105 110

His Thr Thr His Ser Trp Asp Phe Ile Gly Leu Leu Asp Asn Glu Ser
115 120 125

Met Glu Ile His Gly His Ser Thr Lys Asn Gln Glu Asn Ile Ile Ile
130 135 140

Gly Phe Ile Asp Thr Gly Ile Trp Pro Glu Ser Pro Ser Phe Ser Asp
145 150 155 160

Thr Asp Met Pro Pro Val Pro Arg Gly Trp Lys Gly His Cys Gln Leu
165 170 175

Gly Glu Ala Phe Asn Ala Ser Ser Cys Asn Arg Lys Val Ile Gly Ala
180 185 190

Arg Tyr Tyr Met Ser Gly His Glu Ala Glu Glu Gly Ser Asp Arg Lys
195 200 205

Val Ser Phe Arg Ser Ala Arg Asp Ser Ser Gly His Gly Ser His Thr
210 215 220

Ala Ser Thr Ala Val Gly Arg Tyr Val Ala Asn Met Asn Tyr Lys Gly
225 230 235 240

Leu Gly Ala Gly Gly Ala Arg Gly Gly Ala Pro Lys Ala Arg Ile Ala
245 250 255

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Val Tyr Lys Val Cys Trp Asp Ser Gly Cys Tyr Asp Val Asp Leu Leu
 260 265 270
 Ala Ala Phe Asp Asp Ala Ile Arg Asp Gly Val His Ile Met Ser Leu
 275 280 285
 Ser Leu Gly Pro Glu Ser Pro Gln Gly Asp Tyr Phe Asp Asp Ala Val
 290 295 300
 Ser Val Ala Ser Phe His Ala Ala Lys His Gly Val Leu Val Val Ala
 305 310 315 320
 Ser Val Gly Asn Gln Gly Asn Pro Gly Ser Ala Thr Asn Val Ala Pro
 325 330 335
 Trp Ile Ile Thr Val Ala Ala Ser Ser Thr Asp Arg Asp Phe Thr Ser
 340 345 350
 Asp Ile Thr Leu Gly Asn Gly Val Asn Ile Thr Gly Glu Ser Leu Ser
 355 360 365
 Leu Leu Gly Met Ser Ala Ser Arg Arg Leu Ile Asp Ala Ser Glu Ala
 370 375 380
 Phe Thr Gly Tyr Phe Thr Pro Tyr Gln Ser Ser Tyr Cys Val Asp Ser
 385 390 395 400
 Ser Leu Asp Lys Thr Lys Ala Lys Gly Lys Val Leu Val Cys Arg His
 405 410 415
 Thr Glu Tyr Ser Gly Glu Ser Lys Leu Glu Lys Ser Lys Ile Val Lys
 420 425 430
 Glu Ala Gly Gly Val Gly Met Ile Leu Ile Asp Glu Ala Asn Gln Gly
 435 440 445
 Val Ser Thr Pro Phe Val Ile Pro Ser Ala Val Val Gly Thr Lys Thr
 450 455 460
 Gly Glu Arg Ile Leu Ser Tyr Ile Asn Arg Thr Arg Met Pro Met Thr
 465 470 475 480
 Arg Ile Ser Arg Ala Lys Thr Val Leu Gly Val Gln Pro Ala Pro Cys
 485 490 495
 Val Ala Ala Phe Ser Ser Lys Gly Pro Asn Thr Leu Thr Pro Glu Ile
 500 505 510

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Leu Lys Pro Asp Val Thr Ala Pro Gly Leu Asn Ile Leu Ala Ala Trp
515 520 525

Ser Pro Ala Ser Ala Gly Met Lys Phe Asn Ile Val Ser Gly Thr Ser
530 535 540

Met Ser Cys Pro His Val Thr Gly Ile Ala Thr Leu Val Lys Ala Val
545 550 555 560

His Pro Ser Trp Ser Pro Ser Ala Ile Lys Ser Ala Ile Met Thr Thr
565 570 575

Ala Thr Ile Leu Asp Lys His His Gln Pro Ile Arg Ala Asp Pro Asp
580 585 590

Arg Arg Arg Ala Asn Ala Phe Asp Tyr Gly Ser Gly Phe Val Asn Pro
595 600 605

Ser Arg Val Leu Asp Pro Gly Leu Val Tyr Asp Ser Asn Pro Glu Asp
610 615 620

Phe Val Ala Phe Leu Cys Ser Leu Gly Tyr Asp Glu Arg Ser Leu His
625 630 635 640

Leu Val Thr Lys Asp Asn Ser Thr Cys Asp Arg Ala Phe Lys Thr Pro
645 650 655

Ser Asp Leu Asn Tyr Pro Ser Ile Ala Val Pro Asn Leu Glu Asp Asn
660 665 670

Phe Ser Val Thr Arg Val Val Thr Asn Val Gly Lys Ala Arg Ser Ile
675 680 685

Tyr Lys Ala Val Val Val Ser Pro Thr Gly Val Asn Val Thr Val Val
690 695 700

Pro Asn Arg Leu Val Phe Thr Arg Ile Gly Gln Lys Ile Lys Phe Thr
705 710 715 720

Val Asn Phe Lys Val Ala Ala Pro Ser Lys Gly Tyr Ala Phe Gly Phe
725 730 735

Leu Ser Trp Lys Asn Gly Arg Thr Gln Val Thr Ser Pro Leu Val Val
740 745 750

Lys Val Ala Pro Ala Ser His Gly Leu Val Arg
755 760

Page 217

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

<210> 68
<211> 773
<212> PRT
<213> Glycine max
<400> 68
Met Gly Lys Gln Val Leu Asn Ser Phe Arg Pro Pro Val Val Phe Leu
1 5 10 15
Leu Phe Phe Ile Val Phe Ser Val Val Ser Cys Asp Glu Ala Ser Lys
20 25 30
Thr Phe Ile Phe Arg Val Asp Ser Gln Ser Lys Pro Thr Ile Phe Pro
35 40 45
Thr His Tyr His Trp Tyr Thr Ser Glu Phe Ala Gln Glu Thr Ser Ile
50 55 60
Leu His Val Tyr Asp Thr Val Phe His Gly Phe Ser Ala Val Leu Thr
65 70 75 80
His Gln Gln Val Ala Ser Ile Ser Gln His Pro Ser Val Leu Ala Val
85 90 95
Phe Glu Asp Arg Arg Arg Gln Leu His Thr Thr Arg Ser Pro Gln Phe
100 105 110
Leu Gly Leu Arg Asn Gln Arg Gly Leu Trp Ser Glu Ser Asp Tyr Gly
115 120 125
Ser Asp Val Ile Ile Gly Val Phe Asp Thr Gly Val Trp Pro Glu Arg
130 135 140
Arg Ser Phe Ser Asp Leu Asn Leu Gly Pro Ile Pro Arg Arg Trp Lys
145 150 155 160
Gly Ala Cys Glu Thr Gly Val Arg Phe Ser Pro Lys Asn Cys Asn Arg
165 170 175
Lys Leu Ile Gly Ala Arg Phe Phe Ser Lys Gly His Glu Ala Gly Ala
180 185 190
Gly Ser Gly Pro Leu Asn Pro Ile Asn Asp Thr Val Glu Phe Arg Ser
195 200 205
Pro Arg Asp Ala Asp Gly His Gly Thr His Thr Ala Ser Thr Ala Ala
210 215 220

```

Page 218

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Gly Arg Tyr Ala Phe Gln Ala Ser Met Ser Gly Tyr Ala Ala Gly Ile
225 230 235 240

Ala Lys Gly Val Ala Pro Lys Ala Arg Leu Ala Ala Tyr Lys Val Cys
245 250 255

Trp Lys Asn Ser Gly Cys Phe Asp Ser Asp Ile Leu Ala Ala Phe Asp
260 265 270

Ala Ala Val Asn Asp Gly Val Asp Val Ile Ser Ile Ser Ile Gly Gly
275 280 285

Gly Asp Gly Ile Ala Ser Pro Tyr Tyr Leu Asp Pro Ile Ala Ile Gly
290 295 300

Ser Tyr Gly Ala Val Ser Arg Gly Val Phe Val Ser Ser Ser Ala Gly
305 310 315 320

Asn Asp Gly Pro Ser Gly Met Ser Val Thr Asn Leu Ala Pro Trp Leu
325 330 335

Thr Thr Val Gly Ala Gly Thr Ile Asp Arg Asp Phe Pro Ser Gln Val
340 345 350

Ile Leu Gly Asp Gly Arg Arg Leu Ser Gly Val Ser Leu Tyr Ala Gly
355 360 365

Ala Ala Leu Lys Gly Lys Met Tyr Gln Leu Val Tyr Pro Gly Lys Ser
370 375 380

Gly Ile Leu Gly Asp Ser Leu Cys Met Glu Asn Ser Leu Asp Pro Asn
385 390 395 400

Met Val Lys Gly Lys Ile Val Ile Cys Asp Arg Gly Ser Ser Pro Arg
405 410 415

Val Ala Lys Gly Leu Val Val Lys Lys Ala Gly Gly Val Gly Met Ile
420 425 430

Leu Ala Asn Gly Ile Ser Asn Gly Glu Gly Leu Val Gly Asp Ala His
435 440 445

Leu Leu Pro Ala Cys Ala Val Gly Ala Asn Glu Gly Asp Val Ile Lys
450 455 460

Lys Tyr Ile Ser Ser Ser Thr Asn Pro Thr Ala Thr Leu Asp Phe Lys
Page 219

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
465 470 475 480
Gly Thr Ile Leu Gly Ile Lys Pro Ala Pro Val Ile Ala Ser Phe Ser
485 490 495
Ala Arg Gly Pro Asn Gly Leu Asn Pro Gln Ile Leu Lys Pro Asp Phe
500 505 510
Ile Ala Pro Gly Val Asn Ile Leu Ala Ala Trp Thr Gln Ala Val Gly
515 520 525
Pro Thr Gly Leu Asp Ser Asp Thr Arg Arg Thr Glu Phe Asn Ile Leu
530 535 540
Ser Gly Thr Ser Met Ala Cys Pro His Val Ser Gly Ala Ala Ala Leu
545 550 555 560
Leu Lys Ser Ala His Pro Asp Trp Ser Pro Ala Ala Leu Arg Ser Ala
565 570 575
Met Met Thr Thr Ala Thr Val Leu Asp Asn Arg Asn Gln Ile Met Thr
580 585 590
Asp Glu Ala Thr Gly Asn Ser Ser Thr Pro Tyr Asp Phe Gly Ala Gly
595 600 605
His Leu Asn Leu Gly Arg Ala Met Asp Pro Gly Leu Val Tyr Asp Ile
610 615 620
Thr Asn Asn Asp Tyr Val Asn Phe Leu Cys Gly Ile Gly Tyr Gly Pro
625 630 635 640
Lys Val Ile Gln Val Ile Thr Arg Ala Pro Ala Ser Cys Pro Val Arg
645 650 655
Arg Pro Ala Pro Glu Asn Leu Asn Tyr Pro Ser Phe Val Ala Met Phe
660 665 670
Pro Ala Ser Ser Lys Gly Val Ala Ser Lys Thr Phe Ile Arg Thr Val
675 680 685
Thr Asn Val Gly Pro Ala Asn Ser Val Tyr Arg Val Ser Val Glu Ala
690 695 700
Pro Ala Ser Gly Val Ser Val Thr Val Lys Pro Ser Arg Leu Val Phe
705 710 715 720

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Ser Glu Ala Val Lys Lys Arg Ser Tyr Val Val Thr Val Ala Gly Asp
 725 730 735

Thr Arg Lys Leu Lys Met Gly Pro Ser Gly Ala Val Phe Gly Ser Leu
 740 745 750

Thr Trp Thr Asp Gly Lys His Val Val Arg Ser Pro Ile Val Val Thr
 755 760 765

Gln Ile Glu Pro Leu
 770

<210> 69
 <211> 770
 <212> PRT
 <213> Glycine max

<400> 69

Met Gly Lys Gln Val Leu Asn Ser Phe Pro Leu Ile Val Phe Phe Phe
 1 5 10 15

Ile Leu Phe Ser Thr Val Ser Ala Asp Glu Val Ser Lys Thr Phe Ile
 20 25 30

Phe Arg Val Asp Ser Gln Ser Lys Pro Thr Val Phe Pro Thr His Tyr
 35 40 45

His Trp Tyr Thr Ser Glu Phe Ala Gln Glu Thr Ser Ile Leu His Leu
 50 55 60

Tyr Asp Thr Val Phe Cys Gly Phe Ser Ala Val Leu Thr Ser His Gln
 65 70 75 80

Val Ala Ser Ile Ser Gln His Pro Ser Val Leu Ala Val Phe Glu Asp
 85 90 95

Arg Arg Arg Gln Leu His Thr Thr Arg Ser Pro Gln Phe Leu Gly Leu
 100 105 110

Arg Asn Gln Arg Gly Leu Trp Ser Glu Ser Asp Tyr Gly Ser Asp Val
 115 120 125

Ile Val Gly Val Phe Asp Thr Gly Val Trp Pro Glu Arg Arg Ser Phe
 130 135 140

Ser Asp Leu Asn Leu Gly Pro Ile Pro Arg Arg Trp Lys Gly Ala Cys
 145 150 155 160

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Glu Thr Gly Ala Ser Phe Ser Pro Lys Asn Cys Asn Arg Lys Leu Ile
 165 170 175
 Gly Ala Arg Phe Phe Ser Lys Gly His Glu Ala Gly Ala Gly Ser Gly
 180 185 190
 Pro Leu Asn Pro Ile Asn Glu Thr Val Glu Phe Arg Ser Pro Arg Asp
 195 200 205
 Ala Asp Gly His Gly Thr His Thr Ala Ser Thr Ala Ala Gly Arg Tyr
 210 215 220
 Ala Phe Gln Ala Ser Met Ser Gly Tyr Ala Ala Gly Ile Ala Lys Gly
 225 230 235 240
 Val Ala Pro Lys Ala Arg Leu Ala Val Tyr Lys Val Cys Trp Lys Asn
 245 250 255
 Ser Gly Cys Phe Asp Ser Asp Ile Leu Ala Ala Phe Asp Ala Ala Val
 260 265 270
 Asn Asp Gly Val Asp Val Ile Ser Ile Ser Ile Gly Gly Gly Asp Gly
 275 280 285
 Ile Ala Ser Pro Tyr Tyr Leu Asp Pro Ile Ala Ile Gly Ser Tyr Gly
 290 295 300
 Ala Val Ser Arg Gly Val Phe Val Ser Ser Ser Ala Gly Asn Asp Gly
 305 310 315 320
 Pro Ser Gly Met Ser Val Thr Asn Leu Ala Pro Trp Leu Thr Thr Val
 325 330 335
 Gly Ala Gly Thr Ile Asp Arg Glu Phe Pro Ser Gln Val Ile Leu Gly
 340 345 350
 Asp Gly Arg Arg Leu Ser Gly Val Ser Leu Tyr Ala Gly Ala Ala Leu
 355 360 365
 Lys Gly Lys Met Tyr Gln Leu Val Tyr Pro Gly Lys Ser Gly Ile Leu
 370 375 380
 Gly Asp Ser Leu Cys Met Glu Asn Ser Leu Asp Pro Ser Met Val Lys
 385 390 395 400
 Gly Lys Ile Val Ile Cys Asp Arg Gly Ser Ser Pro Arg Val Ala Lys
 405 410 415

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Gly Leu val Val Lys Lys Ala Gly Gly val Gly Met Ile Leu Ala Asn
420 425 430

Gly Ile Ser Asn Gly Glu Gly Leu val Gly Asp Ala His Leu Leu Pro
435 440 445

Ala Cys Ala Val Gly Ala Asn Glu Gly Asp Leu Ile Lys Lys Tyr Ile
450 455 460

Ser Ser Ser Lys Asn Pro Thr Ala Thr Leu Asp Phe Lys Gly Thr Ile
465 470 475 480

Leu Gly Ile Lys Pro Ala Pro Val Ile Ala Ser Phe Ser Ala Arg Gly
485 490 495

Pro Asn Gly Leu Asn Pro Glu Ile Leu Lys Pro Asp Leu Ile Ala Pro
500 505 510

Gly val Asn Ile Leu Ala Ala Trp Thr Glu Ala Val Gly Pro Thr Gly
515 520 525

Leu Asp Ser Asp Thr Arg Arg Thr Glu Phe Asn Ile Leu Ser Gly Thr
530 535 540

Ser Met Ala Cys Pro His val Ser Gly Ala Ala Ala Leu Leu Lys Ser
545 550 555 560

Ala His Pro Asp Trp Ser Pro Ala Ala Ile Arg Ser Ala Met Met Thr
565 570 575

Thr Ala Thr Val Leu Asp Asn Arg Asn Lys Thr Met Thr Asp Glu Ala
580 585 590

Thr Gly Asn Ser Ser Thr Pro Tyr Asp Phe Gly Ala Gly His Leu Asn
595 600 605

Leu Gly Arg Ala Met Asp Pro Gly Leu Val Tyr Asp Ile Thr Asn Asn
610 615 620

Asp Tyr Val Asn Phe Leu Cys Gly Ile Gly Tyr Gly Pro Lys Val Ile
625 630 635 640

Gln val Ile Thr Arg Ala Pro Ala Ser Cys Pro Val Arg Arg Pro Ala
645 650 655

Pro Glu Asn Leu Asn Tyr Pro Ser Phe Val Ala Leu Phe Pro Val Ser
660 665 670

Page 223

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Ser Lys Arg Val Ala Ser Lys Thr Phe Ile Arg Thr Val Ser Asn Val
675 680 685

Gly Pro Ala Asn Ser Val Tyr Arg Val Ser Val Glu Ala Pro Ala Ser
690 695 700

Gly Val Thr Val Lys Val Lys Pro Ser Arg Leu Val Phe Ser Glu Ala
705 710 715 720

Val Lys Lys Arg Ser Tyr Ala Val Thr Val Ala Gly Asp Thr Arg Asn
725 730 735

Leu Lys Met Gly Gln Ser Gly Ala Val Phe Gly Ser Leu Thr Trp Thr
740 745 750

Asp Gly Lys His Val Val Arg Ser Pro Ile Val Val Ser Gln Ile Glu
755 760 765

Pro Leu
770

<210> 70
<211> 770
<212> PRT
<213> Glycine max
<400> 70

Met Val Asp Lys Met Asn Met Leu Ile Phe Lys Ser Leu Gln Ile Ser
1 5 10 15

Leu Leu Leu Val Phe Ser Ile Arg Asn Thr Thr Ala Glu Lys Lys Thr
20 25 30

His His Thr Lys His Thr Tyr Ile Ile His Met Asp Lys Phe Asn Met
35 40 45

Pro Glu Ser Phe Asn Asp His Leu Leu Trp Phe Asp Ser Ser Leu Lys
50 55 60

Ser Val Ser Asp Ser Ala Glu Met Leu Tyr Thr Tyr Lys Lys Val Ala
65 70 75 80

His Gly Phe Ser Thr Arg Leu Thr Thr Gln Glu Ala Glu Leu Leu Ser
85 90 95

Lys Gln Pro Gly Val Leu Ser Val Ile Pro Glu Val Arg Tyr Asp Leu
100 105 110

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

His Thr Thr Arg Thr Pro Glu Phe Leu Gly Leu Ala Lys Tyr Ser Thr
115 120 125

Leu Ser Leu Ala Ser Gly Lys Gln Ser Asp Val Ile val Gly val Leu
130 135 140

Asp Thr Gly Val Trp Pro Glu Leu Lys Ser Phe Asp Asp Thr Gly Leu
145 150 155 160

Gly Pro val Pro Ser Ser Trp Lys Gly Glu Cys Glu Arg Gly Lys Asn
165 170 175

Phe Asn Pro Ser Asn Cys Asn Lys Lys Leu val Gly Ala Arg Phe Phe
180 185 190

Ser Arg Gly Tyr Glu Ala Ala Phe Gly Pro Ile Asp Glu Lys Thr Glu
195 200 205

Ser Lys Ser Pro Arg Asp Asp Asp Gly His Gly Ser His Thr Ser Thr
210 215 220

Thr Ala Ala Gly Ser Ala val val Gly Ala Ser Leu Phe Gly Phe Ala
225 230 235 240

Asn Gly Thr Ala Arg Gly Met Ala Thr Gln Ala Arg Leu Ala Thr Tyr
245 250 255

Lys val Cys Trp Leu Gly Gly Cys Phe Thr Ser Asp Ile Ala Ala Gly
260 265 270

Ile Asp Lys Ala Ile Glu Asp Gly val Asn Ile Leu Ser Met Ser Ile
275 280 285

Gly Gly Gly Leu Met Asp Tyr Tyr Lys Asp Thr Ile Ala Ile Gly Thr
290 295 300

Phe Ala Ala Thr Ala His Gly Ile Leu val Ser Asn Ser Ala Gly Asn
305 310 315 320

Gly Gly Pro Ser Gln Ala Thr Leu Ser Asn val Ala Pro Trp Leu Thr
325 330 335

Thr val Gly Ala Gly Thr Ile Asp Arg Asp Phe Pro Ala Tyr Ile Thr
340 345 350

Leu Gly Asn Gly Lys Met Tyr Thr Gly Val Ser Leu Tyr Asn Gly Lys
Page 225

355 SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt 360 365

Leu Pro Pro Asn Ser Pro Leu Pro Ile Val Tyr Ala Ala Asn Val Ser
370 375 380

Asp Glu Ser Gln Asn Leu Cys Thr Arg Gly Thr Leu Ile Ala Glu Lys
385 390 395 400

Val Ala Gly Lys Ile Val Ile Cys Asp Arg Gly Gly Asn Ala Arg Val
405 410 415

Glu Lys Gly Leu Val Val Lys Ser Ala Gly Gly Ile Gly Met Ile Leu
420 425 430

Ser Asn Asn Glu Asp Tyr Gly Glu Glu Leu Val Ala Asp Ser Tyr Leu
435 440 445

Leu Pro Ala Ala Ala Leu Gly Gln Lys Ser Ser Asn Glu Leu Lys Lys
450 455 460

Tyr Val Phe Ser Ser Pro Asn Pro Thr Ala Lys Leu Gly Phe Gly Gly
465 470 475 480

Thr Gln Leu Gly Val Gln Pro Ser Pro Val Val Ala Ala Phe Ser Ser
485 490 495

Arg Gly Pro Asn Val Leu Thr Pro Lys Ile Leu Lys Pro Asp Leu Ile
500 505 510

Ala Pro Gly Val Asn Ile Leu Ala Gly Trp Thr Gly Ala Val Gly Pro
515 520 525

Thr Gly Leu Thr Glu Asp Thr Arg His Val Glu Phe Asn Ile Ile Ser
530 535 540

Gly Thr Ser Met Ser Cys Pro His Val Thr Gly Leu Ala Ala Leu Leu
545 550 555 560

Lys Gly Thr His Pro Glu Trp Ser Pro Ala Ala Ile Arg Ser Ala Leu
565 570 575

Met Thr Thr Ala Tyr Arg Thr Tyr Lys Asn Gly Gln Thr Ile Lys Asp
580 585 590

Val Ala Thr Gly Leu Pro Ala Thr Pro Phe Asp Tyr Gly Ala Gly His
595 600 605

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Val Asp Pro Val Ala Ala Phe Asp Pro Gly Leu Val Tyr Asp Thr Ser
 610 615 620

Val Asp Asp Tyr Leu Ser Phe Phe Cys Ala Leu Asn Tyr Ser Ser Tyr
 625 630 635 640

Gln Ile Lys Leu Val Ala Arg Arg Asp Phe Thr Cys Ser Lys Arg Asn
 645 650 655

Asn Tyr Arg Val Glu Asp Leu Asn Tyr Pro Ser Phe Ala Val Pro Phe
 660 665 670

Asn Thr Ala Tyr Gly Val Lys Gly Gly Ser Arg Lys Pro Ala Thr Val
 675 680 685

Gln Tyr Thr Arg Thr Leu Thr Asn Val Gly Ala Pro Ala Thr Tyr Lys
 690 695 700

Val Ser Val Ser Gln Ser Pro Ser Val Lys Ile Met Val Gln Pro Gln
 705 710 715 720

Thr Leu Ser Phe Gly Gly Leu Asn Glu Lys Lys Asn Tyr Thr Val Thr
 725 730 735

Phe Thr Ser Ser Ser Lys Pro Ser Gly Thr Asn Ser Phe Ala Tyr Leu
 740 745 750

Glu Trp Ser Asp Gly Lys His Lys Val Thr Ser Pro Ile Ala Phe Ser
 755 760 765

Trp Thr
 770

<210> 71
 <211> 767
 <212> PRT
 <213> Glycine max

<400> 71

Met Glu Met Phe Lys Lys Pro Phe Phe Ala Thr Thr Phe Val Leu Phe
 1 5 10 15

Met Ile Leu Cys Asp Val Ser Leu Ala Thr Lys Asp Asn Gln Lys Asn
 20 25 30

Thr Tyr Ile Val His Met Ala Lys Ser Lys Met Pro Ala Ser Phe Asn
 35 40 45

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
His His Ser Val Trp Tyr Lys Ser Ile Met Lys Ser Ile Ser Asn Ser
50 55 60

Thr Glu Met Leu Tyr Thr Tyr Asp Asn Thr Ile His Gly Leu Ser Thr
65 70 75 80

Arg Leu Thr Leu Glu Glu Ala Arg Leu Leu Lys Ser Gln Thr Gly Ile
85 90 95

Leu Lys Val Leu Pro Glu Lys Ile Tyr Lys Pro Leu Thr Thr Arg Thr
100 105 110

Pro Lys Phe Leu Gly Leu Asp Lys Ile Ala Asp Met Phe Pro Lys Ser
115 120 125

Asn Glu Ala Ser Asp Ile Val Ile Gly Leu Leu Asp Thr Gly Val Trp
130 135 140

Pro Glu Ser Lys Ser Phe Glu Asp Thr Gly Leu Gly Pro Ile Pro Ser
145 150 155 160

Ser Trp Lys Gly Lys Cys Glu Ser Gly Asp Asn Phe Thr Thr Leu Asn
165 170 175

Cys Asn Lys Lys Leu Ile Gly Ala Arg Phe Phe Leu Lys Gly Tyr Glu
180 185 190

Ala Ser Met Gly Pro Leu Asn Ala Thr Asn Gln Phe Arg Ser Pro Arg
195 200 205

Asp Ala Asp Gly His Gly Thr His Thr Ala Ser Thr Ala Ala Gly Ser
210 215 220

Ala Val Lys Gly Ala Ser Leu Phe Gly Tyr Ala Ser Gly Thr Ala Arg
225 230 235 240

Gly Met Ala Ser Arg Ala Arg Val Ala Val Tyr Lys Val Cys Trp Gly
245 250 255

Asp Thr Cys Ala Val Ser Asp Ile Leu Ala Ala Met Asp Ala Ala Ile
260 265 270

Ser Asp Asn Val Asn Val Ile Ser Ala Ser Leu Gly Gly Gly Ala Ile
275 280 285

Asp Tyr Asp Glu Glu Asn Leu Ala Ile Gly Ala Phe Ala Ala Met Glu
290 295 300

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290...ST25.txt

Lys Gly Ile Val Val Ser Cys Ala Ala Gly Asn Thr Gly Pro Asp Ser
305 310 315 320

Ser Ser Leu Gln Asn Ile Ala Pro Trp Met Ile Thr Val Gly Ala Gly
325 330 335

Thr Leu Asp Arg Asp Phe Pro Val Asn Val Asn Leu Gly Asn Gly Gln
340 345 350

Asn Tyr Ser Gly Val Ser Ile Tyr Asp Gly Lys Phe Ser Arg His Thr
355 360 365

Leu Val Pro Leu Ile Tyr Ala Gly Asn Ala Ser Ala Lys Ile Gly Ala
370 375 380

Glu Leu Cys Glu Thr Asp Ser Leu Asp Pro Lys Lys Val Lys Gly Lys
385 390 395 400

Ile Val Leu Cys Asp Arg Gly Asn Ser Ser Arg Val Glu Lys Gly Leu
405 410 415

Val Val Lys Ser Ala Gly Gly Val Gly Met Val Leu Ala Asn Ser Glu
420 425 430

Ser Asp Gly Glu Glu Leu Val Ala Asp Ala His Leu Leu Pro Thr Thr
435 440 445

Ala Val Gly Phe Lys Ala Gly Lys Leu Ile Lys Leu Tyr Leu Gln Asp
450 455 460

Ala Arg Lys Pro Thr Ser Arg Leu Met Phe Glu Gly Thr Lys Val Gly
465 470 475 480

Ile Glu Pro Ser Pro Val Val Ala Ala Phe Ser Ser Arg Gly Pro Asn
485 490 495

Pro Ile Thr Pro Glu Val Leu Lys Pro Asp Phe Ile Ala Pro Gly Val
500 505 510

Asn Ile Leu Ala Ala Phe Thr Lys Leu Val Gly Pro Thr Asn Leu Asp
515 520 525

Gln Asp Asp Arg Arg Val Asp Phe Asn Ile Ile Ser Gly Thr Ser Met
530 535 540

Ala Cys Pro His Ala Ser Gly Ile Ala Ala Leu Ile Lys Ser Phe His
545 550 555 560

Page 229

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

Pro Asp Trp Ser Pro Ala Ala Ile Arg Ser Ala Leu Met Thr Thr Ala
      565      570      575

Tyr Thr Thr Tyr Asn Asn Gly Lys Lys Leu Leu Asp Ser Ala Thr Asn
      580      585      590

Gly Pro Ser Thr Pro Phe Glu Val Gly Ala Gly His Val Asn Pro Val
      595      600      605

Ala Ala Leu Asn Pro Gly Leu Val Tyr Asp Leu Ala Val Asp Asp Tyr
      610      615      620

Leu Asn Phe Leu Cys Ala Leu Asn Tyr Thr Pro Asp Arg Ile Glu Val
      625      630      635      640

Val Ala Arg Arg Lys Phe Arg Cys Asn Ala His Lys His Tyr Ser Val
      645      650      655

Thr Asp Leu Asn Tyr Pro Ser Phe Gly Val Val Phe Lys Pro Lys Val
      660      665      670

Gly Gly Ser Gly Ala Thr Ile Val Lys His Lys Arg Thr Leu Thr Asn
      675      680      685

Val Gly Asp Ala Gly Thr Tyr Lys Val Ser Val Thr Val Asp Ile Ser
      690      695      700

Ser Val Lys Ile Ala Val Glu Pro Asn Val Leu Ser Phe Asn Lys Asn
      705      710      715      720

Glu Lys Lys Ser Tyr Thr Ile Thr Phe Thr Val Ser Gly Pro Pro Pro
      725      730      735

Pro Ser Asn Phe Gly Phe Gly Arg Leu Glu Trp Ser Asn Gly Lys Asn
      740      745      750

Val Val Gly Ser Pro Ile Ser Ile Thr Trp Glu Ser Gly Arg Ala
      755      760      765

<210> 72
<211> 777
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 72
Met Ala Asn Ile Met Arg Asn Ala Asp Pro Pro Ala Leu Leu Ser Cys
 1          5          10          15

```

Page 230

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

Asn Leu Leu Leu Phe Phe Ile Ile Leu Phe Ser Phe Leu Pro Gln
    20          25          30
Thr Ile Ala Leu Gln Tyr Gln Val Ser Lys Thr Phe Ile Phe Arg Ile
    35          40          45
Asp Ser Glu Ser Lys Pro Ser Val Phe Pro Thr His Tyr His Trp Tyr
    50          55          60
Thr Ser Glu Phe Ala Asp Pro Thr Arg Ile Leu His Leu Tyr Asp Thr
    65          70          75          80
Val Phe His Gly Phe Ser Ala Val Leu Thr His Gln Gln Val Ala Ser
    85          90          95
Leu Gly Gln His Pro Ser Val Leu Ala Val Phe Glu Asp Arg Arg Arg
   100          105          110
His Leu His Thr Thr Arg Ser Pro Gln Phe Val Gly Leu Arg Asn Gln
   115          120          125
Arg Gly Leu Trp Ser Glu Thr Asp Tyr Gly Ser Asp Val Ile Ile Gly
   130          135          140
Val Phe Asp Thr Gly Ile Trp Pro Glu Arg Arg Ser Phe Ser Asp Ser
   145          150          155          160
Asn Leu Gly Pro Ile Pro Lys Arg Trp Lys Gly Val Cys Glu Ser Gly
   165          170          175
Val Arg Phe Ser Pro Ser Asn Cys Asn Arg Lys Leu Ile Gly Ala Arg
   180          185          190
Phe Phe Ser Lys Gly His Glu Ala Ser Gly Thr Ser Phe Asn Asp Thr
   195          200          205
Val Glu Phe Arg Ser Pro Arg Asp Ala Asp Gly His Gly Thr His Thr
   210          215          220
Ala Ser Thr Ala Ala Gly Arg Tyr Val Phe Glu Ala Ser Met Ala Gly
   225          230          235          240
Tyr Ala Phe Gly Val Ala Lys Gly Val Ala Pro Lys Ala Arg Leu Ala
   245          250          255
Met Tyr Lys Leu Cys Trp Lys Asn Ser Gly Cys Phe Asp Ser Asp Ile

```

Page 231

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
260 265 270

Leu Ala Ala Phe Asp Ala Ala Val Ala Asp Gly Val Asp Val Ile Ser
275 280 285

Met Ser Ile Gly Gly Gly Asp Gly Ile Ser Ser Pro Tyr Tyr Leu Asp
290 295 300

Pro Ile Ala Ile Gly Ser Tyr Gly Ala Val Ser Arg Gly Val Phe Val
305 310 315 320

Ser Ser Ser Gly Gly Asn Asp Gly Pro Ser Gly Met Ser Val Thr Asn
325 330 335

Leu Ala Pro Trp Leu Thr Thr Val Gly Ala Gly Thr Ile Asp Arg Asp
340 345 350

Phe Pro Ala Glu Val Ile Leu Gly Asn Gly Arg Arg Leu Ser Gly Val
355 360 365

Ser Leu Tyr Ser Gly Glu Pro Leu Lys Gly Lys Met Tyr Pro Leu Ile
370 375 380

Tyr Pro Gly Lys Ser Gly Val Leu Thr Asp Ser Leu Cys Met Glu Asn
385 390 395 400

Ser Leu Asp Pro Glu Leu Val Lys Gly Lys Ile Val Val Cys Asp Arg
405 410 415

Gly Ser Ser Ala Arg Val Ala Lys Gly Leu Val Val Lys Lys Ala Gly
420 425 430

Gly Val Gly Met Ile Leu Ala Asn Gly Ile Ser Asn Gly Glu Gly Leu
435 440 445

Val Gly Asp Ala His Leu Leu Pro Ala Cys Ala Leu Gly Ala Asn Phe
450 455 460

Gly Asp Glu Ile Lys Glu Tyr Ile Asn Phe Ser Ala Asn Pro Thr Ala
465 470 475 480

Thr Ile Asp Phe Lys Gly Thr Val Val Gly Ile Arg Pro Ala Pro Val
485 490 495

Val Ala Ser Phe Ser Ala Arg Gly Pro Asn Gly Leu Ser Leu Glu Ile
500 505 510

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Leu Lys Pro Asp Leu Thr Ala Pro Gly Val Asn Ile Leu Ala Ala Trp
 515 520 525

Thr Gly Gly Val Gly Pro Ser Gly Leu Asp Ser Asp Thr Arg Arg Thr
 530 535 540

Glu Phe Asn Ile Leu Ser Gly Thr Ser Met Ala Cys Pro His Val Ser
 545 550 555 560

Gly Ala Ala Ala Leu Leu Lys Ser Ala His Pro Asp Trp Ser Pro Ala
 565 570 575

Ala Ile Arg Ser Ala Met Met Thr Thr Ala Thr Val Phe Asp Asn Thr
 580 585 590

Asn Ala Leu Met Ile Asp Gln Ala Thr Gly Asn Ala Ser Thr Pro Tyr
 595 600 605

Asp Phe Gly Ala Gly His Leu Asn Leu Ala Leu Ala Met Asp Pro Gly
 610 615 620

Leu Val Tyr Asn Ile Thr Pro His Asp Tyr Val Thr Phe Leu Cys Ala
 625 630 635 640

Ile Gly Tyr Gly Pro Arg Leu Ile Gln Val Ile Thr Gly Ser Pro Pro
 645 650 655

Asn Cys Pro Arg Arg Arg Pro Leu Pro Glu Asn Leu Asn Tyr Pro Ser
 660 665 670

Phe Val Ala Val Leu Pro Val Ser Ser Ser Leu Leu Ser Lys Thr Phe
 675 680 685

Phe Arg Thr Val Thr Asn Val Gly Pro Pro Ser Ala Val Tyr Arg Val
 690 695 700

Arg Val Glu Thr Gln Ala Glu Gly Val Ala Val Thr Val Arg Pro Ser
 705 710 715 720

Gln Leu Val Phe Ser Glu Ala Val Lys Lys Arg Ser Phe Val Val Thr
 725 730 735

Val Thr Ala Asp Gly Arg Asn Leu Glu Leu Gly Gln Ala Gly Ala Val
 740 745 750

Phe Gly Ser Leu Ser Trp Thr Asp Gly Lys His Val Val Arg Ser Pro
 755 760 765

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Met Val Val Thr Gln Ala Gln Pro Leu
 770 775

<210> 73
 <211> 1336
 <212> ДНК
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 73
 cgaacggtcg tcataattcc ttgaaacctc gaaaatccaa aaacccatat ccaatcttct 60
 tcccatataa attaagattt ttatttatat atttgtttac ttatttcaat tcccaaaatc 120
 ctctgcctca tcattctcaa actgttacca cgtccatagg gttgtcgaag agctaggaag 180
 agccttacca agagcttctt cttcccctaa catttaggtt ggtaggagaa gcaaaggaag 240
 agatcattta taatggctcc tgcattcgga aaatgtttca tgttctgctg cgctaaaacc 300
 tccccgaaa aagacgaaat ggcaacggaa tcgtacgaag ccgccattaa aggactcaat 360
 gatcttctca gtacgaaagc ggatctcgga aacgtcgccg ccgcaagat caaagcgttg 420
 acggcggagc taaaggagct tgactcaagc aattcagacg caattgaacg aatcaagacc 480
 ggttttactc aattcaaaac cgagaaatat ttgaagaata gtactttgtt caatcatctt 540
 gccagactc agaccccaa gtttctggtg tttgcttgct ctgattctcg agtttgtcca 600
 tctcacatct tgaatttcca acctggtgag gctttgttg tcagaaacat agccaatatg 660
 gttccacctt ttgaccagaa gagacactct ggagttggcg ccgccgttga atacgcagtt 720
 gtacatctca aggtggagaa cttttggtg ataggccata gctgctgtgg tggattaag 780
 ggactcatgt ccattgaaga tgatgctgcc ccaactcaa gtgacttcat tgaataattg 840
 gtgaagatag gcgcatcagc gaggaacaag atcaaggagg aacataaaga cttagctac 900
 gatgatcaat gcaacaagtg tgagaaggaa gctgtgaacg tatcgcttgg aaacttgctt 960
 tcgtacccat tcgtgagagc tgaggtggtg aagaacacac ttgcaataag aggaggtcac 1020
 tacaatttcg tcaaaggaa gtttgatctc tgggagctcg atttcaagac cactcctgct 1080
 tttgccttct ctttaagaaag aaagctaccg gaacatataa aactcttttg agataaaaaa 1140
 agacactttg actcatcttt cttcattctc tcattgtgat gattcctctc caacttcttt 1200
 gatttctttt tgttaattca aaacttcaac tttgctgctt ctatttcaa agctcaaaca 1260
 ataaagctgt aaccaacggt tgaacttct atatttgtct aattgatgtt tgaacgaaga 1320
 tttgaacttt ccttct 1336

<210> 74
 <211> 843
 <212> ДНК
 <213> Arabidopsis thaliana

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_St25.txt

```

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(843)

<400> 74
atg gct cct gca ttc gga aaa tgt ttc atg ttc tgc tgc gct aaa acc      48
Met Ala Pro Ala Phe Gly Lys Cys Phe Met Phe Cys Cys Ala Lys Thr
1 5 10 15

tcc ccg gaa aaa gac gaa atg gca acg gaa tcg tac gaa gcc gcc att      96
Ser Pro Glu Lys Asp Glu Met Ala Thr Glu Ser Tyr Glu Ala Ala Ile
20 25 30

aaa gga ctc aat gat ctt ctc agt acg aaa gcg gat ctc gga aac gtc      144
Lys Gly Leu Asn Asp Leu Leu Ser Thr Lys Ala Asp Leu Gly Asn Val
35 40 45

gcc gcc gcg aag atc aaa gcg ttg acg gcg gag cta aag gag ctt gac      192
Ala Ala Ala Lys Ile Lys Ala Leu Thr Ala Glu Leu Lys Glu Leu Asp
50 55 60

tca agc aat tca gac gca att gaa cga atc aag acc ggt ttt act caa      240
Ser Ser Asn Ser Asp Ala Ile Glu Arg Ile Lys Thr Gly Phe Thr Gln
65 70 75 80

ttc aaa acc gag aaa tat ttg aag aat agt act ttg ttc aat cat ctt      288
Phe Lys Thr Glu Lys Tyr Leu Lys Asn Ser Thr Leu Phe Asn His Leu
85 90 95

gcc aag act cag acc cca aag ttt ctg gtg ttt gct tgc tct gat tct      336
Ala Lys Thr Gln Thr Pro Lys Phe Leu Val Phe Ala Cys Ser Asp Ser
100 105 110

cga gtt tgt cca tct cac atc ttg aat ttc caa cct ggt gag gct ttt      384
Arg Val Cys Pro Ser His Ile Leu Asn Phe Gln Pro Gly Glu Ala Phe
115 120 125

gtt gtc aga aac ata gcc aat atg gtt cca cct ttt gac cag aag aga      432
Val Val Arg Asn Ile Ala Asn Met Val Pro Pro Phe Asp Gln Lys Arg
130 135 140

cac tct gga gtt ggc gcc gcc gtt gaa tac gca gtt gta cat ctc aag      480
His Ser Gly Val Gly Ala Ala Val Glu Tyr Ala Val Val His Leu Lys
145 150 155 160

gtg gag aac att ttg gtg ata ggc cat agc tgc tgt ggt ggt att aag      528
Val Glu Asn Ile Leu Val Ile Gly His Ser Cys Cys Gly Gly Ile Lys
165 170 175

gga ctc atg tcc att gaa gat gat gct gcc cca act caa agt gac ttc      576
Gly Leu Met Ser Ile Glu Asp Asp Ala Ala Pro Thr Gln Ser Asp Phe
180 185 190

att gaa aat tgg gtg aag ata ggc gca tca gcg agg aac aag atc aag      624
Ile Glu Asn Trp Val Lys Ile Gly Ala Ser Ala Arg Asn Lys Ile Lys
195 200 205

gag gaa cat aaa gac ttg agc tac gat gat caa tgc aac aag tgt gag      672
Glu Glu His Lys Asp Leu Ser Tyr Asp Asp Gln Cys Asn Lys Cys Glu
210 215 220

aag gaa gct gtg aac gta tcg ctt gga aac ttg ctt tcg tac cca ttc      720

```

Page 235

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Lys Glu Ala Val Asn Val Ser Leu Gly Asn Leu Leu Ser Tyr Pro Phe
 225 230 235 240

gtg aga gct gag gtg gtg aag aac aca ctt gca ata aga gga ggt cac 768
 Val Arg Ala Glu Val Val Lys Asn Thr Leu Ala Ile Arg Gly Gly His
 245 250 255

tac aat ttc gtc aaa gga acg ttt gat ctc tgg gag ctc gat ttc aag 816
 Tyr Asn Phe Val Lys Gly Thr Phe Asp Leu Trp Glu Leu Asp Phe Lys
 260 265 270

acc act cct gct ttt gcc ttc tct taa 843
 Thr Thr Pro Ala Phe Ala Phe Ser
 275 280

<210> 75
 <211> 280
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 75

Met Ala Pro Ala Phe Gly Lys Cys Phe Met Phe Cys Cys Ala Lys Thr
 1 5 10 15

Ser Pro Glu Lys Asp Glu Met Ala Thr Glu Ser Tyr Glu Ala Ala Ile
 20 25 30

Lys Gly Leu Asn Asp Leu Leu Ser Thr Lys Ala Asp Leu Gly Asn Val
 35 40 45

Ala Ala Ala Lys Ile Lys Ala Leu Thr Ala Glu Leu Lys Glu Leu Asp
 50 55 60

Ser Ser Asn Ser Asp Ala Ile Glu Arg Ile Lys Thr Gly Phe Thr Gln
 65 70 75 80

Phe Lys Thr Glu Lys Tyr Leu Lys Asn Ser Thr Leu Phe Asn His Leu
 85 90 95

Ala Lys Thr Gln Thr Pro Lys Phe Leu Val Phe Ala Cys Ser Asp Ser
 100 105 110

Arg Val Cys Pro Ser His Ile Leu Asn Phe Gln Pro Gly Glu Ala Phe
 115 120 125

Val Val Arg Asn Ile Ala Asn Met Val Pro Pro Phe Asp Gln Lys Arg
 130 135 140

His Ser Gly Val Gly Ala Ala Val Glu Tyr Ala Val Val His Leu Lys
 145 150 155 160

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 ...SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
Val Glu Asn Ile Leu Val Ile Gly His Ser Cys Cys Gly Gly Ile Lys
165 170 175

Gly Leu Met Ser Ile Glu Asp Asp Ala Ala Pro Thr Gln Ser Asp Phe
180 185 190

Ile Glu Asn Trp Val Lys Ile Gly Ala Ser Ala Arg Asn Lys Ile Lys
195 200 205

Glu Glu His Lys Asp Leu Ser Tyr Asp Asp Gln Cys Asn Lys Cys Glu
210 215 220

Lys Glu Ala Val Asn Val Ser Leu Gly Asn Leu Leu Ser Tyr Pro Phe
225 230 235 240

Val Arg Ala Glu Val Val Lys Asn Thr Leu Ala Ile Arg Gly Gly His
245 250 255

Tyr Asn Phe Val Lys Gly Thr Phe Asp Leu Trp Glu Leu Asp Phe Lys
260 265 270

Thr Thr Pro Ala Phe Ala Phe Ser
275 280

<210> 76
<211> 1151
<212> DHK
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 76
caaaattcat gtgtagttc ttctcttita caaaattgag tttaaactgt ttattacta 60
atccaaatga ggaatcactt tgcactatta atagaaaata atacacaacc aaacatctaa 120
aagatactat aatagtagag atcaaagacc tgagcaaaaa ctgaaagaaa aaaaaaaaaa 180
aaaaaaaaaga cttctcctca aaaatggcgt ttacactagg tggaagagct cgtcgtctag 240
ttcttgcaac atcagttcat caaaatgggt gcttacacaa actgcaacaa attggatcgg 300
atcgggttca gcttggtgaa gcaaaagcaa taagattact acccaggaga acaaacatgg 360
ttcaagaatt aggaatcagg gaagaattta tggatctaaa cagagaaaca gagacaagtt 420
atgattttct ggatgaaatg agacacagat ttctgaaatt caagagacaa aagtatctac 480
cggagataga aaagttaaaa gctttggcca tagctcaatc accaaaggta atggtgatag 540
gatgtgcaga ttcaagggtta tgtccatctt atgtactagg atttcaacct ggtgaagctt 600
ttactatccg aaatgtcgc aatctcgta ccccggttca gaatggacca acagaaacca 660
actcggctct tgagtttgcc gtcaccactc ttcagggtga gaacattata gttatgggtc 720
atagcaattg tggaggaatt gcagcactta tgagtcacaa aaaccaccaa gggcaacact 780
Page 237

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

ctagtttagt agaaaggtag gttatgaatg ggaaagccgc taagttaaga acacaattag      840
cttcacacaca tttatccitt gatgaacaat gcagaaactg tgagaaggaa tctataaagg      900
attctgtgat gaatttgata acttatcat ggataagaga tagagtaaag agaggtagaag      960
tcaagattca tggatgttat tacaattigt cagattgtag tcttgagaag tggagattaa    1020
gttcagacaa gactaactat ggattctata tttcagacag agagatatgg agttgagtaa    1080
atattgaaca atcctcagtt ctaatatca gatgtatctt tgtacatacg aaatgatatt    1140
tacacaattg g                                     1151

```

```

<210> 77
<211> 873
<212> ДНК
<213> Arabidopsis thaliana

```

```

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(873)

```

```

<400> 77
atg gcg ttt aca cta ggt gga aga gct cgt cgt cta gtc tct gca aca      48
Met Ala Phe Thr Leu Gly Gly Arg Ala Arg Arg Leu Val Ser Ala Thr
1          5          10
tca gtt cat caa aat ggt tgc tta cac aaa ctg caa caa att gga tgc      96
Ser Val His Gln Asn Gly Cys Leu His Lys Leu Gln Gln Ile Gly Ser
20         25         30
gat cgg ttt cag ctt ggt gaa gca aaa gca ata aga tta cta ccc agg    144
Asp Arg Phe Gln Leu Gly Glu Ala Lys Ala Ile Arg Leu Leu Pro Arg
35         40         45
aga aca aac atg gtt caa gaa tta gga atc agg gaa gaa ttt atg gat    192
Arg Thr Asn Met Val Gln Glu Leu Gly Ile Arg Glu Glu Phe Met Asp
50         55         60
cta aac aga gaa aca gag aca agt tat gat ttt ctg gat gaa atg aga    240
Leu Asn Arg Glu Thr Glu Thr Ser Tyr Asp Phe Leu Asp Glu Met Arg
65         70         75
cac aga ttt ctg aaa ttc aag aga caa aag tat cta ccg gag ata gaa    288
His Arg Phe Leu Lys Phe Lys Arg Gln Lys Tyr Leu Pro Glu Ile Glu
85         90         95
aag ttt aaa gct ttg gcc ata gct caa tca cca aag gta atg gtg ata    336
Lys Phe Lys Ala Leu Ala Ile Ala Gln Ser Pro Lys Val Met Val Ile
100        105        110
gga tgt gca gat tca agg gta tgt cca tct tat gta cta gga ttt caa    384
Gly Cys Ala Asp Ser Arg Val Cys Pro Ser Tyr Val Leu Gly Phe Gln
115        120        125
cct ggt gaa gct ttt act atc cga aat gtc gcc aat ctc gtt acc ccg    432
Pro Gly Glu Ala Phe Thr Ile Arg Asn Val Ala Asn Leu Val Thr Pro
130        135        140

```

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

gtt cag aat gga cca aca gaa acc aac tcg gct ctt gag ttt gcg gtc 480
 val Gln Asn Gly Pro Thr Glu Thr Asn Ser Ala Leu Glu Phe Ala val
 145 150 155 160

acc act ctt cag gtt gag aac att ata gtt atg ggt cat agc aat tgt 528
 Thr Thr Leu Gln Val Glu Asn Ile Ile Val Met Gly His Ser Asn Cys
 165 170 175

gga gga att gca gca ctt atg agt cat caa aac cac caa ggg caa cac 576
 Gly Gly Ile Ala Ala Leu Met Ser His Gln Asn His Gln Gly Gln His
 180 185 190

tct agt tta gta gaa agg tgg gtt atg aat ggg aaa gcc gct aag tta 624
 Ser Ser Leu Val Glu Arg Trp val Met Asn Gly Lys Ala Ala Lys Leu
 195 200 205

aga aca caa tta gct tca tca cat tta tcc ttt gat gaa caa tgc aga 672
 Arg Thr Gln Leu Ala Ser Ser His Leu Ser Phe Asp Glu Gln Cys Arg
 210 215 220

aac tgt gag aag gaa tct ata aag gat tct gtg atg aat ttg ata act 720
 Asn Cys Glu Lys Glu Ser Ile Lys Asp Ser val Met Asn Leu Ile Thr
 225 230 235 240

tat tca tgg ata aga gat aga gta aag aga ggt gaa gtc aag att cat 768
 Tyr Ser Trp Ile Arg Asp Arg Val Lys Arg Gly Glu Val Lys Ile His
 245 250 255

gga tgt tat tac aat ttg tca gat tgt agt ctt gag aag tgg aga tta 816
 Gly Cys Tyr Tyr Asn Leu Ser Asp Cys Ser Leu Glu Lys Trp Arg Leu
 260 265 270

agt tca gac aag act aac tat gga ttc tat att tca gac aga gag ata 864
 Ser Ser Asp Lys Thr Asn Tyr Gly Phe Tyr Ile Ser Asp Arg Glu Ile
 275 280 285

tgg agt tga 873
 Trp Ser
 290

<210> 78
 <211> 290
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 78

Met Ala Phe Thr Leu Gly Gly Arg Ala Arg Arg Leu val Ser Ala Thr
 1 5 10 15

Ser val His Gln Asn Gly Cys Leu His Lys Leu Gln Gln ile Gly Ser
 20 25 30

Asp Arg Phe Gln Leu Gly Glu Ala Lys Ala Ile Arg Leu Leu Pro Arg
 35 40 45

Arg Thr Asn Met val Gln Glu Leu Gly Ile Arg Glu Glu Phe Met Asp
 50 55 60

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Leu Asn Arg Glu Thr Glu Thr Ser Tyr Asp Phe Leu Asp Glu Met Arg
65 70 75 80

His Arg Phe Leu Lys Phe Lys Arg Gln Lys Tyr Leu Pro Glu Ile Glu
85 90 95

Lys Phe Lys Ala Leu Ala Ile Ala Gln Ser Pro Lys Val Met Val Ile
100 105 110

Gly Cys Ala Asp Ser Arg Val Cys Pro Ser Tyr Val Leu Gly Phe Gln
115 120 125

Pro Gly Glu Ala Phe Thr Ile Arg Asn Val Ala Asn Leu Val Thr Pro
130 135 140

Val Gln Asn Gly Pro Thr Glu Thr Asn Ser Ala Leu Glu Phe Ala Val
145 150 155 160

Thr Thr Leu Gln Val Glu Asn Ile Ile Val Met Gly His Ser Asn Cys
165 170 175

Gly Gly Ile Ala Ala Leu Met Ser His Gln Asn His Gln Gly Gln His
180 185 190

Ser Ser Leu Val Glu Arg Trp Val Met Asn Gly Lys Ala Ala Lys Leu
195 200 205

Arg Thr Gln Leu Ala Ser Ser His Leu Ser Phe Asp Glu Gln Cys Arg
210 215 220

Asn Cys Glu Lys Glu Ser Ile Lys Asp Ser Val Met Asn Leu Ile Thr
225 230 235 240

Tyr Ser Trp Ile Arg Asp Arg Val Lys Arg Gly Glu Val Lys Ile His
245 250 255

Gly Cys Tyr Tyr Asn Leu Ser Asp Cys Ser Leu Glu Lys Trp Arg Leu
260 265 270

Ser Ser Asp Lys Thr Asn Tyr Gly Phe Tyr Ile Ser Asp Arg Glu Ile
275 280 285

Trp Ser
290

<210> 79
<211> 1319

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

<212> ДНК

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 79

```

atgagactcc gttcttttaa actcccaaact ctttcaacca atcccattat tcaacttaagt      60
atatagtagc ttccataaga gtcttagttc taactataaa tacacatata tcaactctctc      120
tgatctccgc ttctcttcgc caacaaatgt cgaccgctcc tctctccggc ttctttctca      180
cttcactttc tccttctcaa tcttctctcc agaaactctc tcttcgtact tcttccaccg      240
tcgcttgctt cccacccgcc tcttcttctt cctcatcttc ctctctctcg tcttcccggt      300
ccgttccaac gcctatccgt aacgagccag tttttgccgc tcttgcctct atcattgccc      360
cttattggag tgaagagatg ggaaccgaag catacgacga ggctattgaa gctctcaaga      420
agcttctcat cgagaaggaa gagctaaaga cggttgacgc ggcaaagggt gagcagatca      480
cagcggtctt tcagacaggt acttcatccg acaagaaagc tttcgacccc gtcgaaacca      540
ttaagcaggg cttcatcaaa ttcaagaagg agaaatacga aaccaaccct gctttgtacg      600
gtgagctcgc aaaggggtcaa agtcctaagt acatggtgtt tgcttgttca gactcacgtg      660
tgtgtccatc acacgttctg gactttcagc caggagatgc cttcgtggtc cgtaacatag      720
ccaacatggt tcctcctttc gacaagggtc aatacgggtg cgttggagca gccattgaat      780
acgcgggtctt acaccttaag gtggagaaca ttgtggtgat aggacacagt gcatgtggtg      840
ggatcaaagg gcttatgtct ttccccttag atggaaacaa ctccactgac ttcatagagg      900
actgggtcaa aatctgttta ccagccaagt caaagggtat atcagaactt ggagattcag      960
cctttgaaga tcaatgtggc cgatgtgaaa gggaggcggg gaatgtttca ctagcaaacc     1020
tattgacata tccattttgt agagaaggac ttgtgaaggg aacacttgct ttgaaggagg     1080
gctactatga cttcgtcaag ggtgcttttg agctttgggg acttgaattt ggccctctccg     1140
aaactagctc tggttaaagat gtggctacca tactacattg gaagctgtag gaaactcttt     1200
gaagccttac ccgatttcac attgtcaatt caataacacc aagtgttgtt ttacatgcag     1260
atcttgatga aactggtttt tgattttaca gaattaaaat cttggggggac agaaatttg     1319

```

<210> 80

<211> 347

<212> PRT

<213> *Arabidopsis thaliana*

<400> 80

```

Met Ser Thr Ala Pro Leu Ser Gly Phe Phe Leu Thr Ser Leu Ser Pro
1           5           10           15

```

```

Ser Gln Ser Ser Leu Gln Lys Leu Ser Leu Arg Thr Ser Ser Thr Val
          20           25           30

```


SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Ala Cys Leu Pro Pro Ala Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser
35 40 45

Ser Ser Arg Ser Val Pro Thr Leu Ile Arg Asn Glu Pro Val Phe Ala
50 55 60

Ala Pro Ala Pro Ile Ile Ala Pro Tyr Trp Ser Glu Glu Met Gly Thr
65 70 75 80

Glu Ala Tyr Asp Glu Ala Ile Glu Ala Leu Lys Lys Leu Leu Ile Glu
85 90 95

Lys Glu Glu Leu Lys Thr Val Ala Ala Lys Val Glu Gln Ile Thr
100 105 110

Ala Ala Leu Gln Thr Gly Thr Ser Ser Asp Lys Lys Ala Phe Asp Pro
115 120 125

Val Glu Thr Ile Lys Gln Gly Phe Ile Lys Phe Lys Lys Glu Lys Tyr
130 135 140

Glu Thr Asn Pro Ala Leu Tyr Gly Glu Leu Ala Lys Gly Gln Ser Pro
145 150 155 160

Lys Tyr Met Val Phe Ala Cys Ser Asp Ser Arg Val Cys Pro Ser His
165 170 175

Val Leu Asp Phe Gln Pro Gly Asp Ala Phe Val Val Arg Asn Ile Ala
180 185 190

Asn Met Val Pro Pro Phe Asp Lys Val Lys Tyr Gly Gly Val Gly Ala
195 200 205

Ala Ile Glu Tyr Ala Val Leu His Leu Lys Val Glu Asn Ile Val Val
210 215 220

Ile Gly His Ser Ala Cys Gly Gly Ile Lys Gly Leu Met Ser Phe Pro
225 230 235 240

Leu Asp Gly Asn Asn Ser Thr Asp Phe Ile Glu Asp Trp Val Lys Ile
245 250 255

Cys Leu Pro Ala Lys Ser Lys Val Ile Ser Glu Leu Gly Asp Ser Ala
260 265 270

Phe Glu Asp Gln Cys Gly Arg Cys Glu Arg Glu Ala Val Asn Val Ser
275 280 285

Page 242

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Leu Ala Asn Leu Leu Thr Tyr Pro Phe Val Arg Glu Gly Leu Val Lys
 290 295 300

Gly Thr Leu Ala Leu Lys Gly Gly Tyr Tyr Asp Phe Val Lys Gly Ala
 305 310 315 320

Phe Glu Leu Trp Gly Leu Glu Phe Gly Leu Ser Glu Thr Ser Ser Val
 325 330 335

Lys Asp Val Ala Thr Ile Leu His Trp Lys Leu
 340 345

<210> 81
 <211> 1444
 <212> DHK
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 81
 atgagactcc gttcttttaa actcccaaat ctttcaacca atcccatat tcaacttaagt 60
 atatatagtag ttccataaga gtcttagttc taactataaa tacacatatc tcaactctctc 120
 tgatctccgc ttctcttcgc caacaaatgt cgaccgctcc tctctccggc ttctttctca 180
 cttcactttc tctttctcaa tcttctctcc agaaactctc tcttcgtact tcttccaccg 240
 tcgcttgctt cccaccgccc tcttcttctt cctcatcttc ctctctctcg tcttcccggt 300
 ccgttccaac gcttatccgt aacgagccag tttttgcgc tcttgctcct atcattgccc 360
 cttattggag tgaagagatg ggaaccgaag catacgacga ggctattgaa gctctcaaga 420
 agcttctcat cgagaaggaa gagctaaaga cggttgcagc ggcaaagggt gagcagatca 480
 cagcggctct tcagacaggt acttcatccg acaagaaagc ttctgacccc gtcgaaacca 540
 ttaagcaggg cttcatcaaa ttcaagaagg agaaatacga aaccaaccct gctttgtacg 600
 gtgagctcgc aaaggggtcaa agtcctaagt acatgggtgt ttgcttgttca gactcacgtg 660
 tgtgtccatc acacgttctg gactttcagc caggagatgc cttcgtggtc cgtaacatag 720
 ccaacatggt tcttcttttc gacaaggta aatacgggtg cgttggagca gccattgaat 780
 acgcggctct acaccttaag gtggagaaca ttgtggtgat aggacacagt gcatgtggtg 840
 ggatcaaagg gcttatgtct tcccccttag atggaaacaa ctccactgac ttcataagagg 900
 actgggtcaa aatctgttta ccagccaagt caaagggtat atcagaactt ggagattcag 960
 cctttgaaga tcaatgtggc cgatgtgaaa gggaggcggg gaatgtttca ctagcaaacc 1020
 tattgacata tccatttgtg agagaaggac ttgtgaaggg aacacttgct ttgaaggag 1080
 gctactatga cttcgtcaag ggtgcttttg agctttgggg acttgaattt ggcctctccg 1140
 aaactagctc tgtatgaacc aatccatcat catcatcacc atcatgacca tccatcatca 1200
 Page 243

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

tcacattat tatcatcgta tataatatat atctacccca tatgtaattt gtaatgtgcc      1260
tttgactgtg atgagttatc tctccctctc taccaacttt ctccatatat ataaaacaaa      1320
aaggaaaagc agatgatata gatctttcgt ggtttaatta tgaacaattg tctttattat      1380
ttgtgtatca aatcgggtgt atttatgggt tgattttatt ttctatgttg ttgggtagggt      1440
taaa                                                                    1444

```

<210> 82
 <211> 336
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 82

```

Met Ser Thr Ala Pro Leu Ser Gly Phe Phe Leu Thr Ser Leu Ser Pro
1          5          10          15

Ser Gln Ser Ser Leu Gln Lys Leu Ser Leu Arg Thr Ser Ser Thr Val
20          25          30

Ala Cys Leu Pro Pro Ala Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser
35          40          45

Ser Ser Arg Ser Val Pro Thr Leu Ile Arg Asn Glu Pro Val Phe Ala
50          55          60

Ala Pro Ala Pro Ile Ile Ala Pro Tyr Trp Ser Glu Glu Met Gly Thr
65          70          75          80

Glu Ala Tyr Asp Glu Ala Ile Glu Ala Leu Lys Lys Leu Leu Ile Glu
85          90          95

Lys Glu Glu Leu Lys Thr Val Ala Ala Ala Lys Val Glu Gln Ile Thr
100         105         110

Ala Ala Leu Gln Thr Gly Thr Ser Ser Asp Lys Lys Ala Phe Asp Pro
115         120         125

Val Glu Thr Ile Lys Gln Gly Phe Ile Lys Phe Lys Lys Glu Lys Tyr
130         135         140

Glu Thr Asn Pro Ala Leu Tyr Gly Glu Leu Ala Lys Gly Gln Ser Pro
145         150         155         160

Lys Tyr Met Val Phe Ala Cys Ser Asp Ser Arg Val Cys Pro Ser His
165         170         175

```

Page 244

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
Val Leu Asp Phe Gln Pro Gly Asp Ala Phe Val Val Arg Asn Ile Ala
180 185 190

Asn Met Val Pro Pro Phe Asp Lys Val Lys Tyr Gly Gly Val Gly Ala
195 200 205

Ala Ile Glu Tyr Ala Val Leu His Leu Lys Val Glu Asn Ile Val Val
210 215 220

Ile Gly His Ser Ala Cys Gly Gly Ile Lys Gly Leu Met Ser Phe Pro
225 230 235 240

Leu Asp Gly Asn Asn Ser Thr Asp Phe Ile Glu Asp Trp Val Lys Ile
245 250 255

Cys Leu Pro Ala Lys Ser Lys Val Ile Ser Glu Leu Gly Asp Ser Ala
260 265 270

Phe Glu Asp Gln Cys Gly Arg Cys Glu Arg Glu Ala Val Asn Val Ser
275 280 285

Leu Ala Asn Leu Leu Thr Tyr Pro Phe Val Arg Glu Gly Leu Val Lys
290 295 300

Gly Thr Leu Ala Leu Lys Gly Gly Tyr Tyr Asp Phe Val Lys Gly Ala
305 310 315 320

Phe Glu Leu Trp Gly Leu Glu Phe Gly Leu Ser Glu Thr Ser Ser Val
325 330 335

<210> 83
<211> 1353
<212> DHK
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (112)..(1200)

<400> 83
ttgttcattt cctctgatgt cttggtgtcg ttagatattg tctcccaaaa aagaaatctt 60
cttgacacag agattgaagt cgcaaagaga cagaggaaag agggggagaa a atg gat 117
Met Asp
1
cga cca gca gtg agt ggt cca atg gat ttg ccg att atg cac gat agt 165
Arg Pro Ala Val Ser Gly Pro Met Asp Leu Pro Ile Met His Asp Ser
5 10 15
gat agg tat gaa ctc gtc aag gat att ggc tcc ggt aat ttt gga gtt 213
Asp Arg Tyr Glu Leu Val Lys Asp Ile Gly Ser Gly Asn Phe Gly Val
Page 245

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

20	25	30	
gcg aga ttg atg aga gac aag caa agt aat gag ctt gtt gct gtt aaa			261
Ala Arg Leu Met Arg Asp Lys Gln Ser Asn Glu Leu Val Ala Val Lys	40	45	50
35			
tat atc gag aga ggt gag aag ata gat gaa aat gta aaa agg gag ata			309
Tyr Ile Glu Arg Gly Glu Lys Ile Asp Glu Asn Val Lys Arg Glu Ile	55	60	65
atc aac cac agg tcc tta aga cat ccc aat atc gtt aga ttc aaa gag			357
Ile Asn His Arg Ser Leu Arg His Pro Asn Ile Val Arg Phe Lys Glu	70	75	80
gtt ata tta aca cca acc cat tta gcc att gtt atg gaa tat gca tct			405
Val Ile Leu Thr Pro Thr His Leu Ala Ile Val Met Glu Tyr Ala Ser	85	90	95
gga gga gaa ctt ttc gag cga atc tgc aat gca ggc cgc ttc agc gaa			453
Gly Gly Glu Leu Phe Glu Arg Ile Cys Asn Ala Gly Arg Phe Ser Glu	100	105	110
gac gag gcg agg ttt ttc ttc cag caa ctc att tca gga gtt agt tac			501
Asp Glu Ala Arg Phe Phe Phe Gln Gln Leu Ile Ser Gly Val Ser Tyr	115	120	125
tgt cat gct atg caa gta tgt cac cga gac tta aag ctc gag aat acg			549
Cys His Ala Met Val Cys His Arg Asp Leu Lys Leu Glu Asn Thr	135	140	145
tta tta gat ggt agc ccg gcc cct cgt cta aag ata tgt gat ttc gga			597
Leu Leu Asp Gly Ser Pro Ala Pro Arg Leu Lys Ile Cys Asp Phe Gly	150	155	160
tat tct aag tca tca gtg tta cat tcg caa cca aaa tca act gtt gga			645
Tyr Ser Lys Ser Ser Val Leu His Ser Gln Pro Lys Ser Thr Val Gly	165	170	175
act cct gct tac atc gct cct gag gtt tta cta aag aaa gaa tat gat			693
Thr Pro Ala Tyr Ile Ala Pro Glu Val Leu Leu Lys Lys Glu Tyr Asp	180	185	190
gga aag gtt gca gat gtt tgg tct tgt ggg gtt act ctg tat gtc atg			741
Gly Lys Val Ala Asp Val Trp Ser Cys Gly Val Thr Leu Tyr Val Met	195	200	205
ctg gtt gga gca tat cct ttc gaa gat ccc gag gaa cca aag aat ttc			789
Leu Val Gly Ala Tyr Pro Phe Glu Asp Pro Glu Glu Pro Lys Asn Phe	215	220	225
agg aaa act ata cat aga atc ctg aat gtt cag tat gct att ccg gat			837
Arg Lys Thr Ile His Arg Ile Leu Asn Val Gln Tyr Ala Ile Pro Asp	230	235	240
tat gtt cac ata tct cct gaa tgt cgc cat ttg atc tcc aga ata ttt			885
Tyr Val His Ile Ser Pro Glu Cys Arg His Leu Ile Ser Arg Ile Phe	245	250	255
gtt gct gac cct gca aag agy ata tca att cct gaa ata agg aac cat			933
Val Ala Asp Pro Ala Lys Arg Ile Ser Ile Pro Glu Ile Arg Asn His	260	265	270
gaa tgg ttt cta aag aat cta ccg gca gat cta atg aac gat aac acg			981

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Glu Trp Phe Leu Lys Asn Leu Pro Ala Asp Leu Met Asn Asp Asn Thr
 275 280 285 290

atg acc act cag ttt gat gaa tcg gat caa ccg ggc caa agc ata gaa 1029
 Met Thr Thr Gln Phe Asp Glu Ser Asp Gln Pro Gly Gln Ser Ile Glu
 295 300 305

gaa att atg cag atc att gca gaa gca act gtt cct cct gca ggc act 1077
 Glu Ile Met Gln Ile Ile Ala Glu Ala Thr Val Pro Pro Ala Gly Thr
 310 315 320

cag aat ctg aac cat tac ctc aca gga agc ttg gac ata gat gac gat 1125
 Gln Asn Leu Asn His Tyr Leu Thr Gly Ser Leu Asp Ile Asp Asp Asp
 325 330 335

atg gag gaa gac tta gag agc gac ctt gat gat ctt gac atc gac agt 1173
 Met Glu Glu Asp Leu Glu Ser Asp Leu Asp Asp Leu Asp Ile Asp Ser
 340 345 350

agc gga gag att gtg tac gca atg tga tactatatat ctatttgcatt 1220
 Ser Gly Glu Ile Val Tyr Ala Met
 355 360

ggtttctgct acaaaaatgt caaacaacaaa atgttgaaga ataagattaa gatgttttgc 1280
 ttgctattga gttggcccaa cttgtctca atgagtacac ttigaattct tgatatgcaa 1340
 aagactaaat ttc 1353

<210> 84
 <211> 362
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 84

Met Asp Arg Pro Ala Val Ser Gly Pro Met Asp Leu Pro Ile Met His
 1 5 10 15

Asp Ser Asp Arg Tyr Glu Leu Val Lys Asp Ile Gly Ser Gly Asn Phe
 20 25 30

Gly Val Ala Arg Leu Met Arg Asp Lys Gln Ser Asn Glu Leu Val Ala
 35 40 45

Val Lys Tyr Ile Glu Arg Gly Glu Lys Ile Asp Glu Asn Val Lys Arg
 50 55 60

Glu Ile Ile Asn His Arg Ser Leu Arg His Pro Asn Ile Val Arg Phe
 65 70 75 80

Lys Glu Val Ile Leu Thr Pro Thr His Leu Ala Ile Val Met Glu Tyr
 85 90 95

Ala Ser Gly Gly Glu Leu Phe Glu Arg Ile Cys Asn Ala Gly Arg Phe
 100 105 110

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Ser Glu Asp Glu Ala Arg Phe Phe Phe Gln Gln Leu Ile Ser Gly Val
115 120 125

Ser Tyr Cys His Ala Met Gln Val Cys His Arg Asp Leu Lys Leu Glu
130 135 140

Asn Thr Leu Leu Asp Gly Ser Pro Ala Pro Arg Leu Lys Ile Cys Asp
145 150 155 160

Phe Gly Tyr Ser Lys Ser Ser Val Leu His Ser Gln Pro Lys Ser Thr
165 170 175

Val Gly Thr Pro Ala Tyr Ile Ala Pro Glu Val Leu Leu Lys Lys Glu
180 185 190

Tyr Asp Gly Lys Val Ala Asp Val Trp Ser Cys Gly Val Thr Leu Tyr
195 200 205

Val Met Leu Val Gly Ala Tyr Pro Phe Glu Asp Pro Glu Glu Pro Lys
210 215 220

Asn Phe Arg Lys Thr Ile His Arg Ile Leu Asn Val Gln Tyr Ala Ile
225 230 235 240

Pro Asp Tyr Val His Ile Ser Pro Glu Cys Arg His Leu Ile Ser Arg
245 250 255

Ile Phe Val Ala Asp Pro Ala Lys Arg Ile Ser Ile Pro Glu Ile Arg
260 265 270

Asn His Glu Trp Phe Leu Lys Asn Leu Pro Ala Asp Leu Met Asn Asp
275 280 285

Asn Thr Met Thr Thr Gln Phe Asp Glu Ser Asp Gln Pro Gly Gln Ser
290 295 300

Ile Glu Glu Ile Met Gln Ile Ile Ala Glu Ala Thr Val Pro Pro Ala
305 310 315 320

Gly Thr Gln Asn Leu Asn His Tyr Leu Thr Gly Ser Leu Asp Ile Asp
325 330 335

Asp Asp Met Glu Glu Asp Leu Glu Ser Asp Leu Asp Asp Leu Asp Ile
340 345 350

Asp Ser Ser Gly Glu Ile Val Tyr Ala Met

355 SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
360

<210> 85
<211> 1702
<212> ДНК
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (605)..(1549)

```

<400> 85
agagaaagct gtttcctttt tatattgaca gagaaaagga aagctgatag agagagagac      60
agagagagag aaacagagtt caagatcacg agccttcctt cttcttcctc ttcttcatcg      120
agagcgatca aaggaacaaa aaggatctca agaaaccac ttgtgttggt ggtagatac      180
ttcacgggtc tctgaaaacg tctctttctc acaaccataa cttgatcacc caatactcct      240
tttctcatct taaaggctca aattcatcca cgtcacaccg ttgttcattt cctctgatgt      300
cttggtgtcg ttagatattg tctcccaaaa aagaaatctt cttgacacag agattgaagt      360
cgcaaagaga cagaggaaag agggggagaa aatggatcga ccagcagtga gtggtccaat      420
ggatttgccg attatgcacg atagtgatag gtatgaactc gtcaaggata ttggctccgg      480
taattttgga gttgcgagat tgatgagaga caagcaaagt aatgagcttg ttgctgttaa      540
atatatcgag agagtgttgt tttaaaggct ctagggtgtt cttttgttat ggaacgtggt      600
atta atg gtg gga ctt ttt gta ttt gta cag ata gat gaa aat gta aaa      649
      Met Val Gly Leu Phe Val Phe Val Gln Ile Asp Glu Asn Val Lys
      1          5          10          15

agg gag ata atc aac cac agg tcc tta aga cat ccc aat atc gtt aga      697
Arg Glu Ile Ile Asn His Arg Ser Leu Arg His Pro Asn Ile Val Arg
      20          25          30

ttc aaa gag gtt ata tta aca cca acc cat tta gcc att gtt atg gaa      745
Phe Lys Glu Val Ile Leu Thr Pro Thr His Leu Ala Ile Val Met Glu
      35          40          45

tat gca tct gga gga gaa ctt ttc gag cga atc tgc aat gca ggc cgc      793
Tyr Ala Ser Gly Gly Glu Leu Phe Glu Arg Ile Cys Asn Ala Gly Arg
      50          55          60

ttc agc gaa gac gag gcg agg ttt ttc ttc cag caa ctc att tca gga      841
Phe Ser Glu Asp Glu Ala Arg Phe Phe Phe Gln Gln Leu Ile Ser Gly
      65          70          75

gtt agt tac tgt cat gct atg caa gta tgt cac cga gac tta aag ctc      889
Val Ser Tyr Cys His Ala Met Gln Val Cys His Arg Asp Leu Lys Leu
      80          85          90          95

gag aat acg tta tta gat ggt agc ccg gcc cct cgt cta aag ata tgt      937
Glu Asn Thr Leu Leu Asp Gly Ser Pro Ala Pro Arg Leu Lys Ile Cys
      100          105          110

gat ttc gga tat tct aag tca tca gtg tta cat tcg caa cca aaa tca      985

```

Page 249

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Asp Phe Gly Tyr Ser Lys Ser Ser Val Leu His Ser Gln Pro Lys Ser
115 120 125

act gtt gga act cct gct tac atc gct cct gag gtt tta cta aag aaa 1033
Thr Val Gly Thr Pro Ala Tyr Ile Ala Pro Glu Val Leu Leu Lys Lys
130 135 140

gaa tat gat gga aag gtt gca gat gtt tgg tct tgt ggg gtt act ctg 1081
Glu Tyr Asp Gly Lys Val Ala Asp Val Trp Ser Cys Gly Val Thr Leu
145 150 155

tat gtc atg ctg gtt gga gca tat cct ttc gaa gat ccc gag gaa cca 1129
Tyr Val Met Leu Val Gly Ala Tyr Pro Phe Glu Asp Pro Glu Glu Pro
160 165 170 175

aag aat ttc agg aaa act ata cat aga atc ctg aat gtt cag tat gct 1177
Lys Asn Phe Arg Lys Thr Ile His Arg Ile Leu Asn Val Gln Tyr Ala
180 185 190

att ccg gat tat gtt cac ata tct cct gaa tgt cgc cat ttg atc tcc 1225
Ile Pro Asp Tyr Val His Ile Ser Pro Glu Cys Arg His Leu Ile Ser
195 200 205

aga ata ttt gtt gct gac cct gca aag agg ata tca att cct gaa ata 1273
Arg Ile Phe Val Ala Asp Pro Ala Lys Arg Ile Ser Ile Pro Glu Ile
210 215 220

agg aac cat gaa tgg ttt cta aag aat cta ccg gca gat cta atg aac 1321
Arg Asn His Glu Trp Phe Leu Lys Asn Leu Pro Ala Asp Leu Met Asn
225 230 235

gat aac acg atg acc act cag ttt gat gaa tgg gat caa ccg ggc caa 1369
Asp Asn Thr Met Thr Thr Gln Phe Asp Glu Ser Asp Gln Pro Gly Gln
240 245 250 255

agc ata gaa gaa att atg cag atc att gca gaa gca act gtt cct cct 1417
Ser Ile Glu Glu Ile Met Gln Ile Ile Ala Glu Ala Thr Val Pro Pro
260 265 270

gca ggc act cag aat ctg aac cat tac ctc aca gga agc ttg gac ata 1465
Ala Gly Thr Gln Asn Leu Asn His Tyr Leu Thr Gly Ser Leu Asp Ile
275 280 285

gat gac gat atg gag gaa gac tta gag agc gac ctt gat gat ctt gac 1513
Asp Asp Asp Met Glu Glu Asp Leu Glu Ser Asp Leu Asp Asp Leu Asp
290 295 300

atc gac agt agc gga gag att gtg tac gca atg tga tactatatat 1559
Ile Asp Ser Ser Gly Glu Ile Val Tyr Ala Met
305 310

ctatttgcatt ggtttctgct acaaaaatgt caaacaataa atgttgaaga ataagattaa 1619

gatgttttgc ttgctattga gttggcccaa ctttgtctca atgagtacac tttgaatctt 1679

tgatatgcaa aagactaaat ttc 1702

<210> 86
<211> 314
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
<400> 86

```

Met Val Gly Leu Phe Val Phe Val Gln Ile Asp Glu Asn Val Lys Arg
1      5      10
Glu Ile Ile Asn His Arg Ser Leu Arg His Pro Asn Ile Val Arg Phe
20     25     30
Lys Glu Val Ile Leu Thr Pro Thr His Leu Ala Ile Val Met Glu Tyr
35     40     45
Ala Ser Gly Gly Glu Leu Phe Glu Arg Ile Cys Asn Ala Gly Arg Phe
50     55     60
Ser Glu Asp Glu Ala Arg Phe Phe Phe Gln Gln Leu Ile Ser Gly Val
65     70     75     80
Ser Tyr Cys His Ala Met Gln Val Cys His Arg Asp Leu Lys Leu Glu
85     90     95
Asn Thr Leu Leu Asp Gly Ser Pro Ala Pro Arg Leu Lys Ile Cys Asp
100    105    110
Phe Gly Tyr Ser Lys Ser Ser Val Leu His Ser Gln Pro Lys Ser Thr
115    120    125
Val Gly Thr Pro Ala Tyr Ile Ala Pro Glu Val Leu Leu Lys Lys Glu
130    135    140
Tyr Asp Gly Lys Val Ala Asp Val Trp Ser Cys Gly Val Thr Leu Tyr
145    150    155    160
Val Met Leu Val Gly Ala Tyr Pro Phe Glu Asp Pro Glu Glu Pro Lys
165    170    175
Asn Phe Arg Lys Thr Ile His Arg Ile Leu Asn Val Gln Tyr Ala Ile
180    185    190
Pro Asp Tyr Val His Ile Ser Pro Glu Cys Arg His Leu Ile Ser Arg
195    200    205
Ile Phe Val Ala Asp Pro Ala Lys Arg Ile Ser Ile Pro Glu Ile Arg
210    215    220
Asn His Glu Trp Phe Leu Lys Asn Leu Pro Ala Asp Leu Met Asn Asp
225    230    235    240
Asn Thr Met Thr Thr Gln Phe Asp Glu Ser Asp Gln Pro Gly Gln Ser
Page 251

```

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
245 250 255

Ile Glu Glu Ile Met Gln Ile Ile Ala Glu Ala Thr Val Pro Pro Ala
260 265 270

Gly Thr Gln Asn Leu Asn His Tyr Leu Thr Gly Ser Leu Asp Ile Asp
275 280 285

Asp Asp Met Glu Glu Asp Leu Glu Ser Asp Leu Asp Asp Leu Asp Ile
290 295 300

Asp Ser Ser Gly Glu Ile Val Tyr Ala Met
305 310

<210> 87
<211> 1514
<212> ДНК
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (286)..(1281)

<400> 87
aaatagagaa gctcttcaag tatccgatgt tttgttttaa tcaacaagag gcggagatac 60
gggagaaatt gcatgtgtaa tcataaaatg tagatgttag cttcgctcgtt ttactatag 120
tttagttctc ttcttcttct ttttcgtca ttacaatctc ttctttaatt tacttcttct 180
tgatagtata attaagttgt ttgtaataat ctgtacaaag atgttggtgtt ctcataaaaa 240
attcaatttt gtaaagaagc tctacatggt ccttgctctg taaac atg gtc ccc ttt 297
Met Val Pro Phe
1
tgg act aca gtt tct cga aat ggc tca tca gac tca gag acg act ctc 345
Trp Thr Thr Val Ser Arg Asn Gly Ser Ser Asp Ser Glu Thr Thr Leu
5 10 15 20
caa tct gct tca aaa gcc aca aaa cag tat aaa tat cct tct ctt cgt 393
Gln Ser Ala Ser Lys Ala Thr Lys Gln Tyr Lys Tyr Pro Ser Leu Arg
25 30 35
ccc tct cat cgc ctg tct ctc ctc ttc ctc ttc ccg ttc cat tta tcc 441
Pro Ser His Arg Leu Ser Leu Leu Phe Leu Phe Pro Phe His Leu Ser
40 45 50
gca aac gga gct tgt ttt cgg tgc acc tgc ttc agc cac ttc aaa ctt 489
Ala Asn Gly Ala Cys Phe Arg Cys Thr Cys Phe Ser His Phe Lys Leu
55 60 65
gaa ctg aga agg atg gga aac gaa tca tat gaa gac gcc atc gaa gct 537
Glu Leu Arg Arg Met Gly Asn Glu Ser Tyr Glu Asp Ala Ile Glu Ala
70 75 80
ctc aag aag ctt ctc att gag aag gat gat ctg aag gat gta gct gcg 585
Page 252

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071_SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

Leu Lys Lys Leu Leu Ile Glu Lys Asp Asp Leu Lys Asp Val Ala Ala
85      90      95      100
gcc aag gtg aag aag atc acg gcg gag ctt cag gca gcc tcg tca tcg      633
Ala Lys Val Lys Lys Ile Thr Ala Glu Leu Gln Ala Ala Ser Ser Ser
105      110      115
gac agc aaa tct ttt gat ccc gtc gaa cga att aag gaa ggc ttc gtc      681
Asp Ser Lys Ser Phe Asp Pro Val Glu Arg Ile Lys Glu Gly Phe Val
120      125      130
acc ttc aag aag gag aaa tac gag acc aat cct gct ttg tat ggt gag      729
Thr Phe Lys Lys Glu Lys Tyr Glu Thr Asn Pro Ala Leu Tyr Gly Glu
135      140      145
ctc gcc aaa ggt caa agc cca aag tac atg gtg ttt gct tgt tcg gac      777
Leu Ala Lys Gly Gln Ser Pro Lys Tyr Met Val Phe Ala Cys Ser Asp
150      155      160
tca cga gtg tgc cca tca cac gta cta gac ttc cat cct gga gat gcc      825
Ser Arg Val Cys Pro Ser His Val Leu Asp Phe His Pro Gly Asp Ala
165      170      175
ttc gtg gtt cgt aat atc gcc aat atg gtt cct cct ttt gac aag gtc      873
Phe Val Val Arg Asn Ile Ala Asn Met Val Pro Pro Phe Asp Lys Val
185      190      195
aaa tat gca gga gtt gga gcc gcc att gaa tac gct gtc ttg cac ctt      921
Lys Tyr Ala Gly Val Gly Ala Ala Ile Glu Tyr Ala Val Leu His Leu
200      205      210
aag gtg gaa aac att gtg gtg ata ggg cac agt gca tgt ggt ggc atc      969
Lys Val Glu Asn Ile Val Val Ile Gly His Ser Ala Cys Gly Gly Ile
215      220      225
aag ggg ctt atg tca ttt cct ctt gac gga aac aac tct act gac ttc      1017
Lys Gly Leu Met Ser Phe Pro Leu Asp Gly Asn Ser Thr Asp Phe
230      235      240
ata gag gat tgg gtc aaa atc tgt tta cca gca aag tca aaa gtt ttg      1065
Ile Glu Asp Trp Val Lys Ile Cys Leu Pro Ala Lys Ser Lys Val Leu
245      250      255
gca gaa agt gaa agt tca gca ttt gaa gac caa tgt ggc cga tgc gaa      1113
Ala Glu Ser Glu Ser Ser Ala Phe Glu Asp Gln Cys Gly Arg Cys Glu
265      270      275
agg gag gca gtg aat gtg tca cta gca aac cta ttg aca tat cca ttt      1161
Arg Glu Ala Val Asn Val Ser Leu Ala Asn Leu Leu Thr Tyr Pro Phe
280      285      290
gtg aga gaa gga gtt gtg aaa gga aca ctt gct ttg aag gga ggc tac      1209
Val Arg Glu Gly Val Val Lys Gly Thr Leu Ala Leu Lys Gly Gly Tyr
295      300      305
tat gac ttt gtt aat ggc tcc ttt gag ctt tgg gag ctc cag ttt gga      1257
Tyr Asp Phe Val Asn Gly Ser Phe Glu Leu Trp Glu Leu Gln Phe Gly
310      315      320
att tcc ccc gtt cat tct ata tga actaacacat caccatcacc atcgctacca      1311
Ile Ser Pro Val His Ser Ile
325      330

```

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 ccaccatcac aaacatcatc atcgtcgtca tcatcatgat cagcatcttc atatataaat 1371
 gttttactct tatttaattg ctacttgtaa tggatatacat ttacttgcga tgagcttctt 1431
 ttctttcatt atccagttat aaaataaata aataaatcat gtttactttc acagatatcg 1491
 ttttgcgtgaa gttgctttga ttt 1514

<210> 88
 <211> 331
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 88

Met Val Pro Phe Trp Thr Thr Val Ser Arg Asn Gly Ser Ser Asp Ser
 1 5 10 15
 Glu Thr Thr Leu Gln Ser Ala Ser Lys Ala Thr Lys Gln Tyr Lys Tyr
 20 25 30
 Pro Ser Leu Arg Pro Ser His Arg Leu Ser Leu Leu Phe Leu Phe Pro
 35 40 45
 Phe His Leu Ser Ala Asn Gly Ala Cys Phe Arg Cys Thr Cys Phe Ser
 50 55 60
 His Phe Lys Leu Glu Leu Arg Arg Met Gly Asn Glu Ser Tyr Glu Asp
 65 70 75 80
 Ala Ile Glu Ala Leu Lys Lys Leu Leu Ile Glu Lys Asp Asp Leu Lys
 85 90 95
 Asp Val Ala Ala Ala Lys Val Lys Lys Ile Thr Ala Glu Leu Gln Ala
 100 105 110
 Ala Ser Ser Ser Asp Ser Lys Ser Phe Asp Pro Val Glu Arg Ile Lys
 115 120 125
 Glu Gly Phe Val Thr Phe Lys Lys Glu Lys Tyr Glu Thr Asn Pro Ala
 130 135 140
 Leu Tyr Gly Glu Leu Ala Lys Gly Gln Ser Pro Lys Tyr Met Val Phe
 145 150 155 160
 Ala Cys Ser Asp Ser Arg Val Cys Pro Ser His Val Leu Asp Phe His
 165 170 175
 Pro Gly Asp Ala Phe Val Val Arg Asn Ile Ala Asn Met Val Pro Pro
 180 185 190

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Phe Asp Lys Val Lys Tyr Ala Gly Val Gly Ala Ala Ile Glu Tyr Ala
 195 200 205
 Val Leu His Leu Lys Val Glu Asn Ile Val Val Ile Gly His Ser Ala
 210 215 220
 Cys Gly Gly Ile Lys Gly Leu Met Ser Phe Pro Leu Asp Gly Asn Asn
 225 230 235 240
 Ser Thr Asp Phe Ile Glu Asp Trp Val Lys Ile Cys Leu Pro Ala Lys
 245 250 255
 Ser Lys Val Leu Ala Glu Ser Glu Ser Ser Ala Phe Glu Asp Gln Cys
 260 265 270
 Gly Arg Cys Glu Arg Glu Ala Val Asn Val Ser Leu Ala Asn Leu Leu
 275 280 285
 Thr Tyr Pro Phe Val Arg Glu Gly Val Val Lys Gly Thr Leu Ala Leu
 290 295 300
 Lys Gly Gly Tyr Tyr Asp Phe Val Asn Gly Ser Phe Glu Leu Trp Glu
 305 310 315 320
 Leu Gln Phe Gly Ile Ser Pro Val His Ser Ile
 325 330

<210> 89
 <211> 1031
 <212> DHK
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> CDS
 <222> (63)..(755)

<400> 89
 atgcagtaat ctgataaaac cctccacaga gatttccaac aaaacaggaa ctaaaacaca 60
 ag atg aag att atg atg atg att aag ctc tgc ttc ttc tcc atg tcc 107
 Met Lys Ile Met Met Ile Lys Leu Cys Phe Phe Ser Met Ser
 1 5 10 15
 ctc atc tgc att gca cct gca gat gct cag aca gaa gga gta gtg ttt 155
 Leu Ile Cys Ile Ala Pro Ala Asp Ala Gln Thr Glu Gly Val Val Phe
 20 25 30
 gga tat aaa ggc aaa aat gga cca aac caa tgg gga cac tta aac cct 203
 Gly Tyr Lys Gly Lys Asn Gly Pro Asn Gln Trp Gly His Leu Asn Pro
 35 40 45
 cac ttc acc aca tgc gcg gtc ggt aaa ttg caa tct cca att gat att 251
 Page 255

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

His Phe Thr Thr Cys Ala Val Gly Lys Leu Gln Ser Pro Ile Asp Ile
    50                      55                      60

caa agg agg caa ata ttt tac aac cac aaa ttg aat tca ata cac cgt      299
Gln Arg Arg Gln Ile Phe Tyr Asn His Lys Leu Asn Ser Ile His Arg
    65                      70                      75

gaa tac tac ttc aca aac gca aca cta gtg aac cac gtc tgt aat gtt      347
Glu Tyr Tyr Phe Thr Asn Ala Thr Leu Val Asn His Val Cys Asn Val
    80                      85                      90

gcc atg ttc ttc ggg gag gga gca gga gat gtg ata ata gaa aac aag      395
Ala Met Phe Phe Gly Glu Gly Ala Gly Asp Val Ile Ile Glu Asn Lys
    100                     105                     110

aac tat acc tta ctg caa atg cat tgg cac act cct tct gaa cat cac      443
Asn Tyr Thr Leu Leu Gln Met His Trp His Thr Pro Ser Glu His His
    115                     120                     125

ctc cat gga gtc caa tat gca gct gag ctg cac atg gta cac caa gca      491
Leu His Gly Val Gln Tyr Ala Ala Glu Leu His Met Val His Gln Ala
    130                     135                     140

aaa gat gga agc ttt gct gtg gtg gca agt ctc ttc aaa atc ggc act      539
Lys Asp Gly Ser Phe Ala Val Val Ala Ser Leu Phe Lys Ile Gly Thr
    145                     150                     155

gaa gag cct ttc ctc tct cag atg aag gag aaa ttg gtg aag cta aag      587
Glu Glu Pro Phe Leu Ser Gln Met Lys Glu Lys Leu Val Lys Leu Lys
    160                     165                     170

gaa gag aga ctc aaa ggg aac cac aca gca caa gtg gaa gta gga aga      635
Glu Glu Arg Leu Lys Gly Asn His Thr Ala Gln Val Glu Val Gly Arg
    180                     185                     190

atc gac aca aga cac att gaa cgt aag act cga aag tac tac aga tac      683
Ile Asp Thr Arg His Ile Glu Arg Lys Thr Arg Lys Tyr Tyr Arg Tyr
    195                     200                     205

att ggt tca ctc act act cct cct tgc tcc gag aac gtt tct tgg acc      731
Ile Gly Ser Leu Thr Thr Pro Pro Cys Ser Glu Asn Val Ser Trp Thr
    210                     215                     220

atc ctt ggc aag gtg agg tca atg tcaaaggaac aagtagaact actcagatct      785
Ile Leu Gly Lys Val Arg Ser Met
    225                     230

ccattggaca cttctttcaa gaacaattca agaccgtgtc aacccctcaa cggccggaga      845
gttgagatgt tccacgacca cgagcgtgtc gataaaaaag aaaccggtaa caaaaagaaa      905
aaaccaaat aaaatagttt tacattgtct attggtttgt ttagaaccct aattagcttt      965
gtaaaactaa taatctctta tgtagtactg tggtgtttgt tacgacttga tatacgattt      1025
ccaaat                                                                1031

<210> 90
<211> 231
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

```

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
<400> 90

```

Met Lys Ile Met Met Met Ile Lys Leu Cys Phe Phe Ser Met Ser Leu
1      5      10      15
Ile Cys Ile Ala Pro Ala Asp Ala Gln Thr Glu Gly Val Val Phe Gly
20      25      30
Tyr Lys Gly Lys Asn Gly Pro Asn Gln Trp Gly His Leu Asn Pro His
35      40      45
Phe Thr Thr Cys Ala Val Gly Lys Leu Gln Ser Pro Ile Asp Ile Gln
50      55      60
Arg Arg Gln Ile Phe Tyr Asn His Lys Leu Asn Ser Ile His Arg Glu
65      70      75      80
Tyr Tyr Phe Thr Asn Ala Thr Leu Val Asn His Val Cys Asn Val Ala
85      90      95
Met Phe Phe Gly Glu Gly Ala Gly Asp Val Ile Ile Glu Asn Lys Asn
100     105     110
Tyr Thr Leu Leu Gln Met His Trp His Thr Pro Ser Glu His His Leu
115     120     125
His Gly Val Gln Tyr Ala Ala Glu Leu His Met Val His Gln Ala Lys
130     135     140
Asp Gly Ser Phe Ala Val Val Ala Ser Leu Phe Lys Ile Gly Thr Glu
145     150     155     160
Glu Pro Phe Leu Ser Gln Met Lys Glu Lys Leu Val Lys Leu Lys Glu
165     170     175
Glu Arg Leu Lys Gly Asn His Thr Ala Gln Val Glu Val Gly Arg Ile
180     185     190
Asp Thr Arg His Ile Glu Arg Lys Thr Arg Lys Tyr Tyr Arg Tyr Ile
195     200     205
Gly Ser Leu Thr Thr Pro Pro Cys Ser Glu Asn Val Ser Trp Thr Ile
210     215     220
Leu Gly Lys Val Arg Ser Met
225     230

```

<210> 91

Page 257

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

<211> 736

<212> DHK

<213> Arabidopsis thaliana

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(654)

<400> 91

atg gat gaa tat gta gag gat gaa cac gaa ttc agc tac gaa tgg aac	48
Met Asp Glu Tyr Val Glu Asp Glu His Glu Phe Ser Tyr Glu Trp Asn	
1 5 10 15	

caa gag aac ggg cca gcg aaa tgg gga aag cta aga ccg gaa tgg aaa	96
Gln Glu Asn Gly Pro Ala Lys Trp Gly Lys Leu Arg Pro Glu Trp Lys	
20 25 30	

atg tgc gga aaa gga gaa atg caa tcg cct att gat ctt atg aac aaa	144
Met Cys Arg Gly Lys Gly Glu Met Gln Ser Pro Ile Asp Leu Met Asn Lys	
35 40 45	

aga gtt aga ctt gtt act cat ctt aaa aag ctt act aga cac tac aaa	192
Arg Val Arg Leu Val Thr His Leu Lys Lys Leu Thr Arg His Tyr Lys	
50 55 60	

cct tgt aac gcc act ctc aaa aat aga ggc cat gat atg atg ctg aaa	240
Pro Cys Asn Ala Thr Leu Lys Asn Arg Gly His Asp Met Met Leu Lys	
65 70 75 80	

ttt gga gaa gaa ggg tca ggg agt att acg gtc aat gga act gag tat	288
Phe Gly Glu Glu Gly Ser Gly Ser Ile Thr Val Asn Gly Thr Glu Tyr	
85 90 95	

aaa ctc tta cag ctt cat tgg cat tct ccc tct gaa cat act atg aat	336
Lys Leu Leu Gln Leu His Trp His Ser Pro Ser Glu His Thr Met Asn	
100 105 110	

gga aga agg ttt gct ctc gag cta cac atg gtt cac gaa aac att aac	384
Gly Arg Arg Phe Ala Leu Glu Leu His Met Val His Glu Asn Ile Asn	
115 120 125	

gga agt ttg gct gta gtc aca gtc ctc tac aaa atc gga agg cca gat	432
Gly Ser Leu Ala Val Val Thr Val Leu Tyr Lys Ile Gly Arg Pro Asp	
130 135 140	

tct ttt ctc gga ttg ctg gaa aat aaa ttg tcg gca att aca gat caa	480
Ser Phe Leu Gly Leu Leu Glu Asn Lys Leu Ser Ala Ile Thr Asp Gln	
145 150 155 160	

aat gag gcg gag aaa tat gta gat gtg att gac cca agg gat att aag	528
Asn Glu Ala Glu Lys Tyr Val Asp Val Ile Asp Pro Arg Asp Ile Lys	
165 170 175	

att ggg agc aga aaa ttt tat aga tac att gga tca ctt act act cct	576
Ile Gly Ser Arg Lys Phe Tyr Arg Tyr Ile Gly Ser Leu Thr Thr Pro	
180 185 190	

cct tgt acg caa aat gtt att tgg acc gtc gtt aaa aag gta aat act	624
Pro Cys Thr Gln Asn Val Ile Trp Thr Val Val Lys Lys Val Asn Thr	
195 200 205	

cat cgt tat ttt ctt ctc ttt ttt act taa tcaaacatag cattaataga	674
---	-----

Page 258

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 ...SCHROEDER_SD2012-290...ST25.txt
His Arg Tyr Phe Leu Leu Phe Phe Thr
210 215

tcattacaag gtactaatag tgtgaatatc catatccaaa aggtttatcc atctacatgt 734
ta 736

<210> 92
<211> 217
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana
<400> 92

Met Asp Glu Tyr Val Glu Asp Glu His Glu Phe Ser Tyr Glu Trp Asn
1 5 10 15

Gln Glu Asn Gly Pro Ala Lys Trp Gly Lys Leu Arg Pro Glu Trp Lys
20 25 30

Met Cys Gly Lys Gly Glu Met Gln Ser Pro Ile Asp Leu Met Asn Lys
35 40 45

Arg Val Arg Leu Val Thr His Leu Lys Lys Leu Thr Arg His Tyr Lys
50 55 60

Pro Cys Asn Ala Thr Leu Lys Asn Arg Gly His Asp Met Met Leu Lys
65 70 75 80

Phe Gly Glu Glu Gly Ser Gly Ser Ile Thr Val Asn Gly Thr Glu Tyr
85 90 95

Lys Leu Leu Gln Leu His Trp His Ser Pro Ser Glu His Thr Met Asn
100 105 110

Gly Arg Arg Phe Ala Leu Glu Leu His Met Val His Glu Asn Ile Asn
115 120 125

Gly Ser Leu Ala Val Val Thr Val Leu Tyr Lys Ile Gly Arg Pro Asp
130 135 140

Ser Phe Leu Gly Leu Leu Glu Asn Lys Leu Ser Ala Ile Thr Asp Gln
145 150 155 160

Asn Glu Ala Glu Lys Tyr Val Asp Val Ile Asp Pro Arg Asp Ile Lys
165 170 175

Ile Gly Ser Arg Lys Phe Tyr Arg Tyr Ile Gly Ser Leu Thr Thr Pro
180 185 190

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Pro Cys Thr Gln Asn Val Ile Trp Thr Val Val Lys Lys Val Asn Thr
 195 200 205

His Arg Tyr Phe Leu Leu Phe Phe Thr
 210 215

<210> 93
 <211> 1134
 <212> DHK
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> CDS
 <222> (48)..(881)

<400> 93
 aaacacatt ctgagaagaa gaagaagaaa ataagaaaaa acaaaag atg aaa acc 56
 Met Lys Thr
 1
 att atc ctt ttt gta aca ttt ctt gct ctt tct tct tca tct cta gcc 104
 Ile Ile Leu Phe Val Thr Phe Leu Ala Leu Ser Ser Ser Leu Ala
 5 10 15
 gat gag aca gag act gaa ttt cat tac aaa ccc ggt gag ata gcc gat 152
 Asp Glu Thr Glu Thr Glu Phe His Tyr Lys Pro Gly Glu Ile Ala Asp
 20 25 30 35
 ccc tcg aaa tgg agc agt atc aag gct gaa tgg aaa att tgc ggg aca 200
 Pro Ser Lys Trp Ser Ile Lys Ala Glu Trp Lys Ile Cys Gly Thr
 40 45 50
 ggg aag agg caa tcg cca atc aat ctt act cca aaa ata gct cgc att 248
 Gly Lys Arg Gln Ser Pro Ile Asn Leu Thr Pro Lys Ile Ala Arg Ile
 55 60 65
 gtt cac aat tct aca gag att ctt cag aca tat tac aaa cct gta gag 296
 Val His Asn Ser Thr Glu Ile Leu Gln Thr Tyr Tyr Lys Pro Val Glu
 70 75 80
 gct att ctt aag aac cgt gga ttc gac atg aag gtt aag tgg gaa gac 344
 Ala Ile Leu Lys Asn Arg Gly Phe Asp Met Lys Val Lys Trp Glu Asp
 85 90 95
 gat gca ggg aag atc gtg atc aat gat acc gac tat aaa ttg gtt caa 392
 Asp Ala Gly Lys Ile Val Ile Asn Asp Thr Asp Tyr Lys Leu Val Gln
 100 105 110 115
 agc cac tgg cac gca cct tca gag cat ttt ctc gat gga cag agg ttg 440
 Ser His Trp His Ala Pro Ser Glu His Phe Leu Asp Gly Gln Arg Leu
 120 125 130
 gca atg gaa ctt cac atg gta cac aaa agt gta gaa ggg cac ttg gca 488
 Ala Met Glu Leu His Met Val His Lys Ser Val Glu Gly His Leu Ala
 135 140 145
 gtg att gga gtt ctc ttc aga gaa gga gaa cca aat gct ttc att tcg 536
 Val Ile Gly Val Leu Phe Arg Glu Gly Glu Pro Asn Ala Phe Ile Ser
 150 155 160

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

cgg atc atg gac aag atc cat aag atc gca gac gta caa gat gga gag 584
 Arg Ile Met Asp Lys Ile His Lys Ile Ala Asp Val Gln Asp Gly Glu
 165 170 175

gtc agc atc gga aag ata gat cca aga gaa ttt gga tgg gat ctt aca 632
 Val Ser Ile Gly Lys Ile Asp Pro Arg Glu Phe Gly Trp Asp Leu Thr
 180 185 190 195

aag ttt tat gaa tac aga ggt tct ctc acg act cct cct tgc acg gaa 680
 Lys Phe Tyr Glu Tyr Arg Gly Ser Leu Thr Thr Pro Pro Cys Thr Glu
 200 205 210

gat gtc atg tgg acc atc atc aac aag gtg ggg act gtt tca cgt gag 728
 Asp Val Met Trp Thr Ile Ile Asn Lys Val Gly Thr Val Ser Arg Glu
 215 220 225

caa att gat gta ttg aca gat gct cgt cgc ggt ggt tat gag aag aac 776
 Gln Ile Asp Val Leu Thr Asp Ala Arg Arg Gly Gly Tyr Glu Lys Asn
 230 235 240

gcg aga cca gct caa cct ctg aac gga cgt ctg gtt tat tta aac gag 824
 Ala Arg Pro Ala Gln Pro Leu Asn Gly Arg Leu Val Tyr Leu Asn Glu
 245 250 255

cag tcc agt cca agt cca act cca cgg cta aga ata cca cga gtt ggt 872
 Gln Ser Ser Pro Ser Pro Thr Pro Arg Leu Arg Ile Pro Arg Val Gly
 260 265 270 275

ccg gtc taa gacagtcctta taggacaagg caactccgag ccctaatttc 921
 Pro Val

catacaaaga aaattcggaa aagaattttg aagatgtatg aaaattggga gccataacta 981
 ttttttttta actattcttt tgattaaaag ataaaactac gcaatattat atgcataaag 1041
 tttttctttt atacatgtat tccaataaac aagatgtaat aatatccaac cataatgagt 1101
 tgtttgatta ttttataaca caagatctct cac 1134

<210> 94
 <211> 277
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 94

Met Lys Thr Ile Ile Leu Phe Val Thr Phe Leu Ala Leu Ser Ser Ser
 1 5 10 15

Ser Leu Ala Asp Glu Thr Glu Thr Glu Phe His Tyr Lys Pro Gly Glu
 20 25 30

Ile Ala Asp Pro Ser Lys Trp Ser Ser Ile Lys Ala Glu Trp Lys Ile
 35 40 45

Cys Gly Thr Gly Lys Arg Gln Ser Pro Ile Asn Leu Thr Pro Lys Ile
 50 55 60

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

Ala Arg Ile Val His Asn Ser Thr Glu Ile Leu Gln Thr Tyr Tyr Lys
65      70      75      80

Pro Val Glu Ala Ile Leu Lys Asn Arg Gly Phe Asp Met Lys Val Lys
      85      90      95

Trp Glu Asp Asp Ala Gly Lys Ile Val Ile Asn Asp Thr Asp Tyr Lys
      100      105      110

Leu Val Gln Ser His Trp His Ala Pro Ser Glu His Phe Leu Asp Gly
      115      120      125

Gln Arg Leu Ala Met Glu Leu His Met Val His Lys Ser Val Glu Gly
      130      135      140

His Leu Ala Val Ile Gly Val Leu Phe Arg Glu Gly Glu Pro Asn Ala
145      150      155      160

Phe Ile Ser Arg Ile Met Asp Lys Ile His Lys Ile Ala Asp Val Gln
      165      170      175

Asp Gly Glu Val Ser Ile Gly Lys Ile Asp Pro Arg Glu Phe Gly Trp
      180      185      190

Asp Leu Thr Lys Phe Tyr Glu Tyr Arg Gly Ser Leu Thr Thr Pro Pro
      195      200      205

Cys Thr Glu Asp Val Met Trp Thr Ile Ile Asn Lys Val Gly Thr Val
      210      215      220

Ser Arg Glu Gln Ile Asp Val Leu Thr Asp Ala Arg Arg Gly Gly Tyr
      225      230      235      240

Glu Lys Asn Ala Arg Pro Ala Gln Pro Leu Asn Gly Arg Leu Val Tyr
      245      250      255

Leu Asn Glu Gln Ser Ser Pro Ser Pro Thr Pro Arg Leu Arg Ile Pro
      260      265      270

Arg Val Gly Pro Val
      275

<210> 95
<211> 804
<212> DHK
<213> Arabidopsis thaliana

```

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(804)

<400> 95

atg gat acc aac gca aaa aca att ttc ttc atg gct atg tgt ttc atc	48
Met Asp Thr Asn Ala Lys Thr Ile Phe Phe Met Ala Met Cys Phe Ile	
1 5 10 15	

tat cta tct ttc cct aat att tca cac gct cat tct gaa gtc gac gac	96
Tyr Leu Ser Phe Pro Asn Ile Ser His Ala His Ser Glu Val Asp Asp	
20 25 30	

gaa act cca ttt act tac gaa caa aaa acg gaa aag gga cca gag gga	144
Glu Thr Pro Phe Thr Tyr Glu Gln Lys Thr Glu Lys Gly Pro Glu Gly	
35 40 45	

tgg ggc aaa ata aat ccg cac tgg aaa gtt tgt aac acc gga aga tat	192
Trp Gly Lys Ile Asn Pro His Trp Lys Val Cys Asn Thr Gly Arg Tyr	
50 55 60	

caa tcc ccg atc gat ctt act aac gaa aga gtc agt ctt att cat gat	240
Gln Ser Pro Ile Asp Leu Thr Asn Glu Arg Val Ser Leu Ile His Asp	
65 70 75 80	

caa gca tgg aca aga caa tat aaa cca gct ccg gct gta att aca aac	288
Gln Ala Trp Thr Arg Gln Tyr Lys Pro Ala Pro Ala Val Ile Thr Asn	
85 90 95	

aga ggc cat gac att atg gta tca tgg aaa gga gat gct ggg aag atg	336
Arg Gly His Asp Ile Met Val Ser Trp Lys Gly Asp Ala Gly Lys Met	
100 105 110	

aca ata cgg aaa acg gat ttt aat ttg gtg caa tgc cat tgg cat tca	384
Thr Ile Arg Lys Thr Asp Phe Asn Leu Val Gln Cys His Trp His Ser	
115 120 125	

cct tct gag cat acc gtt aac gga act agg tac gac cta gag ctt cac	432
Pro Ser Glu His Thr Val Asn Gly Thr Arg Tyr Asp Leu Glu Leu His	
130 135 140	

atg gtt cac acg agt gca cga ggc aga act gcg gtt atc gga gtt ctt	480
Met Val His Thr Ser Ala Arg Gly Arg Thr Ala Val Ile Gly Val Leu	
145 150 155 160	

tac aaa tta ggc gaa cct aat gaa ttc ctc acc aag cta cta aat gga	528
Tyr Lys Leu Gly Glu Pro Asn Glu Phe Leu Thr Lys Leu Leu Asn Gly	
165 170 175	

ata aaa gca gtg gga aat aaa gag ata aat cta ggg atg att gat cca	576
Ile Lys Ala Val Gly Asn Lys Glu Ile Asn Leu Gly Met Ile Asp Pro	
180 185 190	

cga gag att agg ttt caa aca aga aaa ttc tat aga tac att ggc tct	624
Arg Glu Ile Arg Phe Gln Thr Arg Lys Phe Tyr Arg Tyr Ile Gly Ser	
195 200 205	

ctc act gtt cct cct tgc act gaa ggc gtc att tgg act gtc gtc aaa	672
Leu Thr Val Pro Pro Cys Thr Glu Gly Val Ile Trp Thr Val Val Lys	
210 215 220	

agg gtg aac aca ata tca atg gag caa att aca gct ctt agg caa gcc	720
Arg Val Asn Thr Ile Ser Met Glu Gln Ile Thr Ala Leu Arg Gln Ala	

Page 263

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

225 230 235 240

gtt gac gat gga ttt gag aca aat tca aga ccg gtt caa gac tca aag 768
 val asp asp gly phe glu thr asn ser arg pro val gln asp ser lys
 245 250 255

gga aga tca gtt tgg ttc tat gat cca aat gtt tga 804
 gly arg ser val trp phe tyr asp pro asn val
 260 265

<210> 96
 <211> 267
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 96

Met Asp Thr Asn Ala Lys Thr Ile Phe Phe Met Ala Met Cys Phe Ile
 1 5 10 15

Tyr Leu Ser Phe Pro Asn Ile Ser His Ala His Ser Glu val Asp Asp
 20 25 30

Glu Thr Pro Phe Thr Tyr Glu Gln Lys Thr Glu Lys Gly Pro Glu Gly
 35 40 45

Trp Gly Lys Ile Asn Pro His Trp Lys val Cys Asn Thr Gly Arg Tyr
 50 55 60

Gln Ser Pro Ile Asp Leu Thr Asn Glu Arg val Ser Leu Ile His Asp
 65 70 75 80

Gln Ala Trp Thr Arg Gln Tyr Lys Pro Ala Pro Ala val Ile Thr Asn
 85 90 95

Arg Gly His Asp Ile Met val Ser Trp Lys Gly Asp Ala Gly Lys Met
 100 105 110

Thr Ile Arg Lys Thr Asp Phe Asn Leu val Gln Cys His Trp His Ser
 115 120 125

Pro Ser Glu His Thr val Asn Gly Thr Arg Tyr Asp Leu Glu Leu His
 130 135 140

Met val His Thr Ser Ala Arg Gly Arg Thr Ala val Ile Gly val Leu
 145 150 155 160

Tyr Lys Leu Gly Glu Pro Asn Glu Phe Leu Thr Lys Leu Leu Asn Gly
 165 170 175

Ile Lys Ala val Gly Asn Lys Glu Ile Asn Leu Gly Met Ile Asp Pro
 Page 264

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
180 185 190

Arg Glu Ile Arg Phe Gln Thr Arg Lys Phe Tyr Arg Tyr Ile Gly Ser
195 200 205

Leu Thr Val Pro Pro Cys Thr Glu Gly Val Ile Trp Thr Val Val Lys
210 215 220

Arg Val Asn Thr Ile Ser Met Glu Gln Ile Thr Ala Leu Arg Gln Ala
225 230 235 240

Val Asp Asp Gly Phe Glu Thr Asn Ser Arg Pro Val Gln Asp Ser Lys
245 250 255

Gly Arg Ser Val Trp Phe Tyr Asp Pro Asn Val
260 265

<210> 97
<211> 1088
<212> DHK
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (114)..(947)

<400> 97
gatcaacatc tccttgaagt tgtttcataa gaataagagc tataaaagag gataaaacca 60
aaatttgaat ttttttcttc tatctctctc cccaagatat atagcacaag aaa atg 116
Met
1
aag ata cca tca att ggc tat gtc ttt ttc ctt atc ttc atc tct att 164
Lys Ile Pro Ser Ile Gly Tyr Val Phe Phe Leu Ile Phe Ile Ser Ile
5 10 15
aca att gtt tcg agt tca cca gat cat gga gaa gtt gag gac gaa acg 212
Thr Ile Val Ser Ser Ser Pro Asp His Gly Glu Val Glu Asp Glu Thr
20 25 30
cag ttt aac tac gag aag aaa gga gag aag ggg cca gag aac tgg gga 260
Gln Phe Asn Tyr Glu Lys Lys Gly Glu Lys Gly Pro Glu Asn Trp Gly
35 40 45
aga cta aag cca gag tgg gca atg tgt gga aaa ggc aac atg cag tct 308
Arg Leu Lys Pro Glu Trp Ala Met Cys Gly Lys Gly Asn Met Gln Ser
50 55 60 65
ccg att gat ctt acg gac aaa aga gtc ttg att gat cat aat ctt gga 356
Pro Ile Asp Leu Thr Asp Lys Arg Val Leu Ile Asp His Asn Leu Gly
70 75 80
tac ctt cgt agc cag tat tta cct tca aat gcc acc att aag aac aga 404
Tyr Leu Arg Ser Gln Tyr Leu Pro Ser Asn Ala Thr Ile Lys Asn Arg
85 90 95

Page 265

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 __SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

ggc cat gat atc atg atg aaa ttt gaa gga gga aat gca ggt tta ggt      452
Gly His Asp Ile Met Met Lys Phe Glu Gly Gly Asn Ala Gly Leu Gly
100 105 110

atc act att aat ggt act gaa tat aaa ctt caa cag att cat tgg cac      500
Ile Thr Ile Asn Gly Thr Glu Tyr Lys Leu Gln Gln Ile His Trp His
115 120 125

tct cct tcc gaa cac aca ctc aat ggc aaa agg ttt gtt ctt gag gaa      548
Ser Pro Ser Glu His Thr Leu Asn Gly Lys Arg Phe Val Leu Glu Glu
130 135 140 145

cac atg gtt cat cag agc aaa gat gga cgc aac gct gtt gtc gct ttc      596
His Met Val His Gln Ser Lys Asp Gly Tyr Arg Asn Ala Val Val Ala Phe
150 155 160

ttt tac aaa ttg gga aaa cct gac tat ttt ctc ctc acg ttg gaa aga      644
Phe Tyr Lys Leu Gly Lys Pro Asp Tyr Phe Leu Leu Thr Leu Glu Arg
165 170 175

tac ttg aag agg ata act gat aca cac gaa tcc cag gaa ttt gtc gag      692
Tyr Leu Lys Arg Ile Thr Asp Thr His Glu Ser Gln Glu Phe Val Glu
180 185 190

atg gtt cat cct aga aca ttc ggt ttt gaa tca aaa cac tat tat aga      740
Met Val His Pro Arg Thr Phe Gly Phe Glu Ser Lys His Tyr Tyr Arg
195 200 205

ttt atc gga tca ctt aca act cca ccg tgt tct gaa aat gtg att tgg      788
Phe Ile Gly Ser Leu Thr Thr Pro Pro Cys Ser Glu Asn Val Ile Trp
210 215 220 225

acg att tcc aaa gag atg agg act gtg aca tta aaa caa ttg atc atg      836
Thr Ile Ser Lys Glu Met Arg Thr Val Thr Leu Lys Gln Leu Ile Met
230 235 240

ctt cga gtg act gta cac gat caa tct aac tca aat gct aga ccg ctt      884
Leu Arg Val Thr Val His Asp Gln Ser Asn Ser Asn Ala Arg Pro Leu
245 250 255

cag cgt aaa aat gag cgt ccg gtg gca ctt tac ata cca aca tgg cat      932
Gln Arg Lys Asn Glu Arg Pro Val Ala Leu Tyr Ile Pro Thr Trp His
260 265 270

agt aaa cta tat taa atatttaagt ttggtttata ttctttctag taatctttga      987
Ser Lys Leu Tyr
275

aatattgtaa gagataatgc ttctaataaa taacattgga tttattggaa ttaatgtatt      1047

gaaaaaacta tgcaaatact acagtgtatt ttggaacgac c                        1088

```

<210> 98
 <211> 277
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 98

Met Lys Ile Pro Ser Ile Gly Tyr Val Phe Phe Leu Ile Phe Ile Ser
 1 5 10 15

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 ...SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

Ile Thr Ile Val Ser Ser Ser Pro Asp His Gly Glu Val Glu Asp Glu
      20                      25                      30
Thr Gln Phe Asn Tyr Glu Lys Lys Gly Glu Lys Gly Pro Glu Asn Trp
      35                      40                      45
Gly Arg Leu Lys Pro Glu Trp Ala Met Cys Gly Lys Gly Asn Met Gln
      50                      55                      60
Ser Pro Ile Asp Leu Thr Asp Lys Arg Val Leu Ile Asp His Asn Leu
      65                      70                      75                      80
Gly Tyr Leu Arg Ser Gln Tyr Leu Pro Ser Asn Ala Thr Ile Lys Asn
      85                      90                      95
Arg Gly His Asp Ile Met Met Lys Phe Glu Gly Gly Asn Ala Gly Leu
      100                     105                     110
Gly Ile Thr Ile Asn Gly Thr Glu Tyr Lys Leu Gln Gln Ile His Trp
      115                     120                     125
His Ser Pro Ser Glu His Thr Leu Asn Gly Lys Arg Phe Val Leu Glu
      130                     135                     140
Glu His Met Val His Gln Ser Lys Asp Gly Arg Asn Ala Val Val Ala
      145                     150                     155                     160
Phe Phe Tyr Lys Leu Gly Lys Pro Asp Tyr Phe Leu Leu Thr Leu Glu
      165                     170                     175
Arg Tyr Leu Lys Arg Ile Thr Asp Thr His Glu Ser Gln Glu Phe Val
      180                     185                     190
Glu Met Val His Pro Arg Thr Phe Gly Phe Glu Ser Lys His Tyr Tyr
      195                     200                     205
Arg Phe Ile Gly Ser Leu Thr Thr Pro Pro Cys Ser Glu Asn Val Ile
      210                     215                     220
Trp Thr Ile Ser Lys Glu Met Arg Thr Val Thr Leu Lys Gln Leu Ile
      225                     230                     235                     240
Met Leu Arg Val Thr Val His Asp Gln Ser Asn Ser Asn Ala Arg Pro
      245                     250                     255
Leu Gln Arg Lys Asn Glu Arg Pro Val Ala Leu Tyr Ile Pro Thr Trp
      Page 267

```

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 __SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
260 265 270

His Ser Lys Leu Tyr
275

<210> 99
<211> 783
<212> DHK
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(783)

```

<400> 99
atg gat gcc aac aca aaa aca att tta ttt ttt gta gtg ttc ttc atc      48
Met Asp Ala Asn Thr Lys Thr Ile Leu Phe Phe Val Val Phe Phe Ile
1                               5                               10          15

gat tta ttt tcc cct aat att tta ttc gtt tat gct cgt gaa atc ggc      96
Asp Leu Phe Ser Pro Asn Ile Leu Phe Val Tyr Ala Arg Glu Ile Gly
20                               25                               30

aac aaa ccg cta ttt aca tac aaa caa aaa aca gag aaa gga cca gcg     144
Asn Lys Pro Leu Phe Thr Tyr Lys Gln Lys Thr Glu Lys Gly Pro Ala
35                               40                               45

gaa tgg ggc aaa tta gac cct caa tgg aaa gtt tgt agc acc gga aaa     192
Glu Trp Gly Lys Leu Asp Pro Gln Trp Lys Val Cys Ser Thr Gly Lys
50                               55                               60

att caa tct ccg att gat ctc act gac gaa aga gtc agt ctt att cat     240
Ile Gln Ser Pro Ile Asp Leu Thr Asp Glu Arg Val Ser Leu Ile His
65                               70                               75          80

gat caa gcc ttg agt aaa cat tac aaa cca gct tgc gct gta att caa     288
Asp Gln Ala Leu Ser Lys His Tyr Lys Pro Ala Ser Ala Val Ile Gln
85                               90                               95

agt aga gga cat gac gtt atg gta tgc tgg aaa gga gat ggt ggg aaa     336
Ser Arg Gly His Asp Val Met Val Ser Trp Lys Gly Asp Gly Gly Lys
100                              105                              110

ata aca ata cat caa acg gat tat aaa ttg gtg cag tgc cat tgg cat     384
Ile Thr Ile His Gln Thr Asp Tyr Lys Leu Val Gln Cys His Trp His
115                              120                              125

tca ccg tct gag cat acc att aac gga act agc tat gac cta gag ctt     432
Ser Pro Ser Glu His Thr Ile Asn Gly Thr Ser Tyr Asp Leu Glu Leu
130                              135                              140

cac atg gtt cac acg agt gct agt ggc aaa acc act gtg gtt gga gtt     480
His Met Val His Thr Ser Ala Ser Gly Lys Thr Thr Val Val Gly Val
145                              150                              155          160

ctt tat aaa tta ggt gaa cct gat gaa ttc ctc aca aag ata cta aat     528
Leu Tyr Lys Leu Gly Glu Pro Asp Glu Phe Leu Thr Lys Ile Leu Asn
165                              170                              175

gga ata aaa gga gta ggg aaa aaa gag ata gat cta gga atc gtg gat     576
Page 268

```

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Gly Ile Lys Gly Val Gly Lys Lys Glu Ile Asp Leu Gly Ile Val Asp
180 185 190

cct cga gat att aga ttt gaa acc aac aat ttc tat aga tac att ggc 624
Pro Arg Asp Ile Arg Phe Glu Thr Asn Asn Phe Tyr Arg Tyr Ile Gly
195 200 205

tct ctc act att cct cca tgc acc gaa ggc gtt att tgg acc gtc cag 672
Ser Leu Thr Ile Pro Pro Cys Thr Glu Gly Val Ile Trp Thr Val Gln
210 215 220

aaa agg gta tta tat ttt ttt tgt ttc tgt tat aga tta att atc ttc 720
Lys Arg Val Leu Tyr Phe Phe Cys Phe Cys Tyr Arg Leu Ile Ile Phe
225 230 235 240

gtt aca cct tac ata aac att ttt tgg att ttt gtt ttt gta ttt tgg 768
Val Thr Pro Tyr Ile Asn Ile Phe Trp Ile Phe Val Phe Val Phe Trp
245 250 255

tgt atg cta atg taa 783
Cys Met Leu Met
260

<210> 100
<211> 260
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 100

Met Asp Ala Asn Thr Lys Thr Ile Leu Phe Phe Val Val Phe Phe Ile
1 5 10 15

Asp Leu Phe Ser Pro Asn Ile Leu Phe Val Tyr Ala Arg Glu Ile Gly
20 25 30

Asn Lys Pro Leu Phe Thr Tyr Lys Gln Lys Thr Glu Lys Gly Pro Ala
35 40 45

Glu Trp Gly Lys Leu Asp Pro Gln Trp Lys Val Cys Ser Thr Gly Lys
50 55 60

Ile Gln Ser Pro Ile Asp Leu Thr Asp Glu Arg Val Ser Leu Ile His
65 70 75 80

Asp Gln Ala Leu Ser Lys His Tyr Lys Pro Ala Ser Ala Val Ile Gln
85 90 95

Ser Arg Gly His Asp Val Met Val Ser Trp Lys Gly Asp Gly Gly Lys
100 105 110

Ile Thr Ile His Gln Thr Asp Tyr Lys Leu Val Gln Cys His Trp His
115 120 125

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Ser Pro Ser Glu His Thr Ile Asn Gly Thr Ser Tyr Asp Leu Glu Leu
 130 135 140

His Met Val His Thr Ser Ala Ser Gly Lys Thr Thr Val Val Gly Val
 145 150 155 160

Leu Tyr Lys Leu Gly Glu Pro Asp Glu Phe Leu Thr Lys Ile Leu Asn
 165 170 175

Gly Ile Lys Gly Val Gly Lys Lys Glu Ile Asp Leu Gly Ile Val Asp
 180 185 190

Pro Arg Asp Ile Arg Phe Glu Thr Asn Asn Phe Tyr Arg Tyr Ile Gly
 195 200 205

Ser Leu Thr Ile Pro Pro Cys Thr Glu Gly Val Ile Trp Thr Val Gln
 210 215 220

Lys Arg Val Leu Tyr Phe Phe Cys Phe Cys Tyr Arg Leu Ile Ile Phe
 225 230 235 240

Val Thr Pro Tyr Ile Asn Ile Phe Trp Ile Phe Val Phe Val Phe Trp
 245 250 255

Cys Met Leu Met
 260

<210> 101
 <211> 859
 <212> DHK
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(828)

<400> 101	
atg gtg aac tac tca tca atc agt tgc atc ttc ttt gtg gct ctg ttt	48
Met Val Asn Tyr Ser Ser Ile Ser Cys Ile Phe Phe Val Ala Leu Phe	
1 5 10 15	
agt att ttc aca att gtt tgc att tgc agt gct gct tca agt cac gga	96
Ser Ile Phe Thr Ile Val Ser Ile Ser Ser Ala Ala Ser Ser His Gly	
20 25 30	
gaa gtt gag gac gaa cgc gag ttt aac tac aag aag aac gat gag aag	144
Glu Val Glu Asp Glu Arg Glu Phe Asn Tyr Lys Lys Asn Asp Glu Lys	
35 40 45	
ggg cca gag aga tgg gga gaa ctt aaa ccg gaa tgg gaa atg tgt gga	192
Gly Pro Glu Arg Trp Gly Glu Leu Lys Pro Glu Trp Glu Met Cys Gly	
50 55 60	

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 ...SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

aaa gga gag atg caa tct ccc ata gat ctt atg aac gag aga gtt aac Lys Gly Glu Met Gln Ser Pro Ile Asp Leu Met Asn Glu Arg Val Asn 65 70 75 80	240
att gtt tct cat ctt gga agg ctt aat aga gac tat aat cct tca aat Ile Val Ser His Leu Gly Arg Leu Asn Arg Asp Tyr Asn Pro Ser Asn 85 90 95	288
gca act ctt aag aac aga ggc cat gac atc atg tta aaa ttt gaa gat Ala Thr Leu Lys Asn Arg Gly His Asp Ile Met Leu Lys Phe Glu Asp 100 105 110	336
gga gca gga act att aag atc aat ggt ttt gaa tat gaa ctt caa cag Gly Ala Gly Thr Ile Lys Ile Asn Gly Phe Glu Tyr Glu Leu Gln Gln 115 120 125	384
ctt cac tgg cac tct ccg tct gaa cat act att aat gga aga agg ttt Leu His Trp His Ser Pro Ser Glu His Thr Ile Asn Gly Arg Arg Phe 130 135 140	432
gca ctt gag ctg cat atg gtt cac gaa ggc agg aat aga aga atg gct Ala Leu Glu Leu His Met Val His Glu Gly Arg Asn Arg Arg Met Ala 145 150 155 160	480
gtt gtg act gtg ttg tac aag atc gga aga gca gat act ttt atc aga Val Val Thr Val Leu Tyr Lys Ile Gly Arg Ala Asp Thr Phe Ile Arg 165 170 175	528
tcg ttg gag aaa gaa tta gag ggc att gct gaa atg gag gag gct gag Ser Leu Glu Lys Glu Leu Glu Gly Ile Ala Glu Met Glu Glu Ala Glu 180 185 190	576
aaa aat gta gga atg att gat ccc acc aaa att aag atc gga agc aga Lys Asn Val Gly Met Ile Asp Pro Thr Lys Ile Lys Ile Gly Ser Arg 195 200 205	624
aaa tat tac aga tac act ggt tca ctt acc act cct cct tgc act caa Lys Tyr Tyr Arg Tyr Thr Gly Ser Leu Thr Thr Pro Pro Cys Thr Gln 210 215 220	672
aac gtt act tgg agc gtc gtt aga aag gtt agg acc gtg aca aga aaa Asn Val Thr Trp Ser Val Val Arg Lys Val Arg Thr Val Thr Arg Lys 225 230 235 240	720
caa gtg aag ctc ctc cgc gtg gca gtg cac gat gat gct aat tcg aat Gln Val Lys Leu Leu Arg Val Ala Val His Asp Asp Ala Asn Ser Asn 245 250 255	768
gcg agg ccg gtt caa cca acc aac aag cgc ata gtg cac tta tac aga Ala Arg Pro Val Gln Pro Thr Asn Lys Arg Ile Val His Leu Tyr Arg 260 265 270	816
cca ata gtt taa tatatgaaga tactgaaagc ttttactaat c Pro Ile Val 275	859

<210> 102
 <211> 275
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 102

SEQ-ID-PCT_BSSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

Met Val Asn Tyr Ser Ser Ile Ser Cys Ile Phe Phe Val Ala Leu Phe
1      5      10     15
Ser Ile Phe Thr Ile Val Ser Ile Ser Ser Ala Ala Ser Ser His Gly
20     25     30
Glu Val Glu Asp Glu Arg Glu Phe Asn Tyr Lys Lys Asn Asp Glu Lys
35     40     45
Gly Pro Glu Arg Trp Gly Glu Leu Lys Pro Glu Trp Glu Met Cys Gly
50     55     60
Lys Gly Glu Met Gln Ser Pro Ile Asp Leu Met Asn Glu Arg Val Asn
65     70     75     80
Ile Val Ser His Leu Gly Arg Leu Asn Arg Asp Tyr Asn Pro Ser Asn
85     90     95
Ala Thr Leu Lys Asn Arg Gly His Asp Ile Met Leu Lys Phe Glu Asp
100    105    110
Gly Ala Gly Thr Ile Lys Ile Asn Gly Phe Glu Tyr Glu Leu Gln Gln
115    120    125
Leu His Trp His Ser Pro Ser Glu His Thr Ile Asn Gly Arg Arg Phe
130    135    140
Ala Leu Glu Leu His Met Val His Glu Gly Arg Asn Arg Arg Met Ala
145    150    155    160
Val Val Thr Val Leu Tyr Lys Ile Gly Arg Ala Asp Thr Phe Ile Arg
165    170    175
Ser Leu Glu Lys Glu Leu Glu Gly Ile Ala Glu Met Glu Glu Ala Glu
180    185    190
Lys Asn Val Gly Met Ile Asp Pro Thr Lys Ile Lys Ile Gly Ser Arg
195    200    205
Lys Tyr Tyr Arg Tyr Thr Gly Ser Leu Thr Thr Pro Pro Cys Thr Gln
210    215    220
Asn Val Thr Trp Ser Val Val Arg Lys Val Arg Thr Val Thr Arg Lys
225    230    235    240
Gln Val Lys Leu Leu Arg Val Ala Val His Asp Asp Ala Asn Ser Asn
245    250    255

```

Page 272

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Ala Arg Pro Val Gln Pro Thr Asn Lys Arg Ile Val His Leu Tyr Arg
260 265 270

Pro Ile Val
275

<210> 103
<211> 1053
<212> DHK
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1053)

<400> 103
atg aag ata tca tca cta gga tgg gtc tta gtc ctt atc ttc atc tct 48
Met Lys Ile Ser Ser Leu Gly Trp Val Leu Val Leu Ile Phe Ile Ser
1 5 10 15
att acc att gtt tgg agt gca cca gca cct aaa cct cct aaa cct aag 96
Ile Thr Ile Val Ser Ser Ala Pro Ala Pro Lys Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30
cct gca cca gca cct aca cct cct aaa cct aag ccc aca cca gca cct 144
Pro Ala Pro Ala Pro Thr Pro Pro Lys Pro Lys Pro Thr Pro Ala Pro
35 40 45
aca cct cct aaa cct aag ccc aaa cca gca cct aca cct cct aaa cct 192
Thr Pro Pro Lys Pro Lys 55 Pro Ala Pro Thr Pro Pro Lys Pro
50 60
aag cct gca cca gca cct aca cct cct aaa cct aag ccc gca cca gca 240
Lys Pro Ala Pro Ala Pro Thr Pro Pro Lys Pro Lys Pro Ala Pro Ala
65 70 75 80
cct aca cct cct aaa cct aag ccc aaa cca gca cct aca cct cct aat 288
Pro Thr Pro Pro Lys Pro Lys Pro Lys Pro Ala Pro Thr Pro Pro Asn
85 90 95
cct aag ccc aca cca gca cct aca cct cct aaa cct aag cct gca cca 336
Pro Lys Pro Thr Pro Ala Pro Thr Pro Pro Lys Pro Lys Pro Ala Pro
100 105 110
gca cca gca cca aca cca gca cgg aaa cct aaa cct gca cct aaa cca 384
Ala Pro Ala Pro Thr Pro Ala Pro Lys Pro Lys Pro Ala Pro Lys Pro
115 120 125
gca cca ggt gga gaa gtt gag gac gaa acc gag ttt agc tac gag acg 432
Ala Pro Gly Gly Glu Val Glu Asp Glu Thr Glu Phe Ser Tyr Glu Thr
130 135 140
aaa gga aac aag ggg cca gcg aaa tgg gga aca cta gat gca gag tgg 480
Lys Gly Asn Lys Gly Pro Ala Lys Trp Gly Thr Leu Asp Ala Glu Trp
145 150 155 160
aaa atg tgt gga ata ggc aaa atg caa tct cct att gat ctt cgg gac 528
Lys Met Cys Gly Ile Gly Lys Met Gln Ser Pro Ile Asp Leu Arg Asp
Page 273

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
165 170 175

aaa aat gtg gta gtt agt aat aaa ttt gga ttg ctt cgt agc cag tat 576
Lys Asn Val Val Val Ser Asn Lys Phe Gly Leu Leu Arg Ser Gln Tyr
180 185 190

ctg cct tct aat acc acc att aag aac aga ggt cat gat atc atg ttg 624
Leu Pro Ser Asn Thr Thr Ile Lys Asn Arg Gly His Asp Ile Met Leu
195 200 205

aaa ttc aaa gga gga aat aaa ggt att ggt gtc act atc cgt ggt act 672
Lys Phe Lys Gly Gly Asn Lys Gly Ile Gly Val Thr Ile Arg Gly Thr
210 215 220

aga tat caa ctt caa caa ctt cat tgg cac tct cct tcc gaa cat aca 720
Arg Tyr Gln Leu Gln Gln Leu His Trp His Ser Pro Ser Glu His Thr
225 230 235 240

atc aat ggc aaa agg ttt gcg cta gag gaa cac ttg gtt cat gag agc 768
Ile Asn Gly Lys Arg Phe Ala Leu Glu Glu His Leu Val His Glu Ser
245 250 255

aaa gat aaa cgc tac gct gtt gtc gca ttc tta tac aat ctc gga gca 816
Lys Asp Lys Arg Tyr Ala Val Val Ala Phe Leu Tyr Asn Leu Gly Ala
260 265 270

tct gac cct ttt ctc ttt tcg ttg gaa aaa caa ttg aag aag ata act 864
Ser Asp Pro Phe Leu Phe Ser Leu Glu Lys Gln Leu Lys Lys Ile Thr
275 280 285

gat aca cat gcg tcc gag gaa cat att cgc act gtg tca agt aaa caa 912
Asp Thr His Ala Ser Glu Glu His Ile Arg Thr Val Ser Ser Lys Gln
290 295 300

gtg aag ctt ctc cgt gtg gct gta cac gat gct tca gat tca aat gcc 960
Val Lys Leu Leu Arg Val Ala Val His Asp Ala Ser Asp Ser Asn Ala
305 310 315 320

agg ccg ctt caa gca gtc aat aag cgc aag gta tat tta tac aaa cca 1008
Arg Pro Leu Gln Ala Val Asn Lys Arg Lys Val Tyr Leu Tyr Lys Pro
325 330 335

aag gtt aag tta atg aag aaa tac tgt aat ata agt tct tac tag 1053
Lys Val Lys Leu Met Lys Lys Tyr Cys Asn Ile Ser Ser Tyr
340 345 350

<210> 104
<211> 350
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 104

Met Lys Ile Ser Ser Leu Gly Trp Val Leu Val Leu Ile Phe Ile Ser
1 5 10 15

Ile Thr Ile Val Ser Ser Ala Pro Ala Pro Lys Pro Pro Lys Pro Lys
20 25 30

Pro Ala Pro Ala Pro Thr Pro Pro Lys Pro Lys Pro Thr Pro Ala Pro
Page 274

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
35 40 45

Thr Pro Pro Lys Pro Lys Pro Lys Pro Ala Pro Thr Pro Pro Lys Pro
50 55 60

Lys Pro Ala Pro Ala Pro Thr Pro Pro Lys Pro Lys Pro Ala Pro Ala
65 70 75 80

Pro Thr Pro Pro Lys Pro Lys Pro Lys Pro Ala Pro Thr Pro Pro Asn
85 90 95

Pro Lys Pro Thr Pro Ala Pro Thr Pro Pro Lys Pro Lys Pro Ala Pro
100 105 110

Ala Pro Ala Pro Thr Pro Ala Pro Lys Pro Lys Pro Ala Pro Lys Pro
115 120 125

Ala Pro Gly Gly Glu Val Glu Asp Glu Thr Glu Phe Ser Tyr Glu Thr
130 135 140

Lys Gly Asn Lys Gly Pro Ala Lys Trp Gly Thr Leu Asp Ala Glu Trp
145 150 155 160

Lys Met Cys Gly Ile Gly Lys Met Gln Ser Pro Ile Asp Leu Arg Asp
165 170 175

Lys Asn Val Val Val Ser Asn Lys Phe Gly Leu Leu Arg Ser Gln Tyr
180 185 190

Leu Pro Ser Asn Thr Thr Ile Lys Asn Arg Gly His Asp Ile Met Leu
195 200 205

Lys Phe Lys Gly Gly Asn Lys Gly Ile Gly Val Thr Ile Arg Gly Thr
210 215 220

Arg Tyr Gln Leu Gln Gln Leu His Trp His Ser Pro Ser Glu His Thr
225 230 235 240

Ile Asn Gly Lys Arg Phe Ala Leu Glu Glu His Leu Val His Glu Ser
245 250 255

Lys Asp Lys Arg Tyr Ala Val Val Ala Phe Leu Tyr Asn Leu Gly Ala
260 265 270

Ser Asp Pro Phe Leu Phe Ser Leu Glu Lys Gln Leu Lys Lys Ile Thr
275 280 285

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Asp Thr His Ala Ser Glu Glu His Ile Arg Thr Val Ser Ser Lys Gln
 290 295 300

Val Lys Leu Leu Arg Val Ala Val His Asp Ala Ser Asp Ser Asn Ala
 305 310 315 320

Arg Pro Leu Gln Ala Val Asn Lys Arg Lys Val Tyr Leu Tyr Lys Pro
 325 330 335

Lys Val Lys Leu Met Lys Lys Tyr Cys Asn Ile Ser Ser Tyr
 340 345 350

<210> 105
 <211> 996
 <212> DHK
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> CDS
 <222> (90)..(866)

<400> 105
 ctatgagagca tcttcttata tcaactaaac tttgtattca tttccaagta tcactctaaa 60
 tcattcttttt cgaattcgcc tcccaagat atg tcg aca gag tcg tac gaa gac 113
 Met Ser Thr Glu Ser Tyr Glu Asp
 1 5
 gcc att aaa aga ctc gga gag ctt ctc agt aag aaa tcg gat ctc ggg 161
 Ala Ile Lys Arg Leu Gly Glu Leu Leu Ser Lys Lys Ser Asp Leu Gly
 10 15 20
 aac gtg gca gcc gca aag atc aag aag tta acg gat gag tta gag gaa 209
 Asn Val Ala Ala Ala Lys Ile Lys Lys Leu Thr Asp Glu Leu Glu Glu
 25 30 35 40
 ctt gat tcc aac aag tta gat gcc gta gaa cga atc aaa tcc gga ttt 257
 Leu Asp Ser Asn Lys Leu Asp Ala Val Glu Arg Ile Lys Ser Gly Phe
 45 50 55
 ctc cat ttc aag act aat aat tat gag aag aat cct act ttg tac aat 305
 Leu His Phe Lys Thr Asn Asn Tyr Glu Lys Asn Pro Thr Leu Tyr Asn
 60 65 70
 tca ctt gcc aag agc cag acc ccc aag ttt ttg gtg ttt gct tgt gcg 353
 Ser Leu Ala Lys Ser Gln Thr Pro Lys Phe Leu Val Phe Ala Cys Ala
 75 80 85
 gat tca cga gtt agt cca tct cac atc ttg aat ttc caa ctt ggg gaa 401
 Asp Ser Arg Val Ser Pro Ser His Ile Leu Asn Phe Gln Leu Gly Glu
 90 95 100
 gcc ttc atc gtt aga aac att gca aac atg gtg cca cct tat gac aag 449
 Ala Phe Ile Val Arg Asn Ile Ala Asn Met Val Pro Pro Tyr Asp Lys
 105 110 115 120
 aca aag cac tct aat gtt ggt gcg gcc ctt gaa tat cca att aca gtc 497
 Thr Lys His Ser Asn Val Gly Ala Ala Leu Glu Tyr Pro Ile Thr Val

Page 276

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
125 130 135

```

ctc aac gtg gag aac att ctt gtt att gga cac agc tgt tgt ggt gga      545
Leu Asn Val Glu Asn Ile Leu Val Ile Gly His Ser Cys Cys Gly Gly
140 145 150

ata aag gga ctc atg gcc att gaa gat aat aca gct ccc act aag acc      593
Ile Lys Gly Leu Met Ala Ile Glu Asp Asn Thr Ala Pro Thr Lys Thr
155 160 165

gag ttc ata gaa aac tgg atc cag atc tgt gca ccg gcc aag aac agg      641
Glu Phe Ile Glu Asn Trp Ile Gln Ile Cys Ala Pro Ala Lys Asn Arg
170 175 180

atc aag cag gat tgt aaa gac cta agc ttt gaa gat cag tgc acc aac      689
Ile Lys Gln Asp Cys Lys Asp Leu Ser Phe Glu Asp Gln Cys Thr Asn
185 190 195 200

tgt gag aag gaa gcc gtg aac gtg tcc ttg ggg aat ctt ttg tct tac      737
Cys Glu Lys Glu Ala Val Asn Val Ser Leu Gly Asn Leu Leu Ser Tyr
205 210 215

cca ttc gtg aga gaa aga gtg gtg aag aac aag ctt gcc ata aga gga      785
Pro Phe Val Arg Glu Arg Val Val Lys Asn Lys Leu Ala Ile Arg Gly
220 225 230

gct cac tat gat ttc gta aaa gga acg ttt gat ctt tgg gaa ctt gac      833
Ala His Tyr Asp Phe Val Lys Gly Thr Phe Asp Leu Trp Glu Leu Asp
235 240 245

ttc aag act acc cct gcc ttt gcc ttg tct taa aagattcctc ctactcaaat      886
Phe Lys Thr Thr Pro Ala Phe Ala Leu Ser
250 255

attttctcta tgggtttctt aattatgttc ttataatctt cttctgttgc ttctgtaatg      946

tcattctttgc tacttctatt ccaatagaaa tgaataaagc tttaaagagc      996

```

<210> 106
<211> 258
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 106

```

Met Ser Thr Glu Ser Tyr Glu Asp Ala Ile Lys Arg Leu Gly Glu Leu
1 5 10 15

Leu Ser Lys Lys Ser Asp Leu Gly Asn Val Ala Ala Ala Lys Ile Lys
20 25 30

Lys Leu Thr Asp Glu Leu Glu Glu Leu Asp Ser Asn Lys Leu Asp Ala
35 40 45

Val Glu Arg Ile Lys Ser Gly Phe Leu His Phe Lys Thr Asn Asn Tyr
50 55 60

Glu Lys Asn Pro Thr Leu Tyr Asn Ser Leu Ala Lys Ser Gln Thr Pro
Page 277

```

65 SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 ...SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
70 75 80

Lys Phe Leu Val Phe Ala Cys Ala Asp Ser Arg Val Ser Pro Ser His
85 90 95

Ile Leu Asn Phe Gln Leu Gly Glu Ala Phe Ile Val Arg Asn Ile Ala
100 105 110

Asn Met Val Pro Pro Tyr Asp Lys Thr Lys His Ser Asn Val Gly Ala
115 120 125

Ala Leu Glu Tyr Pro Ile Thr Val Leu Asn Val Glu Asn Ile Leu Val
130 135 140

Ile Gly His Ser Cys Cys Gly Gly Ile Lys Gly Leu Met Ala Ile Glu
145 150 155 160

Asp Asn Thr Ala Pro Thr Lys Thr Glu Phe Ile Glu Asn Trp Ile Gln
165 170 175

Ile Cys Ala Pro Ala Lys Asn Arg Ile Lys Gln Asp Cys Lys Asp Leu
180 185 190

Ser Phe Glu Asp Gln Cys Thr Asn Cys Glu Lys Glu Ala Val Asn Val
195 200 205

Ser Leu Gly Asn Leu Leu Ser Tyr Pro Phe Val Arg Glu Arg Val Val
210 215 220

Lys Asn Lys Leu Ala Ile Arg Gly Ala His Tyr Asp Phe Val Lys Gly
225 230 235 240

Thr Phe Asp Leu Trp Glu Leu Asp Phe Lys Thr Thr Pro Ala Phe Ala
245 250 255

Leu Ser

<210> 107
<211> 1362
<212> DHK
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (193)..(1098)

<400> 107
attgttgtgt aaaactcttg ttctcttcc tcttcaacgt gaacacttct atttctcaga
Page 278

60

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

gaacattcac ctatatgtct ttcttcaagg agaagtcttc ctctttccag atttagatga	120
acactcttca gatgccttgt gccattattga tccagattcg aagtacccaa ctttactctc	180
tagacctttt tc atg gca gcc act ccc aca cac ttc tct gtc tcc cat gat	231
Met Ala Ala Thr Pro Thr His Phe Ser Val Ser His Asp	
1 5 10	
cct ttt tct tcc acg tct ctc ctt aat ctc caa act caa gcg atc ttt	279
Pro Phe Ser Ser Thr Ser Leu Leu Asn Leu Gln Thr Gln Ala Ile Phe	
15 20 25	
ggt ccc aat cac agt tta aag aca acc cag ttg aga att cca gct tct	327
Gly Pro Asn His Ser Leu Lys Thr Thr Gln Leu Arg Ile Pro Ala Ser	
30 35 40 45	
ttc aga aga aaa gct aca aac ttg caa gtg atg gct tca gga aag aca	375
Phe Arg Arg Lys Ala Thr Asn Leu Gln Val Met Ala Ser Gly Lys Thr	
50 55 60	
cct gga ctg act cag gaa gct aat ggg gtt gca att gat aga caa aac	423
Pro Gly Leu Thr Gln Glu Ala Asn Gly Val Ala Ile Asp Arg Gln Asn	
65 70 75	
aac act gat gta ttt gac gac atg aaa cag cgg ttc ctg gcc ttc aag	471
Asn Thr Asp Val Phe Asp Asp Met Lys Gln Arg Phe Leu Ala Phe Lys	
80 85 90	
aag ctt aag tac atc agg gat gac ttt gaa cac tac aaa aat ctg gca	519
Lys Leu Lys Tyr Ile Arg Asp Asp Phe Glu His Tyr Lys Asn Leu Ala	
95 100 105	
gat gct caa gct cca aag ttt ctg gtg att gct tgt gca gac tct aga	567
Asp Ala Gln Ala Pro Lys Phe Leu Val Ile Ala Cys Ala Asp Ser Arg	
110 115 120 125	
gtt tgt cct tct gct gtc ctg gga ttc caa ccg ggt gac gca ttc act	615
Val Cys Pro Ser Ala Val Leu Gly Phe Gln Pro Gly Asp Ala Phe Thr	
130 135 140	
gtt cgt aac att gca aat tta gta cct cca tat gag tct gga cct act	663
Val Arg Asn Ile Ala Asn Leu Val Pro Pro Tyr Glu Ser Gly Pro Thr	
145 150 155	
gaa acc aaa gct gct cta gag ttc tct gtg aat act ctt aat gtg gaa	711
Glu Thr Lys Ala Ala Leu Glu Phe Ser Val Asn Thr Leu Asn Val Glu	
160 165 170	
aac atc tta gtc att ggt cat agc cgg tgt gga gga att caa gct tta	759
Asn Ile Leu Val Ile Gly His Ser Arg Cys Gly Gly Ile Gln Ala Leu	
175 180 185	
atg aaa atg gaa gac gaa gga gat tcc aga agt ttc ata cac aac tgg	807
Met Lys Met Glu Asp Glu Gly Asp Ser Arg Ser Phe Ile His Asn Trp	
190 195 200 205	
gta gtt gtg gga aag aag gca aag gaa agc aca aaa gct gtt gct tca	855
Val Val Val Gly Lys Lys Ala Lys Glu Ser Thr Lys Ala Val Ala Ser	
210 215 220	
aac ctc cat ttt gat cat cag tgc caa cat tgt gaa aag gca tcg ata	903
Asn Leu His Phe Asp His Gln Cys Gln His Cys Glu Lys Ala Ser Ile	

Page 279

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
225 230 235

```

aat cat tca tta gaa agg ctg ctt ggg tac ccg tgg ata gaa gag aaa      951
Asn His Ser Leu Glu Arg Leu Leu Gly Tyr Pro Trp Ile Glu Glu Lys
      240      245      250

gtg cgg caa ggt tca ctg tct ctc cat ggt gga tac tat aat ttt gtt      999
Val Arg Gln Gly Ser Leu Ser Leu His Gly Gly Tyr Tyr Asn Phe Val
      255      260      265

gat tgt acg ttc gag aaa tgg aca gtg gat tat gca gca agc aga ggt      1047
Asp Cys Thr Phe Glu Lys Trp Thr Val Asp Tyr Ala Ala Ser Arg Gly
      270      275      280      285

aag aag aag gaa ggc agt gga atc gct gtt aaa gac cgg tca gtt tgg      1095
Lys Lys Lys Glu Gly Ser Gly Ile Ala Val Lys Asp Arg Ser Val Trp
      290      295      300

tct tgacctacga ctatctcaat cttcatagag ttttttttca taatttatag      1148
Ser

agaaacatca aacccccctttt gggtgggatt atcatgtgtt tgttccactt gtgtgttgaa      1208

gtcatttttc ttcttctgtc ttattgaggc agggactaat gtttgtttta tctttcagtt      1268

gtttcgttta aattccacat ttgtgcaatg aactgggttg tgtttcttta agatataatc      1328

attttgccac tgtagtgaga tcggaggcat gcat      1362

```

<210> 108
<211> 302
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 108

```

Met Ala Ala Thr Pro Thr His Phe Ser Val Ser His Asp Pro Phe Ser
1      5      10      15

Ser Thr Ser Leu Leu Asn Leu Gln Thr Gln Ala Ile Phe Gly Pro Asn
      20      25      30

His Ser Leu Lys Thr Thr Gln Leu Arg Ile Pro Ala Ser Phe Arg Arg
      35      40      45

Lys Ala Thr Asn Leu Gln Val Met Ala Ser Gly Lys Thr Pro Gly Leu
      50      55      60

Thr Gln Glu Ala Asn Gly Val Ala Ile Asp Arg Gln Asn Asn Thr Asp
      65      70      75      80

Val Phe Asp Asp Met Lys Gln Arg Phe Leu Ala Phe Lys Lys Leu Lys
      85      90      95

Tyr Ile Arg Asp Asp Phe Glu His Tyr Lys Asn Leu Ala Asp Ala Gln
      Page 280

```

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 __SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
100 105 110

Ala Pro Lys Phe Leu Val Ile Ala Cys Ala Asp Ser Arg Val Cys Pro
115 120 125
Ser Ala Val Leu Gly Phe Gln Pro Gly Asp Ala Phe Thr Val Arg Asn
130 135 140
Ile Ala Asn Leu Val Pro Pro Tyr Glu Ser Gly Pro Thr Glu Thr Lys
145 150 155 160
Ala Ala Leu Glu Phe Ser Val Asn Thr Leu Asn Val Glu Asn Ile Leu
165 170 175
Val Ile Gly His Ser Arg Cys Gly Gly Ile Gln Ala Leu Met Lys Met
180 185 190
Glu Asp Glu Gly Asp Ser Arg Ser Phe Ile His Asn Trp Val Val Val
195 200 205
Gly Lys Lys Ala Lys Glu Ser Thr Lys Ala Val Ala Ser Asn Leu His
210 215 220
Phe Asp His Gln Cys Gln His Cys Glu Lys Ala Ser Ile Asn His Ser
225 230 235 240
Leu Glu Arg Leu Leu Gly Tyr Pro Trp Ile Glu Glu Lys Val Arg Gln
245 250 255
Gly Ser Leu Ser Leu His Gly Gly Tyr Tyr Asn Phe Val Asp Cys Thr
260 265 270
Phe Glu Lys Trp Thr Val Asp Tyr Ala Ala Ser Arg Gly Lys Lys Lys
275 280 285
Glu Gly Ser Gly Ile Ala Val Lys Asp Arg Ser Val Trp Ser
290 295 300

<210> 109
<211> 1366
<212> ДНК
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (175)..(1002)

<400> 109
atattaaacc actgtaactg taatttattg ttctgccgtc ccggaatgtt cctgttgaaa
Page 281

60

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

tccattttcg ctgatttttt ttcttccgtc tcttcttcag ctctgaccat ttctgtcttc	120
ttcattcagt gttgagtcct cgtttacctg tgagctcgaa gaaagtgcg atca atg Met 1	177
gga acc cta ggc aga gca ttt tac tcg gtc ggt ttt tgg atc cgt gag Gly Thr Leu Gly Arg Ala Phe Tyr Ser Val Gly Phe Trp Ile Arg Glu 5 10 15	225
act ggt caa gct ctt gat cgc ctc ggt tgt cgc ctt caa ggc aaa aat Thr Gly Gln Ala Leu Asp Arg Leu Gly Cys Arg Leu Gln Gly Lys Asn 20 25 30	273
tac ttc cga gaa caa ctg tca agg cat cgg aca ctg atg aat gta ttt Tyr Phe Arg Glu Gln Leu Ser Arg His Arg Thr Leu Met Asn Val Phe 35 40 45	321
gat aag gct ccg att gtg gac aag gaa gct ttt gtg gca cca agc gcc Asp Lys Ala Pro Ile Val Asp Lys Glu Ala Phe Val Ala Pro Ser Ala 50 55 60 65	369
tca gtt att ggg gac gtt cac att gga aga gga tcg tcc att tgg tat Ser Val Ile Gly Asp Val His Ile Gly Arg Gly Ser Ser Ile Trp Tyr 70 75 80	417
gga tgc gta tta cga ggc gat gtg aac acc gta agt gtt ggg tca gga Gly Cys Val Leu Arg Gly Asp Val Asn Thr Val Ser Val Gly Ser Gly 85 90 95	465
act aat att cag gac aac tca ctt gtg cat gtg gca aaa tca aac tta Thr Asn Ile Gln Asp Asn Ser Leu Val His Val Ala Lys Ser Asn Leu 100 105 110	513
agc ggg aag gtg cac cca acc ata att gga gac aat gta acc att ggt Ser Gly Lys Val His Pro Thr Ile Ile Gly Asp Asn Val Thr Ile Gly 115 120 125	561
cat agt gct gtt tta cat gga tgt act gtt gag gat gag acc ttt att His Ser Ala Val Leu His Gly Cys Thr Val Glu Asp Glu Thr Phe Ile 130 135 140 145	609
ggg atg ggt gcg aca ctt ctt gat ggg gtc gtt gtt gaa aag cat ggg Gly Met Gly Ala Thr Leu Leu Asp Gly Val Val Val Glu Lys His Gly 150 155 160	657
atg gtt gct gct ggt gca ctt gta cga caa aac acc aga att cct tct Met Val Ala Ala Gly Ala Leu Val Arg Gln Asn Thr Arg Ile Pro Ser 165 170 175	705
gga gag gta tgg gga gga aac cca gca agg ttc ctc agg aag ctc act Gly Glu Val Trp Gly Gly Asn Pro Ala Arg Phe Leu Arg Lys Leu Thr 180 185 190	753
gat gag gaa att gct ttt atc tct cag tca gca aca aac tac tca aac Asp Glu Glu Ile Ala Phe Ile Ser Gln Ser Ala Thr Asn Tyr Ser Asn 195 200 205	801
ctc gca cag gct cac gct gca gag aat gca aag cca tta aat gtg att Leu Ala Gln Ala His Ala Ala Glu Asn Ala Lys Pro Leu Asn Val Ile 210 215 220 225	849

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

gag ttc gag aag gtt cta cgc aag aag cat gct cta aag gac gag gag 897
 Glu Phe Glu Lys Val Leu Arg Lys Lys His Ala Leu Lys Asp Glu Glu
 230 235 240

tat gac tca atg ctc gga ata gtg aga gaa act cca cca gag ctt aac 945
 Tyr Asp Ser Met Leu Gly Ile Val Arg Glu Thr Pro Pro Glu Leu Asn
 245 250 255

ctc cct aac aac ata ctg cct gat aaa gaa acc aag cgt cct tct aat 993
 Leu Pro Asn Asn Ile Leu Pro Asp Lys Glu Thr Lys Arg Pro Ser Asn
 260 265 270

gtg aac tga tttttcaggg gtatgttttc tggccgaagc cctacaggg 1042
 Val Asn
 275

gagataactca aggggatttat gtttcggtct ctggtttgaa tatggcaggt agagtacatt 1102

agggtagacg gatttacagc ttttgaagaa gctatgttca acattttttc atggtttctt 1162

agggagtatt attgtctaata caaactttgt atgttatcac ttcggtcttt tgaacgtaag 1222

aatcaagttc atgaaacatg agtgaatatt agtctgatgc atgtgcgtat gcaaaaaatcc 1282

atgtgcgcct atgttgctag gcaagcatga agaataaaga tccaaactgg atatatcata 1342

tatttatctt ttataatta ctgc 1366

<210> 110
 <211> 275
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 110

Met Gly Thr Leu Gly Arg Ala Phe Tyr Ser Val Gly Phe Trp Ile Arg
 1 5 10 15

Glu Thr Gly Gln Ala Leu Asp Arg Leu Gly Cys Arg Leu Gln Gly Lys
 20 25 30

Asn Tyr Phe Arg Glu Gln Leu Ser Arg His Arg Thr Leu Met Asn Val
 35 40 45

Phe Asp Lys Ala Pro Ile Val Asp Lys Glu Ala Phe Val Ala Pro Ser
 50 55 60

Ala Ser Val Ile Gly Asp Val His Ile Gly Arg Gly Ser Ser Ile Trp
 65 70 75 80

Tyr Gly Cys Val Leu Arg Gly Asp Val Asn Thr Val Ser Val Gly Ser
 85 90 95

Gly Thr Asn Ile Gln Asp Asn Ser Leu Val His Val Ala Lys Ser Asn
 100 105 110

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Leu Ser Gly Lys Val His Pro Thr Ile Ile Gly Asp Asn Val Thr Ile
115 120 125

Gly His Ser Ala Val Leu His Gly Cys Thr Val Glu Asp Glu Thr Phe
130 135 140

Ile Gly Met Gly Ala Thr Leu Leu Asp Gly Val Val Val Glu Lys His
145 150 155 160

Gly Met Val Ala Ala Gly Ala Leu Val Arg Gln Asn Thr Arg Ile Pro
165 170 175

Ser Gly Glu Val Trp Gly Gly Asn Pro Ala Arg Phe Leu Arg Lys Leu
180 185 190

Thr Asp Glu Glu Ile Ala Phe Ile Ser Gln Ser Ala Thr Asn Tyr Ser
195 200 205

Asn Leu Ala Gln Ala His Ala Ala Glu Asn Ala Lys Pro Leu Asn Val
210 215 220

Ile Glu Phe Glu Lys Val Leu Arg Lys Lys His Ala Leu Lys Asp Glu
225 230 235 240

Glu Tyr Asp Ser Met Leu Gly Ile Val Arg Glu Thr Pro Pro Glu Leu
245 250 255

Asn Leu Pro Asn Asn Ile Leu Pro Asp Lys Glu Thr Lys Arg Pro Ser
260 265 270

Asn Val Asn
275

<210> 111
<211> 1185
<212> ДНК
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (138)..(974)

<400> 111
cgaactcact cgagttaaaa aaaaaaatcc tcccatcaat acgcctccat aaacctctct 60
ctatctggtg gagcgacacc aaaaacaaca aagccttctc attttcacac ttgggtaat 120
cggagaatca caaaaaa atg gga acc cta gga cga gca att tac act gtg 170
Met Gly Thr Leu Gly Arg Ala Ile Tyr Thr Val
1 5 10

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

ggt aac tgg att cgt gga act ggt caa gct ctt gat cgc gtt ggt tct Gly Asn Trp Ile Arg Gly Thr Gly Gln Ala Leu Asp Arg Val Gly Ser	218
ctt ctt caa gga agt cac cgt atc gag gaa cat ctg tctg agg cat cgg Leu Leu Gln Gly Ser His Arg Ile Glu Glu His Leu Ser Arg His Arg	266
acg ttg atg aat gtg ttt gat aaa tca cca ttg gtg gat aaa gat gtg Thr Leu Met Asn Val Phe Asp Lys Ser Pro Leu Val Asp Lys Asp Val	314
ttt gtg gct ccg agt gct tct gtt att ggt gat gtt cag atc gga aaa Phe Val Ala Pro Ser Ala Ser Val Ile Gly Asp Val Gln Ile Gly Lys	362
ggc tctg tctg att tgg tat ggc tgt gtt ctt cga ggt gat gtg aat aac Gly Ser Ser Ile Trp Tyr Gly Cys Val Leu Arg Gly Asp Val Asn Asn	410
atc agt gtt gga tct ggg acg aat atc caa gat aat acg ctt gta cat Ile Ser Val Gly Ser Gly Thr Asn Ile Gln Asp Asn Thr Val His	458
gtt gca aag acc aac ata agt ggc aag gtt cta cct act ctg att ggg Val Ala Lys Thr Asn Ile Ser Gly Lys Val Leu Pro Thr Leu Ile Gly	506
gac aat gta aca gta ggt cac agt gct gtc att cat ggg tgt act gtt Asp Asn Val Thr Val Gly His Ser Ala Val Ile His Gly Cys Thr Val	554
gag gat gat gct ttt gtt ggt atg gga gca aca cta ctt gat ggt gtg Glu Asp Asp Ala Phe Val Gly Met Gly Ala Thr Leu Leu Asp Gly Val	602
gtg gtt gag aaa cat gcc atg gtt gct gct ggt tct ctt gtg aaa cag Val Val Glu Lys His Ala Met Val Ala Ala Gly Ser Leu Val Lys Gln	650
aac acg cga atc cct tct gga gag gtg tgg gga gga aat cca gca aag Asn Thr Arg Ile Pro Ser Gly Glu Val Trp Gly Gly Asn Pro Ala Lys	698
ttc atg aga aag tta aca gat gaa gag ata gta tac atc tca cag tca Phe Met Arg Lys Leu Thr Asp Glu Glu Ile Val Tyr Ile Ser Gln Ser	746
gca aag aat tac atc aat ctc gca cag att cac gcc tca gag aat tca Ala Lys Asn Tyr Ile Asn Leu Ala Gln Ile His Ala Ser Glu Asn Ser	794
aag tca ttt gag cag atc gag gtt gag aga gcg ctt agg aag aag tat Lys Ser Phe Glu Gln Ile Glu Val Glu Arg Ala Leu Arg Lys Lys Tyr	842
gca cgc aag gac gag gat tac gat tca atg ctt ggg att acc cgt gaa Ala Arg Lys Asp Glu Asp Tyr Asp Ser Met Leu Gly Ile Thr Arg Glu	890
act cca ccg gag ttg att ctt ccc gac aat gtc tta cca ggt ggt aaa Thr Pro Pro Glu Leu Ile Leu Pro Asp Asn Val Leu Pro Gly Gly Lys	938

Page 285

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
255 260 265

ccc gtc gcc aag gtt ccg tct act cag tac ttc taa ttccaatctc 984
Pro Val Ala Lys Val Pro Ser Thr Gln Tyr Phe
270 275

aggttggttt tgtgtgttga aatcatttca agacaggatt gattctctgg aaggtcaaga 1044

gagataattat ttgtgtttta acttttcttc cgagcaagca ggagatttat catccttgct 1104

caataatgta tggttgcatt atgaagtcac ttcttcgagg aacaatttgc agaaagagaa 1164

acaaagtgg attaatcttt c 1185

<210> 112
<211> 278
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 112

Met Gly Thr Leu Gly Arg Ala Ile Tyr Thr Val Gly Asn Trp Ile Arg
1 5 10 15

Gly Thr Gly Gln Ala Leu Asp Arg Val Gly Ser Leu Leu Gln Gly Ser
20 25 30

His Arg Ile Glu Glu His Leu Ser Arg His Arg Thr Leu Met Asn Val
35 40 45

Phe Asp Lys Ser Pro Leu Val Asp Lys Asp Val Phe Val Ala Pro Ser
50 55 60

Ala Ser Val Ile Gly Asp Val Gln Ile Gly Lys Gly Ser Ser Ile Trp
65 70 75 80

Tyr Gly Cys Val Leu Arg Gly Asp Val Asn Asn Ile Ser Val Gly Ser
85 90 95

Gly Thr Asn Ile Gln Asp Asn Thr Leu Val His Val Ala Lys Thr Asn
100 105 110

Ile Ser Gly Lys Val Leu Pro Thr Leu Ile Gly Asp Asn Val Thr Val
115 120 125

Gly His Ser Ala Val Ile His Gly Cys Thr Val Glu Asp Asp Ala Phe
130 135 140

Val Gly Met Gly Ala Thr Leu Leu Asp Gly Val Val Val Glu Lys His
145 150 155 160

Ala Met Val Ala Ala Gly Ser Leu Val Lys Gln Asn Thr Arg Ile Pro
Page 286

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
165 170 175

Ser Gly Glu Val Trp Gly Gly Asn Pro Ala Lys Phe Met Arg Lys Leu
180 185 190

Thr Asp Glu Glu Ile Val Tyr Ile Ser Gln Ser Ala Lys Asn Tyr Ile
195 200 205

Asn Leu Ala Gln Ile His Ala Ser Glu Asn Ser Lys Ser Phe Glu Gln
210 215 220

Ile Glu Val Glu Arg Ala Leu Arg Lys Lys Tyr Ala Arg Lys Asp Glu
225 230 235 240

Asp Tyr Asp Ser Met Leu Gly Ile Thr Arg Glu Thr Pro Pro Glu Leu
245 250 255

Ile Leu Pro Asp Asn Val Leu Pro Gly Gly Lys Pro Val Ala Lys Val
260 265 270

Pro Ser Thr Gln Tyr Phe
275

<210> 113
<211> 1230
<212> DHK
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (109)..(918)

<400> 113
caaagactgc actctctcct ctctctctgg ctccggcgaa aaaccccttt tcgatttcac 60
tgataaaacg caaatcgatc tctcgtgtgg aagaagaaga agaacacg atg gga aca 117
Met Gly Thr
1

atg ggt aaa gca ttc tac agc gta gga ttc tgg atc cgt gaa act ggt 165
Met Gly Lys Ala Phe Tyr Ser Val Gly Phe Trp Ile Arg Glu Thr Gly
5 10 15

caa gca ctt gat cgg ctc ggt tgt cgc ctc caa ggg aaa aat cat ttc 213
Gln Ala Leu Asp Arg Leu Gly Cys Arg Leu Gln Gly Lys Asn His Phe
20 25 30 35

cga gaa cag cta tca agg cac cgc aca ctc atg aat gtt ttt gac aaa 261
Arg Glu Gln Leu Ser Arg His Arg Thr Leu Met Asn Val Phe Asp Lys
40 45 50

acc cct aat gtg gat aag ggg gct ttt gtg gct cct aac gct tct ctc 309
Thr Pro Asn Val Asp Lys Gly Ala Phe Val Ala Pro Asn Ala Ser Leu
55 60 65

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

tct ggt gat gtc cat gtg gga aga ggt tct tcc att tgg tat gga tgt      357
Ser Gly Asp Val His Val Gly Arg Gly Ser Ser Ile Trp Tyr Gly Cys
70 75 80

gtc ttg aga gac ata ccc ttt gat tta atg acc gac tct gca gga gat      405
Val Leu Arg Asp Ile Pro Phe Asp Leu Met Thr Asp Ser Ala Gly Asp
85 90 95

gct aac agc att agt gtt gga gct ggg acc aat att cag gac aac gct      453
Ala Asn Ser Ile Ser Val Gly Ala Gly Thr Asn Ile Gln Asp Asn Ala
100 105 110 115

ctt gtc cac gtt gct aag acc aac tta agt ggg aag gtc tta cct act      501
Leu Val His Val Ala Lys Thr Asn Leu Ser Gly Lys Val Leu Pro Thr
120 125 130

gtc att gga gac aat gtc acc att ggt cat agt gct gtt tta cat ggc      549
Val Ile Gly Asp Asn Val Thr Ile Gly His Ser Ala Val Leu His Gly
135 140 145

tgc act gtc gag gat gag gcc tat att ggt aca agt gca act gtc ttg      597
Cys Thr Val Glu Asp Glu Ala Tyr Ile Gly Thr Ser Ala Thr Val Leu
150 155 160

gat gga gct cat gtt gaa aaa cat gcc atg gtt gct tca gga gct ctt      645
Asp Gly Ala His Val Glu Lys His Ala Met Val Ala Ser Gly Ala Leu
165 170 175

gtt agg cag aac act aga att ccc tct ggc gag gtt tgg gga ggc aac      693
Val Arg Gln Asn Thr Arg Ile Pro Ser Gly Glu Val Trp Gly Gly Asn
180 185 190 195

cca gct aaa ttt ctg agg aag gtg aca gaa gaa gaa aga gtc ttc ttc      741
Pro Ala Lys Phe Leu Arg Lys Val Thr Glu Glu Glu Arg Val Phe Phe
200 205 210

tcc agt tct gct gtg gag tac tcc aac tta gct caa gct cac gcc aca      789
Ser Ser Ser Ala Val Glu Tyr Ser Asn Leu Ala Gln Ala His Ala Thr
215 220 225

gag aac gca aag aac ttg gac gag gct gag ttc aag aag ctt cta aac      837
Glu Asn Ala Lys Asn Leu Asp Glu Ala Glu Phe Lys Lys Leu Leu Asn
230 235 240

aag aag aac gct cgc gat aca gaa tat gat tca gta ctc gat gat ctc      885
Lys Lys Asn Ala Arg Asp Thr Glu Tyr Asp Ser Val Leu Asp Asp Leu
245 250 255

acg ctc cct gag aat gta cca aaa gca gct tga ggcgtttaac ctgtgccgcc      938
Thr Leu Pro Glu Asn Val Pro Lys Ala Ala
260 265

ttgcgaatct tgatttggtt ggatttgaaa agtaaaaaca aagaacttga tttcctgctt      998

ctccaataaa gttttcttgg gcgtaaaaac cattggccag tgctcactgg gaaagttttc      1058

ggcttaaaagg cattcatttc tctgttaaaag attgtgaggg gttttgttct cttgtaactt      1118

gagaaagaaa agttgtaacc tttttcttct ttttatgtcg tctaataaat tgttgatcag      1178

acagacattt aggttgacct ttgccataaa aaagatagct ctgcttcaat aa      1230

```

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

<210> 114
<211> 269
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 114
Met Gly Thr Met Gly Lys Ala Phe Tyr Ser Val Gly Phe Trp Ile Arg
1      5      10     15
Glu Thr Gly Gln Ala Leu Asp Arg Leu Gly Cys Arg Leu Gln Gly Lys
20     25     30
Asn His Phe Arg Glu Gln Leu Ser Arg His Arg Thr Leu Met Asn Val
35     40     45
Phe Asp Lys Thr Pro Asn Val Asp Lys Gly Ala Phe Val Ala Pro Asn
50     55     60
Ala Ser Leu Ser Gly Asp Val His Val Gly Arg Gly Ser Ser Ile Trp
65     70     75     80
Tyr Gly Cys Val Leu Arg Asp Ile Pro Phe Asp Leu Met Thr Asp Ser
85     90     95
Ala Gly Asp Ala Asn Ser Ile Ser Val Gly Ala Gly Thr Asn Ile Gln
100    105    110
Asp Asn Ala Leu Val His Val Ala Lys Thr Asn Leu Ser Gly Lys Val
115    120    125
Leu Pro Thr Val Ile Gly Asp Asn Val Thr Ile Gly His Ser Ala Val
130    135    140
Leu His Gly Cys Thr Val Glu Asp Glu Ala Tyr Ile Gly Thr Ser Ala
145    150    155    160
Thr Val Leu Asp Gly Ala His Val Glu Lys His Ala Met Val Ala Ser
165    170    175
Gly Ala Leu Val Arg Gln Asn Thr Arg Ile Pro Ser Gly Glu Val Trp
180    185    190
Gly Gly Asn Pro Ala Lys Phe Leu Arg Lys Val Thr Glu Glu Glu Arg
195    200    205
Val Phe Phe Ser Ser Ser Ala Val Glu Tyr Ser Asn Leu Ala Gln Ala
210    215    220

```

Page 289

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

His Ala Thr Glu Asn Ala Lys Asn Leu Asp Glu Ala Glu Phe Lys Lys
225 230 235 240

Leu Leu Asn Lys Lys Asn Ala Arg Asp Thr Glu Tyr Asp Ser Val Leu
245 250 255

Asp Asp Leu Thr Leu Pro Glu Asn Val Pro Lys Ala Ala
260 265

<210> 115
<211> 1042
<212> DHK
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (55)..(816)

<400> 115
actctctctc ttttctcttt tgcaaatcct tgaagaaatc caaaatccat agca atg Met 57
1
gcg act tcg ata gct cga ttg tct cgg aga gga gtc act tct aac ctg 105
Ala Thr Ser Ile Ala Arg Leu Ser Arg Arg Gly Val Thr Ser Asn Leu 15
atc cgt cgt tgc ttc gct gcg gaa gcg gcg ttg gcg agg aag aca gag 153
Ile Arg Arg Cys Phe Ala Ala Glu Ala Ala Leu Ala Arg Lys Thr Glu 20 25 30
tta cct aaa ccg caa ttc acg gtg tcg ccg tcg acg gat cgt gtg aaa 201
Leu Pro Lys Pro Gln Phe Thr Val Ser Pro Ser Thr Asp Arg Val Lys 35 40 45
tgg gac tac aga ggc caa cga cag atc att cct ttg gga cag tgg ctt 249
Trp Asp Tyr Arg Gly Gln Arg Gln Ile Ile Pro Leu Gly Gln Trp Leu 50 55 60 65
ccg aag gta gcc gtt gat gct tac gtg gca ccc aac gtt gtg ctg gct 297
Pro Lys Val Ala Val Asp Ala Tyr Val Ala Pro Asn Val Val Leu Ala 70 75 80
ggt cag gtc aca gtc tgg gac ggc tcg tct gtt tgg aac ggt gcc gtt 345
Gly Gln Val Thr Val Trp Asp Gly Ser Ser Val Trp Asn Gly Ala Val 85 90 95
ttg cgc ggc gat ctc aac aaa atc act gtt gga ttc tgc tcg aat gta 393
Leu Arg Gly Asp Leu Asn Lys Ile Thr Val Gly Phe Cys Ser Asn Val 100 105 110
cag gaa ccg tgt gtt gtt cat gcc gcc tgg tct tcc cca aca gga tta 441
Gln Glu Arg Cys Val Val His Ala Ala Trp Ser Ser Pro Thr Gly Leu 115 120 125
cca gca gcg aca ata atc gac agg tat gtg aca gta ggt gcc tac agt 489
Pro Ala Ala Thr Ile Ile Asp Arg Tyr Val Thr Val Gly Ala Tyr Ser 130 135 140 145

Page 290

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

ctt ctg aga tca tgt acc atc gaa cca gag tgc atc atc ggt caa cac      537
Leu Leu Arg Ser Cys Thr Ile Glu Pro Glu Cys Ile Ile Gly Gln His
150 155 160

tca ata cta atg gaa ggc tca ctg gtt gag acc cgg tca atc ttg gaa      585
Ser Ile Leu Met Glu Gly Ser Leu Val Glu Thr Arg Ser Ile Leu Glu
165 170 175

gcg ggt tca gtt gtg ccg cca gga aga agg atc cca tca ggt gaa cta      633
Ala Gly Ser Val Val Pro Pro Gly Arg Arg Ile Pro Ser Gly Glu Leu
180 185 190

egg gga ggc aat cca gca aga ttc att aga acc cta acc aac gaa gaa      681
Trp Gly Gly Asn Pro Ala Arg Phe Ile Arg Thr Leu Thr Asn Glu Glu
195 200 205

acc cta gag atc cca aaa ctg gct gta gcc atc aac cac tta agc gga      729
Thr Leu Glu Ile Pro Lys Leu Ala Val Ala Ile Asn His Leu Ser Gly
210 215 220 225

gat tac ttc tct gag ttc cta cct tac tca act gtc tac tta gag gta      777
Asp Tyr Phe Ser Glu Phe Leu Pro Tyr Ser Thr Val Tyr Leu Glu Val
230 235 240

gag aag ttc aag aag tcc ctt ggg atc gcc gtt tag aag cttcatcttt      826
Glu Lys Phe Lys Lys Ser Leu Gly Ile Ala Val Lys
245 250

ttcgtgattc actttcatgt gtttatctat catatgaggt ctttctctct gcatattgca      886
ataagtagct gatgaacatc aaaacaagtc cggtctctct ttttggttct aaaacgtttg      946
tcatttcggt ttttgggttc tttgtaaaat tccatttaaa actgattttg gctgaatatt      1006
gtctgaatga taatggcgac gacttctggt ttgtgtt      1042

```

<210> 116
 <211> 252
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 116

```

Met Ala Thr Ser Ile Ala Arg Leu Ser Arg Arg Gly Val Thr Ser Asn
1 5 10 15

Leu Ile Arg Arg Cys Phe Ala Ala Glu Ala Ala Leu Ala Arg Lys Thr
20 25 30

Glu Leu Pro Lys Pro Gln Phe Thr Val Ser Pro Ser Thr Asp Arg Val
35 40 45

Lys Trp Asp Tyr Arg Gly Gln Arg Gln Ile Ile Pro Leu Gly Gln Trp
50 55 60

Leu Pro Lys Val Ala Val Asp Ala Tyr Val Ala Pro Asn Val Val Leu
65 70 75 80

```

Page 291

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Ala Gly Gln Val Thr Val Trp Asp Gly Ser Ser Val Trp Asn Gly Ala
85 90 95

Val Leu Arg Gly Asp Leu Asn Lys Ile Thr Val Gly Phe Cys Ser Asn
100 105 110

Val Gln Glu Arg Cys Val Val His Ala Ala Trp Ser Ser Pro Thr Gly
115 120 125

Leu Pro Ala Ala Thr Ile Ile Asp Arg Tyr Val Thr Val Gly Ala Tyr
130 135 140

Ser Leu Leu Arg Ser Cys Thr Ile Glu Pro Glu Cys Ile Ile Gly Gln
145 150 155 160

His Ser Ile Leu Met Glu Gly Ser Leu Val Glu Thr Arg Ser Ile Leu
165 170 175

Glu Ala Gly Ser Val Val Pro Pro Gly Arg Arg Ile Pro Ser Gly Glu
180 185 190

Leu Trp Gly Gly Asn Pro Ala Arg Phe Ile Arg Thr Leu Thr Asn Glu
195 200 205

Glu Thr Leu Glu Ile Pro Lys Leu Ala Val Ala Ile Asn His Leu Ser
210 215 220

Gly Asp Tyr Phe Ser Glu Phe Leu Pro Tyr Ser Thr Val Tyr Leu Glu
225 230 235 240

Val Glu Lys Phe Lys Lys Ser Leu Gly Ile Ala Val
245 250

<210> 117
<211> 1130
<212> DHK
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (97)..(870)

<400> 117
ctcccgacga ctctctcttg tctctctctc cgggaagctt tctgtctctc tctctctctc 60
tctacacaag accttgaaga atccgattcc ataaca atg gcg act tcg tta gca 114
Met Ala Thr Ser Leu Ala
1 5

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

cga atc tct	aaa aga agc ata aca tcg gct gtt tca tcg aat ctg att	162
Arg Ile Ser	Lys Arg Ser Ile Thr Ser Ala Val Ser Ser Asn Leu Ile	
	10 15 20	
cgg cgt tac	ttc gcc gcg gaa gca gta gcg gtg gcg acg acg gaa aca	210
Arg Arg Tyr	Phe Ala Ala Glu Ala Val Ala Val Ala Thr Thr Glu Thr	
	25 30 35	
cct aaa ccg	aaa tcg cag gtg acg ccg tcg ccg gat ccg gta aaa tgg	258
Pro Lys Pro	Lys Ser Gln Val Thr Pro Ser Pro Asp Arg Val Lys Trp	
	40 45 50	
gac tac aga	ggc cag aga cag ata att cct ctg gga cag tgg cta ccg	306
Asp Tyr Arg	Gly Gln Arg Gln Ile Ile Pro Leu Gly Gln Trp Leu Pro	
	55 60 65 70	
aag gta gct	gta gat gct tac gtg gca cct aac gtt gtg ttg gct ggt	354
Lys Val Ala	Val Asp Ala Tyr Val Ala Pro Asn Val Val Leu Ala Gly	
	75 80 85	
cag gtc acc	gtc tgg gac ggc tcg tct gta tgg aac ggt gcc gtt ttg	402
Gln Val Thr	Val Trp Asp Gly Ser Val Trp Asn Gly Ala Val Leu	
	90 95 100	
aga gga gat	ctt aat aag atc acc gtt gga ttc tgc tca aat gtc cag	450
Arg Gly Asp	Leu Asn Lys Ile Thr Val Gly Phe Cys Ser Asn Val Gln	
	105 110 115	
gaa ccg tgt	gtt gtt cat gct gcg tgg tcg tcg cct aca gga tta cca	498
Glu Arg Cys	Val Val His Ala Trp Ser Ser Pro Thr Gly Leu Pro	
	120 125 130	
gca caa aca	ttg atc gat agg tac gtg aca gtt ggt gca tac agt ctt	546
Ala Gln Thr	Leu Ile Asp Arg Tyr Val Thr Val Gly Ala Tyr Ser Leu	
	135 140 145 150	
tta aga tca	tgc act atc gaa cca gaa tgc atc atc ggg caa cac tca	594
Leu Arg Ser	Cys Thr Ile Glu Pro Glu Cys Ile Ile Gly Gln His Ser	
	155 160 165	
atc cta atg	gaa ggt tca ctg gtc gaa acc cgc tca atc cta gaa gct	642
Ile Leu Met	Glu Gly Ser Leu Val Glu Thr Arg Ser Ile Leu Glu Ala	
	170 175 180	
ggt tct gtt	tta cca cct ggc aga aga atc cca tct ggt gaa cta tgg	690
Gly Ser Val	Leu Pro Pro Gly Arg Arg Ile Pro Ser Gly Glu Leu Trp	
	185 190 195	
gga ggc aat	cca gca agg ttt att cga aca ctc acc aat gaa gaa acc	738
Gly Gly Asn	Pro Ala Arg Phe Ile Arg Thr Leu Thr Asn Glu Glu Thr	
	200 205 210	
tta gag atc	ccg aaa ctt gct gtt gcc att aac cac cta agt gga gat	786
Leu Glu Ile	Pro Lys Leu Ala Val Ala Ile Asn His Leu Ser Gly Asp	
	215 220 225 230	
tac ttc tca	gag ttc ttg cct tac tca act atc tat cta gag gtt gag	834
Tyr Phe Ser	Glu Phe Leu Pro Tyr Ser Thr Ile Tyr Leu Glu Val Glu	
	235 240 245	
aag ttc aag	aaa tcc ctt gga atc gcc atc tag aaa gcttcttcca	880
Lys Phe Lys	Lys Ser Leu Gly Ile Ala Ile Lys	
	250 255	

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

ggtttctggc tacttccctc attaagaaag cttcttcggt ttcggaattt gatctgaata      940
agtagctgcg gaacaagaaa aagagcagag ctgtgtttca aatgttgtct tctctgtttg      1000
ttttgtttaa gttcataatc ttgtgttcaa actttctatg aagatgataa tggtgaaaac      1060
tggaaagtgt aaaacttctt tcgtctcccc tcacaattgg aaaagctaataaatctcgtag      1120
tgttatagaa                                     1130

```

<210> 118
 <211> 256
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 118

```

Met Ala Thr Ser Leu Ala Arg Ile Ser Lys Arg Ser Ile Thr Ser Ala
1      5      10      15

Val Ser Ser Asn Leu Ile Arg Arg Tyr Phe Ala Ala Glu Ala Val Ala
20     25     30

Val Ala Thr Thr Glu Thr Pro Lys Pro Lys Ser Gln Val Thr Pro Ser
35     40     45

Pro Asp Arg Val Lys Trp Asp Tyr Arg Gly Gln Arg Gln Ile Ile Pro
50     55     60

Leu Gly Gln Trp Leu Pro Lys Val Ala Val Asp Ala Tyr Val Ala Pro
65     70     75     80

Asn Val Val Leu Ala Gly Gln Val Thr Val Trp Asp Gly Ser Ser Val
85     90     95

Trp Asn Gly Ala Val Leu Arg Gly Asp Leu Asn Lys Ile Thr Val Gly
100    105    110

Phe Cys Ser Asn Val Gln Glu Arg Cys Val Val His Ala Ala Trp Ser
115    120    125

Ser Pro Thr Gly Leu Pro Ala Gln Thr Leu Ile Asp Arg Tyr Val Thr
130    135    140

Val Gly Ala Tyr Ser Leu Leu Arg Ser Cys Thr Ile Glu Pro Glu Cys
145    150    155    160

Ile Ile Gly Gln His Ser Ile Leu Met Glu Gly Ser Leu Val Glu Thr
165    170    175

```

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt
 Arg Ser Ile Leu Glu Ala Gly Ser Val Leu Pro Pro Gly Arg Arg Ile
 180 185 190

Pro Ser Gly Glu Leu Trp Gly Gly Asn Pro Ala Arg Phe Ile Arg Thr
 195 200 205

Leu Thr Asn Glu Glu Thr Leu Glu Ile Pro Lys Leu Ala Val Ala Ile
 210 215 220

Asn His Leu Ser Gly Asp Tyr Phe Ser Glu Phe Leu Pro Tyr Ser Thr
 225 230 235 240

Ile Tyr Leu Glu Val Glu Lys Phe Lys Lys Ser Leu Gly Ile Ala Ile
 245 250 255

<210> 119
 <211> 30
 <212> PRT
 <213> Штучна послідовність

<220>
 <223> STOMAGEN амінокислотна послідовність

<400> 119

Leu Leu Pro Gln Val His Leu Leu Asn Ser Arg Arg Arg His Met Ile
 1 5 10 15

Gly Ser Thr Ala Pro Thr Cys Thr Tyr Asn Glu Cys Arg Gly
 20 25 30

<210> 120
 <211> 75
 <212> PRT
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> amino acid sequence of EPF2-Long

<400> 120

His Lys Lys Glu Ile Ser Lys Asn Gly Gly Val Glu Met Glu Met Tyr
 1 5 10 15

Pro Thr Gly Ser Ser Leu Pro Asp Cys Ser Tyr Ala Cys Gly Ala Cys
 20 25 30

Ser Pro Cys Lys Arg Val Met Ile Ser Phe Glu Cys Ser Val Ala Glu
 35 40 45

Ser Cys Ser Val Ile Tyr Arg Cys Thr Cys Arg Gly Arg Tyr Tyr His
 50 55 60

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

val Pro Ser Arg Ala His His His His His
65 70 75

<210> 121
<211> 30
<212> PRT
<213> Штучна послідовність

<220>
<223> амінокислотна послідовність EPF1

<400> 121

Lys Arg Gln Arg Arg Arg Pro Asp Thr val Gln val Ala Gly Ser Arg
1 5 10 15

Leu Pro Asp Cys Ser His Ala Cys Gly Ser Cys Ser Pro Cys
20 25 30

<210> 122
<211> 30
<212> PRT
<213> Штучна послідовність

<220>
<223> амінокислотна послідовність EPF2

<400> 122

Ser Lys Asn Gly Gly Val Glu Met Glu Met Tyr Pro Thr Gly Ser Ser
1 5 10 15

Leu Pro Asp Cys Ser Tyr Ala Cys Gly Ala Cys Ser Pro Cys
20 25 30

<210> 123
<211> 20
<212> ДНК
<213> Штучна послідовність

<220>
<223> синтетичний олігонуклеотид

<400> 123

cgccgcgtgt tctttggtcg

20

<210> 124
<211> 23
<212> ДНК
<213> Штучна послідовність

<220>
<223> синтетичний олігонуклеотид

<400> 124

cggcgttttt cttttctccg cca

23

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

```

<210> 125
<211> 17
<212> ДНК
<213> Штучна послідовність

<220>
<223> синтетичний олігонуклеотид

<400> 125
atacgcgctg agttccc 17

<210> 126
<211> 16
<212> ДНК
<213> Штучна послідовність

<220>
<223> синтетичний олігонуклеотид

<400> 126
ctgactggcc ctgctt 16

<210> 127
<211> 23
<212> ДНК
<213> Штучна послідовність

<220>
<223> синтетичний олігонуклеотид

<400> 127
atggcagctc ctcatgtttc agc 23

<210> 128
<211> 24
<212> ДНК
<213> Штучна послідовність

<220>
<223> синтетичний олігонуклеотид

<400> 128
cgttgtttgt ttgagtcgct gttg 24

<210> 129
<211> 19
<212> PRT
<213> Штучна послідовність

<220>
<223> синтетичний пептид

<400> 129
Ser Lys Asn Gly Gly Val Glu Met Glu Met Tyr Pro Thr Gly Ser Ser
1 5 10 15

```


SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Leu Pro Asp

<210> 130
<211> 17
<212> PRT
<213> Штучна послідовність

<220>
<223> синтетичний пептид

<400> 130

Ser Lys Asn Gly Gly Val Glu Met Glu Met Tyr Pro Thr Gly Ser Ser
1 5 10 15

Leu

<210> 131
<211> 15
<212> PRT
<213> Штучна послідовність

<220>
<223> синтетичний пептид

<400> 131

Ser Lys Asn Gly Gly Val Glu Met Glu Met Tyr Pro Thr Gly Ser
1 5 10 15

<210> 132
<211> 15
<212> PRT
<213> Штучна послідовність

<220>
<223> синтетичний пептид

<400> 132

Thr Thr His Ser Trp Asp Phe Leu Lys Tyr Gln Thr Ser Val Lys
1 5 10 15

<210> 133
<211> 17
<212> PRT
<213> Штучна послідовність

<220>
<223> синтетичний пептид

<400> 133

Ala Val Ala Ser Ala Tyr Gly Ser Phe Pro Thr Thr Val Ile Asp Ser
1 5 10 15

SEQ-ID-PCT_USSN_61663071 _SCHROEDER_SD2012-290_ST25.txt

Lys

5

ФОРМУЛА ВИНАХОДУ

1. Спосіб зниження регулювання або зниження обміну діоксиду вуглецю (CO₂) та/або води в замикаючій клітині, кореневій клітині, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листку рослини, органі рослини, частині рослини або рослині, який включає в себе підвищення експресії в замикаючій клітині, кореневій клітині, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листку рослини, органі рослини, частині рослини або рослині апопластичного субтилізинподібного протеїну серинендопептидази, що містить в собі амінокислотну послідовність, яка має 85 % або більше

ідентичності, з амінокислотною послідовністю, що містить або складається з SEQ ID NO: 2 або SEQ ID NO: 4 за допомогою:

(1) забезпечення нуклеїнової кислоти, що кодує гетерологічний апопластичний субтилізинподібний протеїн серинендопептидази, що містить в собі амінокислотну послідовність, яка має 85 % або більше ідентичності, з амінокислотною послідовністю, що містить або складається з SEQ ID NO: 2 або SEQ ID NO: 4 та експресування зазначеної нуклеїнової кислоти в замикаючій клітині, кореневій клітині, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листку рослини, органі рослини, частині рослини або рослині; або

(2) підвищення експресії гомологічної нуклеїнової кислоти, що кодує апопластичний протеїн субтилізиноподібної серинендопептидазної родини, який містить в собі амінокислотну послідовність, яка має 85 % або більше ідентичності, з амінокислотною послідовністю, що містить або складається з SEQ ID NO: 2 або SEQ ID NO: 4; або

(3) комбінації (1) та (2).

2. Спосіб позитивного регулювання або підвищення обміну діоксиду вуглецю (CO₂) та/або води в замикаючій клітині, кореневій клітині, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листку рослини, органі рослини, частині рослини або рослині, який включає в себе зниження експресії в клітині замикаючої клітини, кореневої клітини, продихової лінії стадієспецифічної клітини, листка рослини, органа рослини, частини рослини або рослини, нуклеїнової кислоти, яка кодує апопластичний субтилізинподібний протеїн серинендопептидази, що містить в собі амінокислотну послідовність, яка має 85 % або більше ідентичності, з амінокислотною послідовністю, що містить або складається з SEQ ID NO: 2 або SEQ ID NO: 4 за допомогою:

(1) забезпечення гетерологічної антисмислової, іРНК, міРНК або штучної мікроРНК (міРНК), інгібіторної до нуклеїнової кислоти, що кодує зазначений апопластичний субтилізинподібний протеїн серинендопептидази, та експресування гетерологічної антисмислової, іРНК, міРНК або штучної мікроРНК в замикаючій клітині, кореневій клітині, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листку рослини, органі рослини, частині рослини або рослині;

(2) зниження експресії гомологічної нуклеїнової кислоти, що кодує зазначений апопластичний субтилізинподібний протеїн серинендопептидази; або

(3) комбінації (1) та (2).

3. Спосіб за п. 1 або п. 2, в якому апопластичний субтилізиноподібний протеїн серинендопептидази, кодується нуклеотидною послідовністю, що містить або складається з нуклеотидної послідовності з SEQ ID NO: 1.

4. Спосіб за будь-яким з пп. 2-3, в якому позитивне регулювання або підвищення обміну діоксиду вуглецю (CO₂) та/або води в замикаючій клітині, кореневій клітині, продиховій лінії стадієспецифічної клітини, листку рослини, органі рослини, частині рослини або рослині включає:

(а) забезпечення:

(i) нуклеїнової кислоти, інгібіторної до експресії нуклеїнової кислоти, що експресує апопластичний субтилізиноподібний протеїн серинендопептидази; та/або

(ii) нуклеїнової кислоти, інгібіторної до експресії гена, кДНК або мРНК, що кодує зазначений апопластичний субтилізиноподібний протеїн серинендопептидази; і

(b) експресування зазначеної нуклеїнової кислоти, інгібіторної до експресії зазначеного апопластичного субтилізиноподібного протеїну серинендопептидази, що експресує нуклеїнову кислоту, ген, кДНК або мРНК в замикаючій клітині.

5. Спосіб за будь-яким одним з пп. 2-4, в якому нуклеїнова кислота, інгібіторна до експресії нуклеїнової кислоти, яка експресує зазначений апопластичний субтилізиноподібний протеїн серинендопептидази, містить:

(1) нуклеотидну послідовність зі щонайменше 19 нуклеотидами, яка має щонайменше 90 % ідентичності послідовності з нуклеотидною послідовністю, яка кодує зазначений апопластичний субтилізиноподібний протеїн серинендопептидази; або

(2) повністю комплементарну послідовність з нуклеотидною послідовністю (1), або в якому нуклеїнова кислота, інгібіторна до експресії нуклеїнової кислоти, що експресує зазначений апопластичний субтилізиноподібний протеїн серинендопептидази, містить:

(3) нуклеотидну послідовність зі щонайменше 19 нуклеотидами, яка має щонайменше приблизно 90 % ідентичності послідовності з нуклеотидною послідовністю з SEQ ID NO: 1; або

(4) повністю комплементарну послідовність нуклеотидної послідовності (3).

6. Спосіб підвищення кількості продихових пор порівняно із загальною кількістю клітин, підвищення продихової щільності, продихового індексу та/або продихового розміру в рослині, частині рослини, органі рослини, листку рослини, який включає зниження експресії в рослині, замикаючій клітині, клітині рослини, листку рослини, органі рослини або частині рослини гена, кДНК або мРНК, що кодує апопластичний субтилізиноподібний протеїн серинендопептидази, що містить в амінокислотну

послідовність, що має 85 % або більше ідентичності послідовності, яка містить або складається з SEQ ID NO: 2 або SEQ ID NO: 4; шляхом експресування нуклеїнової кислоти, інгібіторної до експресії зазначеного апопластичного субтилізиноподібного протеїну серинендопептидази, що експресує нуклеїнову кислоту, ген, кДНК або мРНК, як описується в будь-якому з пп. 2-5 в рослині, замикаючій клітині, клітині рослини, листку рослини, органі рослини або частині рослини.

7. Спосіб за п. 6, в якому зниження експресії відбувається в рослинній замикаючій клітині або в її клітині-попереднику.

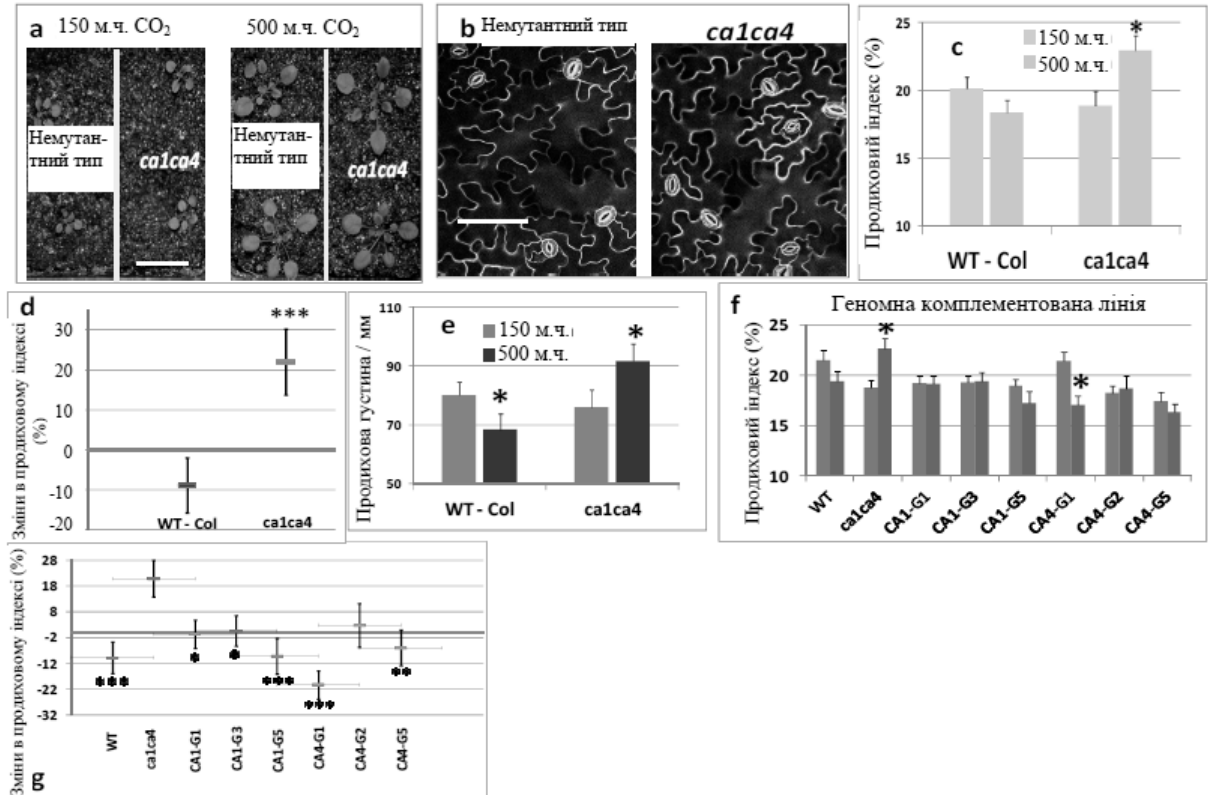
8. Спосіб зниження кількості продихових пор порівняно із загальною кількістю клітин, зниження продихової щільності, продихового індексу та/або продихового розміру в рослині, частині рослини, органі рослини, листку рослини, які включають експресування в рослині, замикаючій клітині, клітині рослини, листку рослини, органі рослини або частині рослини гена кДНК або мРНК, що кодує апопластичний субтилізиноподібний протеїн серинендопептидази, який містить амінокислотну послідовність, що має 85 % або більше ідентичності з амінокислотною послідовністю, яка містить або складається з SEQ ID NO: 2 або SEQ ID NO: 4.

9. Спосіб за будь-яким одним з пп. 1-8, в якому рослина або замикаюча клітина, клітина рослини, частина рослини або орган рослини, виділяють та/або одержують з: пшениці, вівса, жита, ячменю, рису, сорго, маїсу (кукурудзи), тютюну, бобової рослини, картоплі, цукрового буряку, гороху, квасолі, сої, хрестоцвітної рослини, цвітної капусти, рапсу (або турнепсу, або каноли), тростини (цукрової тростини), льону, бавовнику, пальми, арахісу, дерева, тополі, люпину, бавовняного дерева, пустельної верби, креозотного чагарника, білолізника шерстистого, бальзи, рамі, кенафу, коноплі, розели, джуту або абаки.

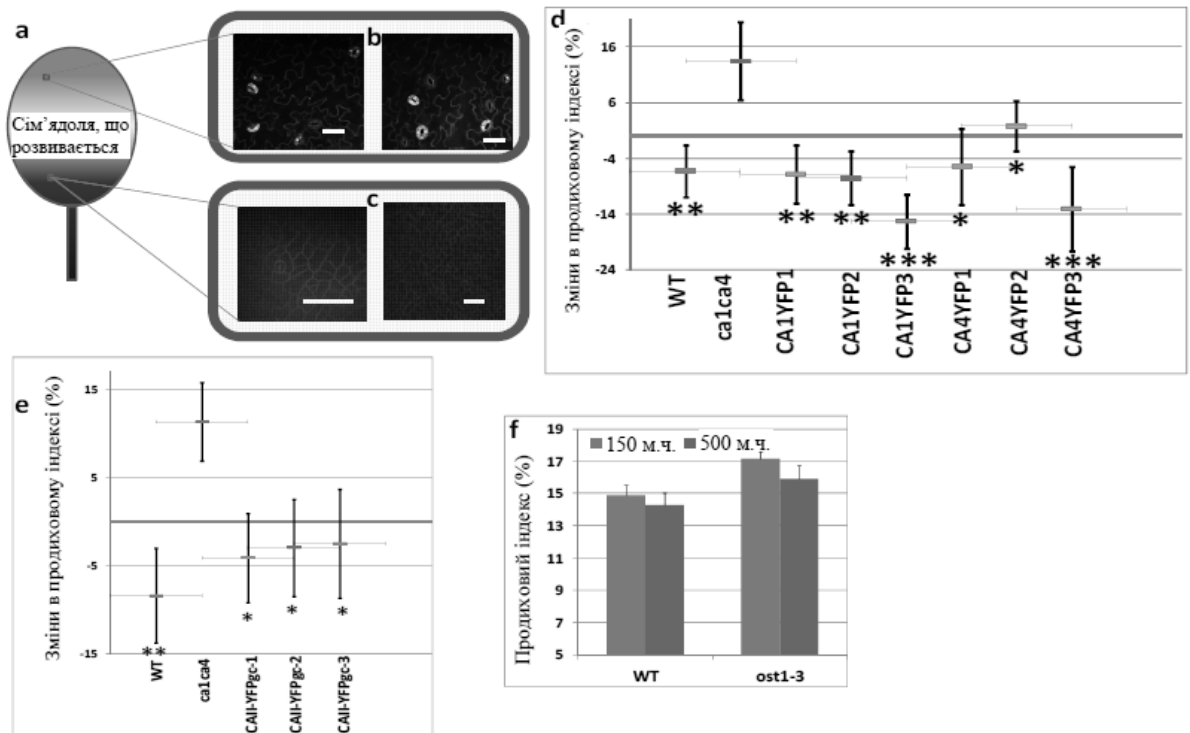
10. Спосіб за будь-яким з пп. 1-8, в якому рослину або замикаючу клітину, клітину рослини, частину рослини або орган рослини виділяють та/або одержують з виду з родів *Anacardium*, *Arachis*, *Asparagus*, *Atropa*, *Avena*, *Brassica*, *Citrus*, *Citrullus*, *Capsicum*, *Carthamus*, *Cocos*, *Coffea*, *Cucumis*, *Cucurbita*, *Daucus*, *Elaeis*, *Fragaria*, *Glycine*, *Gossypium*, *Helianthus*, *Heterocallis*, *Hordeum*, *Hyoscyamus*, *Lactuca*, *Linum*, *Lolium*, *Lupinus*, *Lycopersicon*, *Malus*, *Man[iota]hot*, *Majorana*, *Medicago*, *Nicotiana*, *Olea*, *Oryza*, *Panieum*, *Pannisetum*, *Persea*, *Phaseolus*, *Pistachia*, *Pisum*, *Pyrus*, *Prunus*, *Raphanus*, *Ricinus*, *Secale*, *Senecio*, *Sinapis*, *Solanum*, *Sorghum*, *Theobromus*, *Trigonella*, *Triticum*, *Vicia*, *Vitis*, *Vigna* або *Zea*.

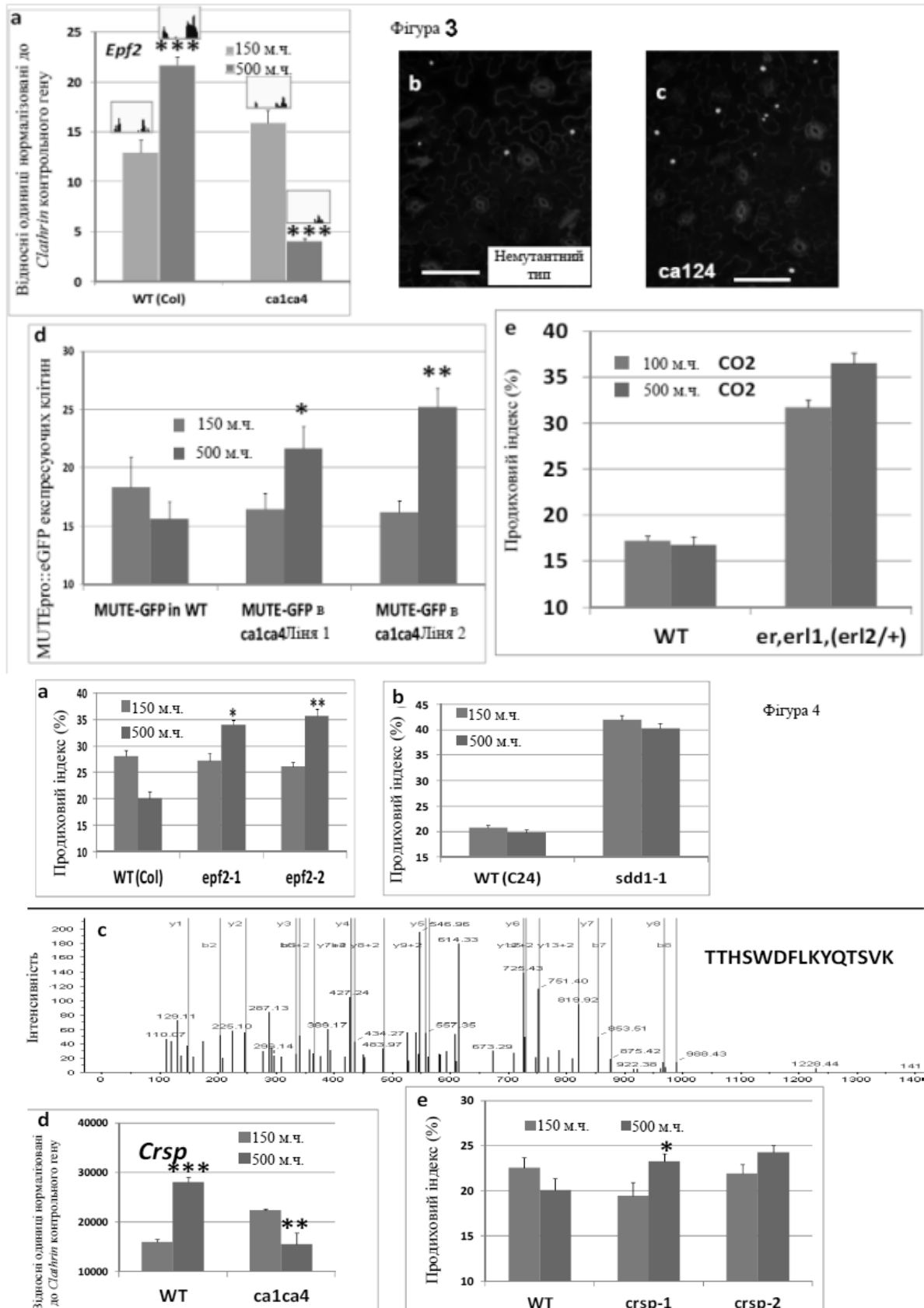
11. Спосіб видозміни щільності продихових клітин, який включає вибір рослини, яка містить заміщення, делецію або вставку одного або більше нуклеотидів в ендегенному гені, який кодує апопластичний субтилізиноподібний протеїн серинендопептидази, що містить амінокислотну послідовність, яка має 85 % або більше ідентичності послідовності з амінокислотною послідовністю, що містить або складається з SEQ ID NO: 2 або SEQ ID NO: 4, і де зазначене заміщення, делеція або вставка в результаті призводять до коду, що кодує нефункціональний протеїн або укорочений протеїн, або не протеїн зовсім.

Фігура 1



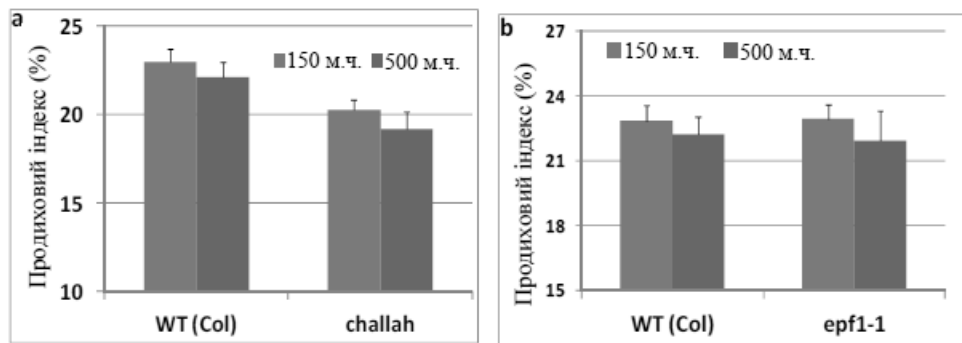
Фігура 2





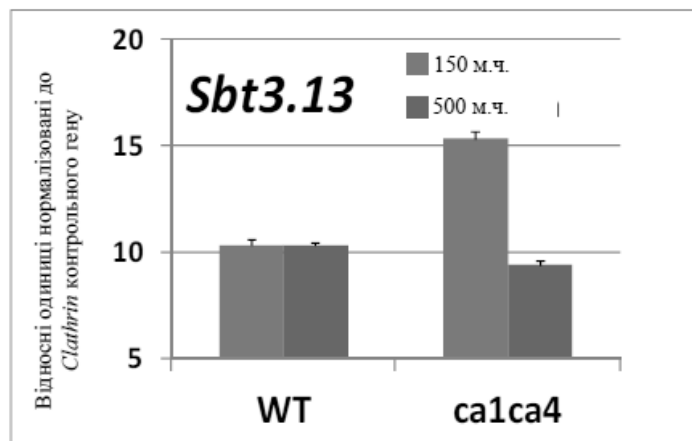
Фігура 5

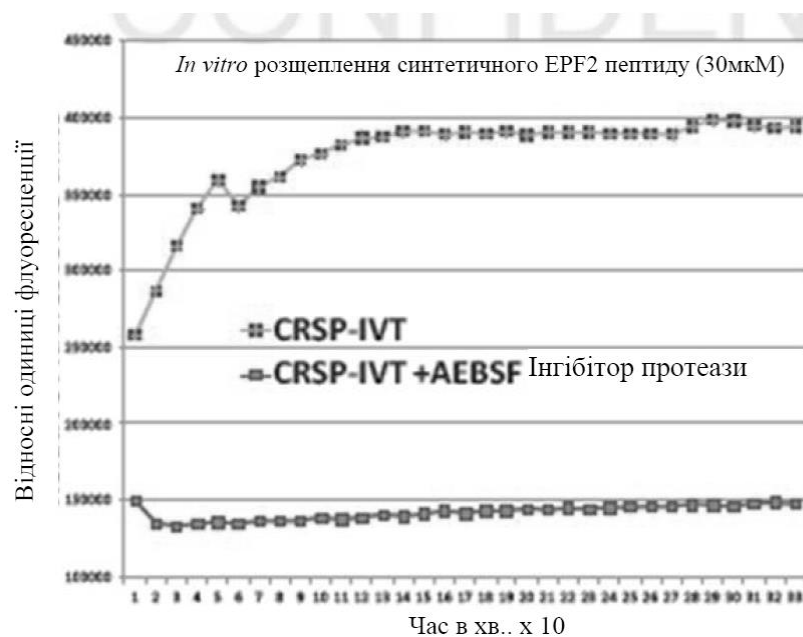
epf1-1 (a) та *challah* (b)



Фігура 6

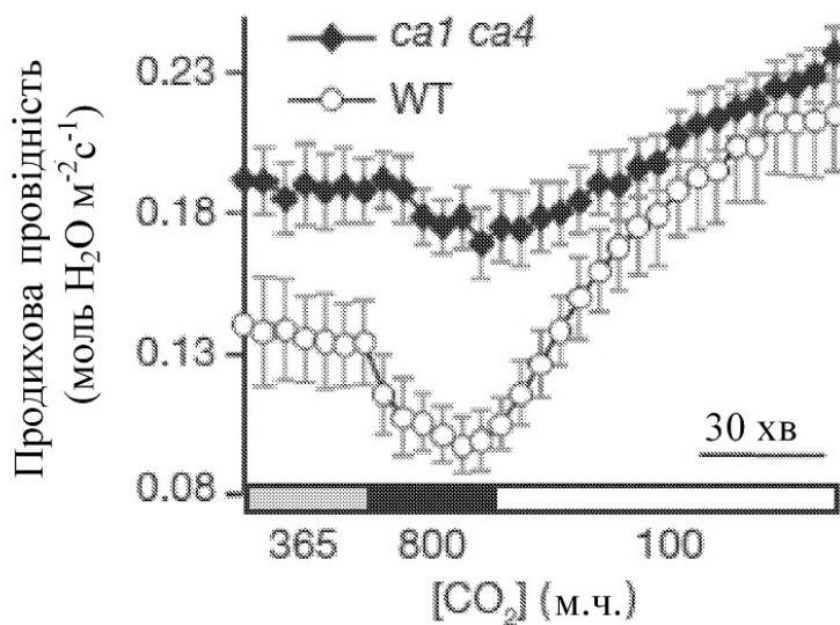
qPCR дані для *Sbt3.13*:



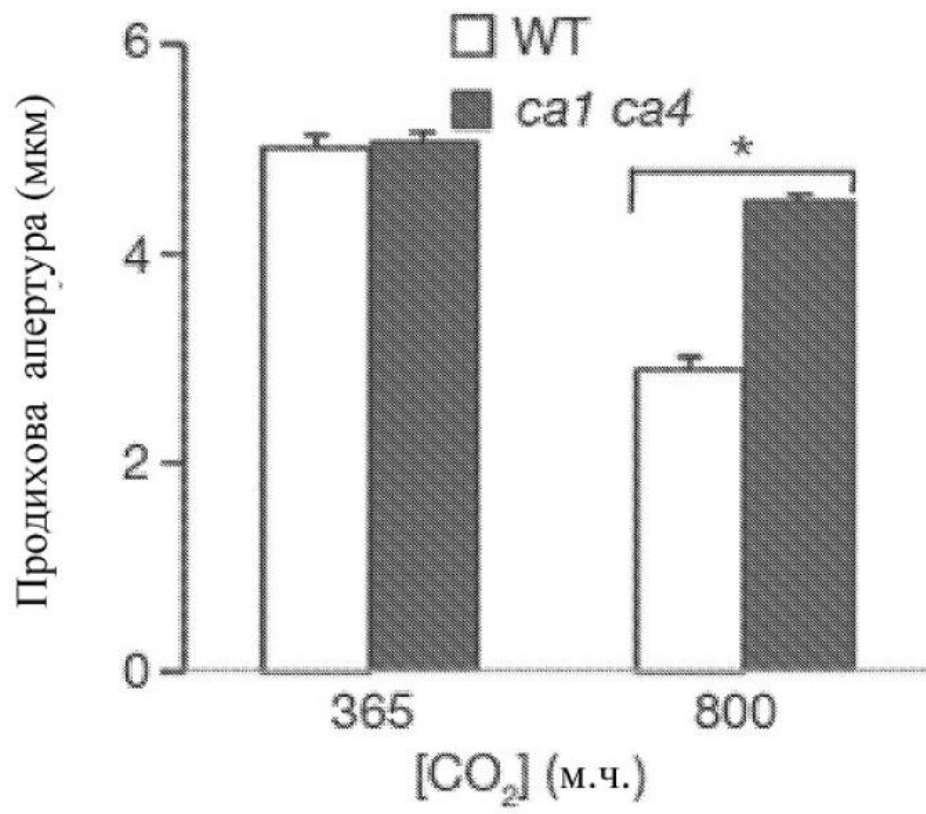


Фіг. 7

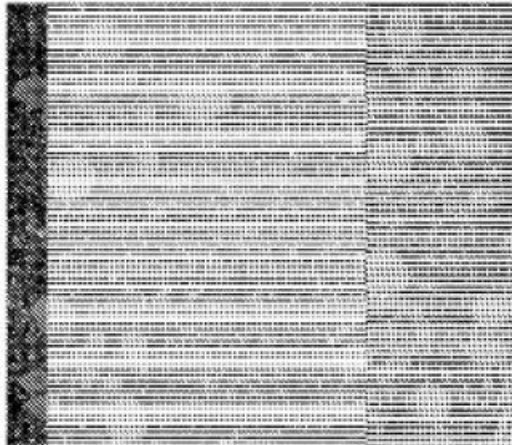
Фігура 8А



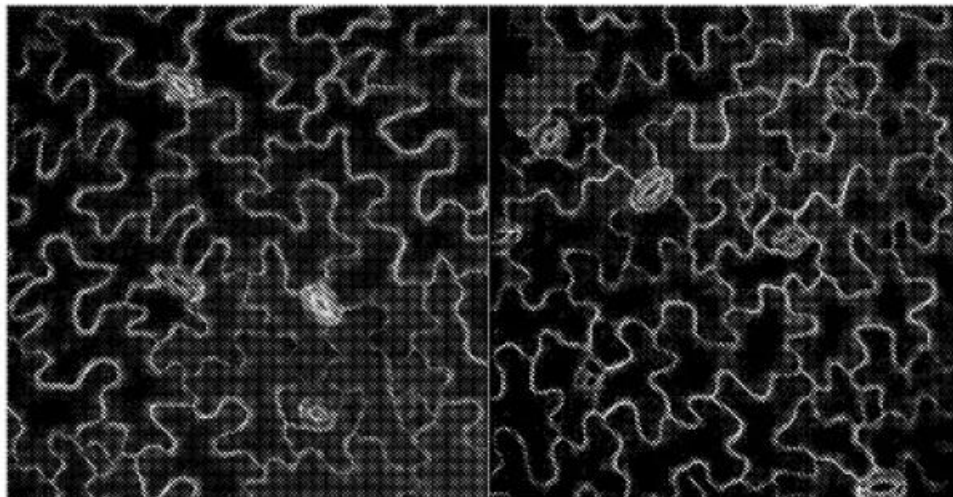
Фігура 9



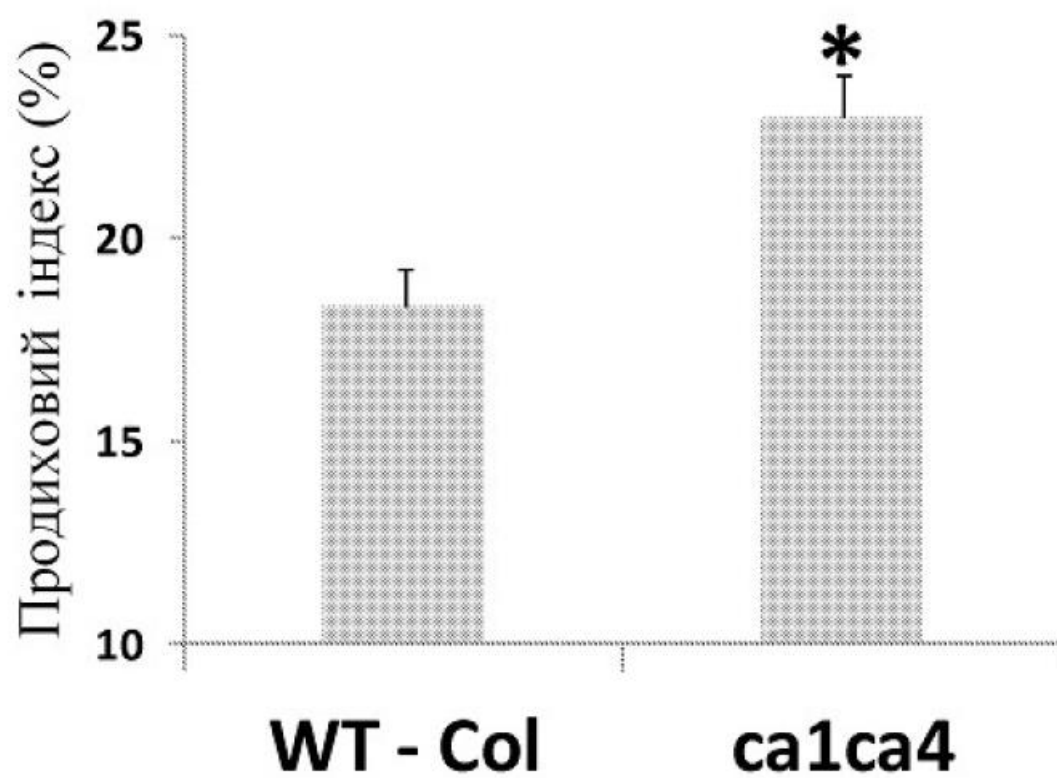
Фігура 10А



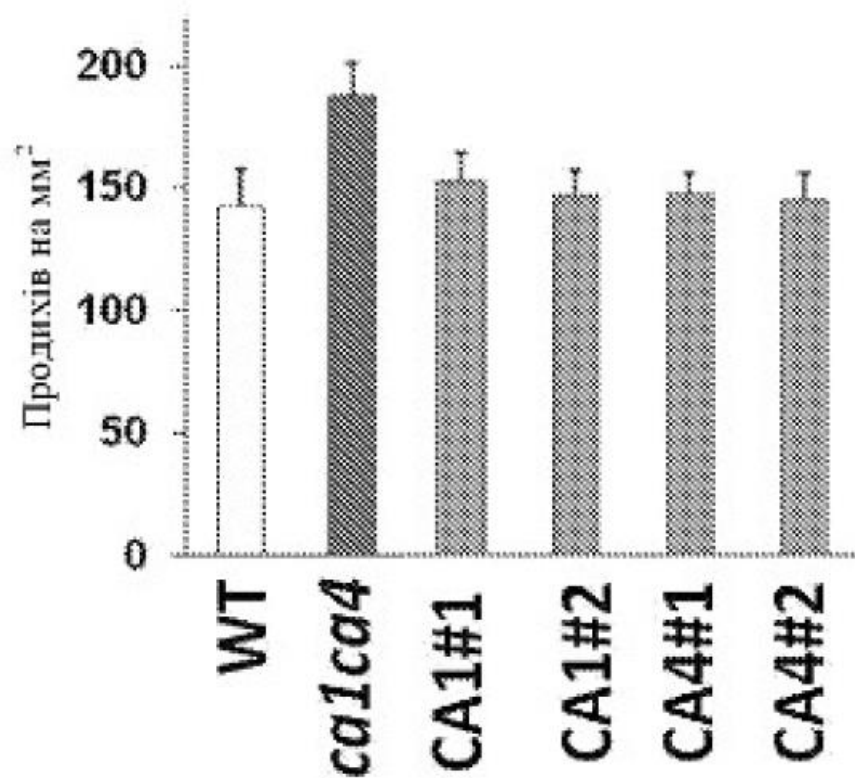
Фігура 10В



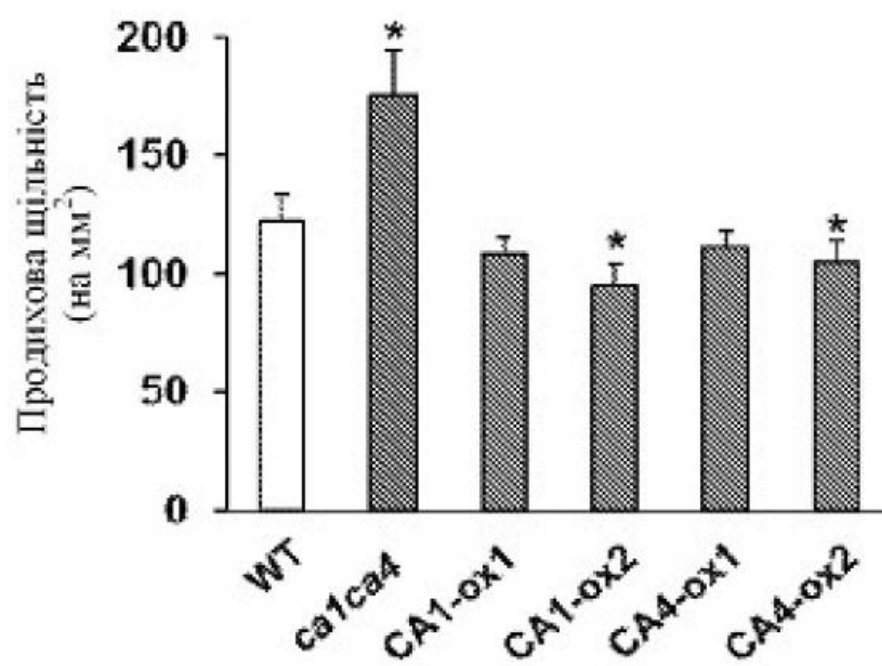
Фігура 10С



Фігура 11А

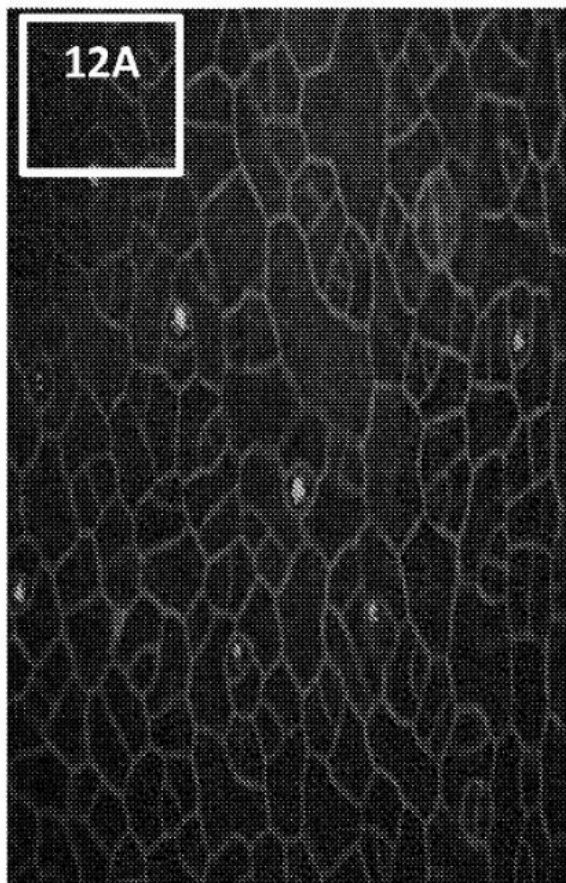


Фігура 11В

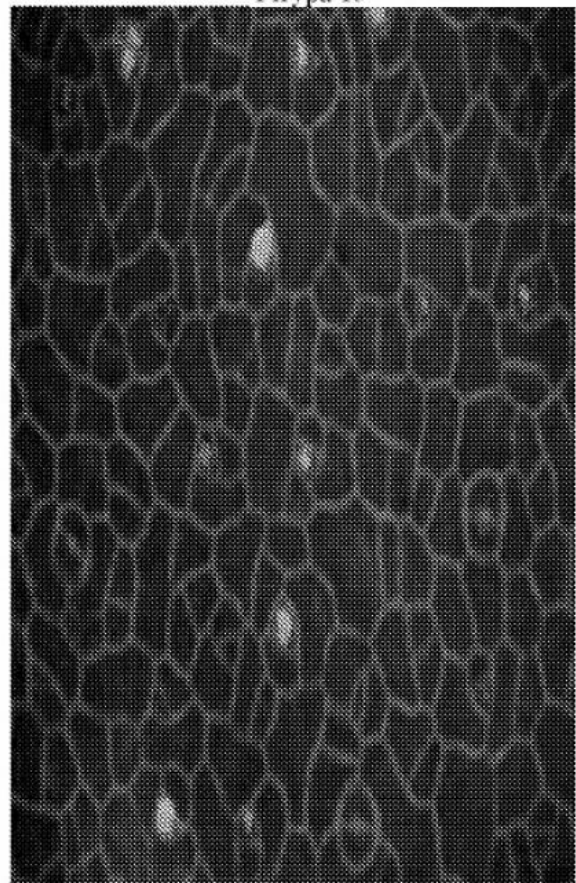


Фігура 12А

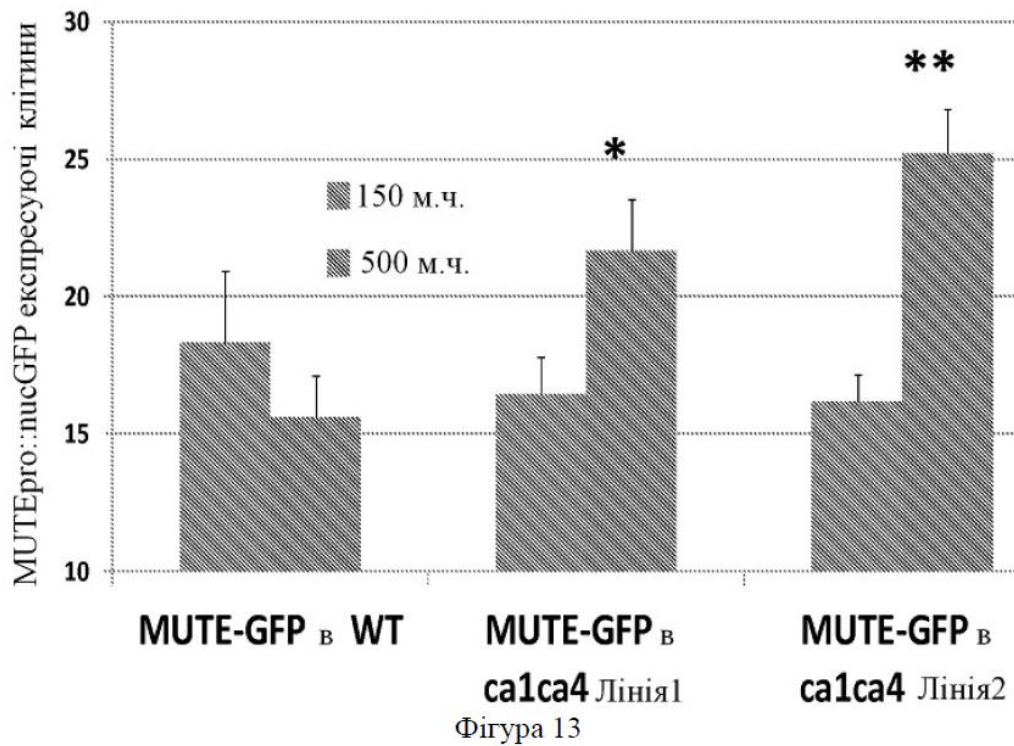
MUT_{Ergo::nucGFP} експресуючі
епідермальні клітини (зелені) в:
Немутантному типі
cal24



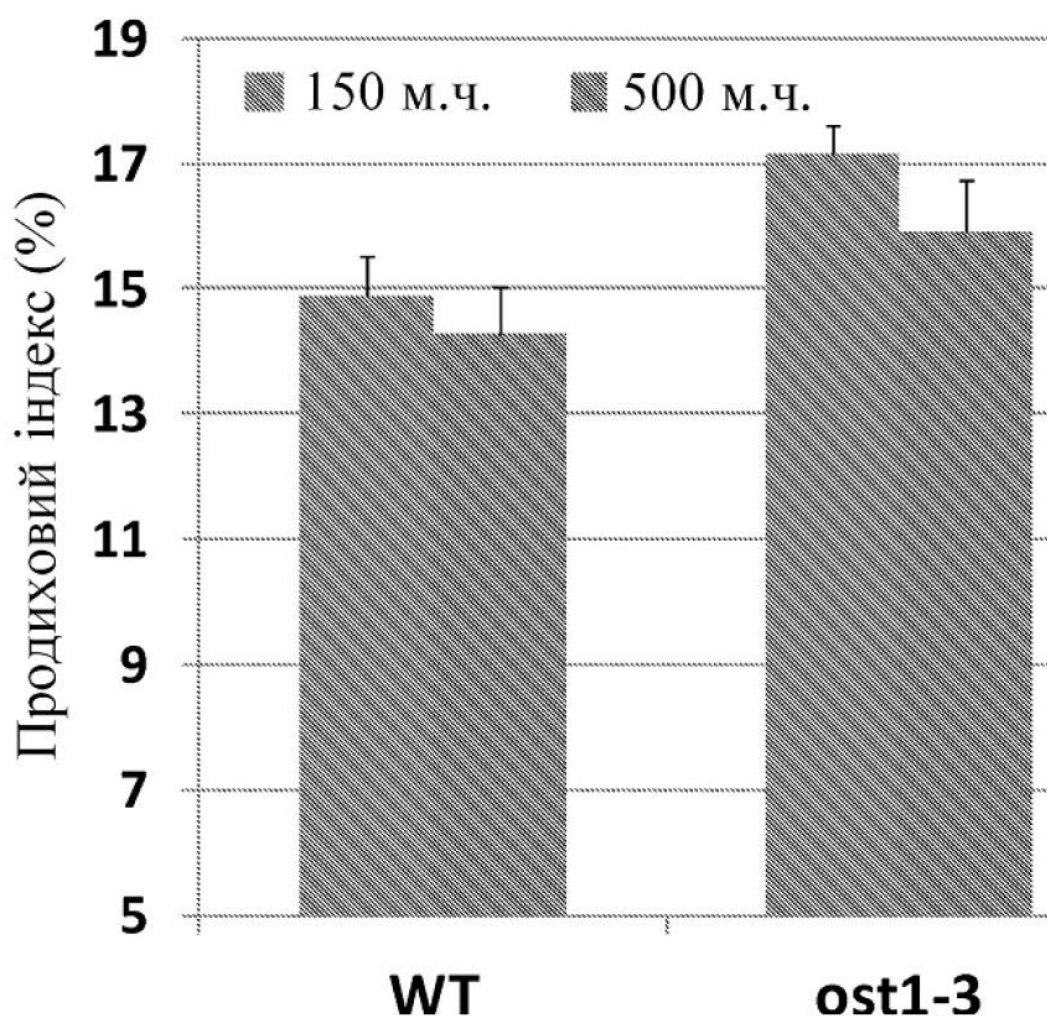
Фігура 13



Фігура 12В

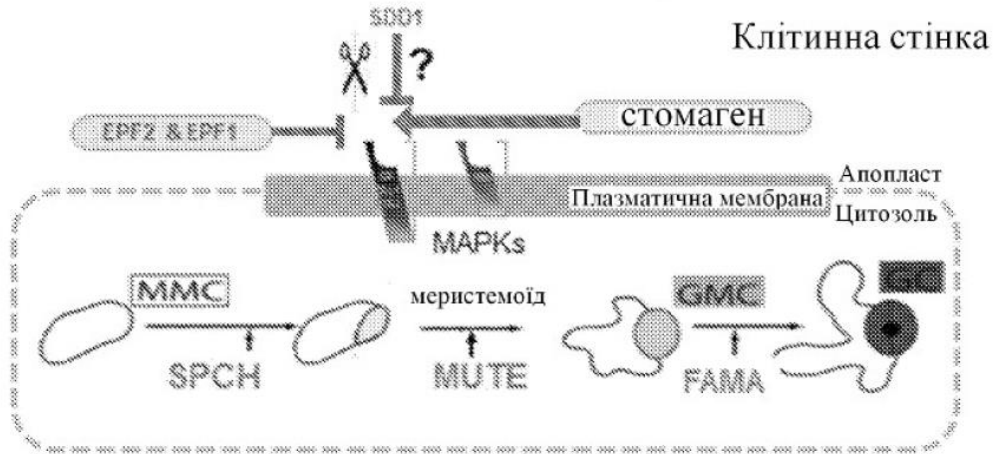


Фігура 14

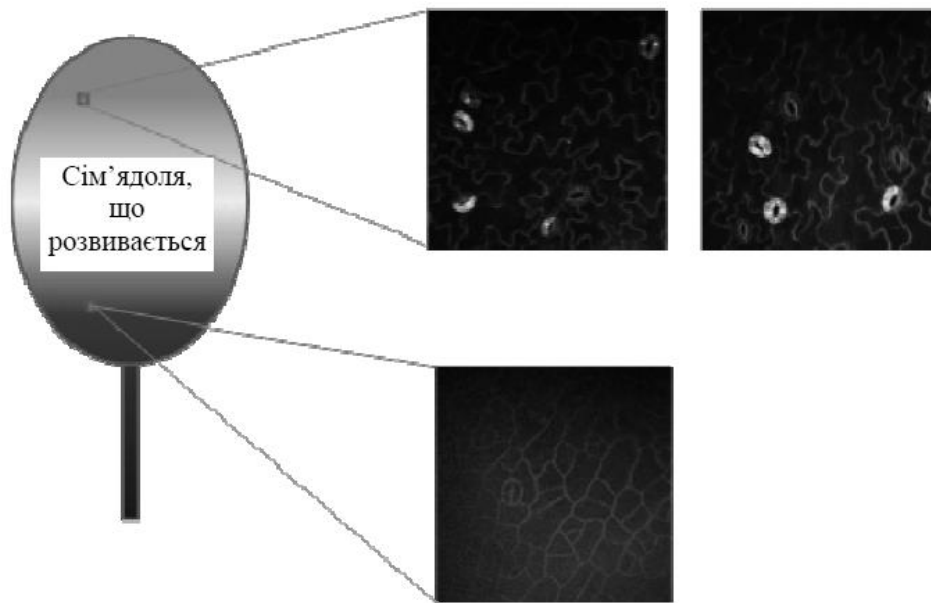


Фігура 15

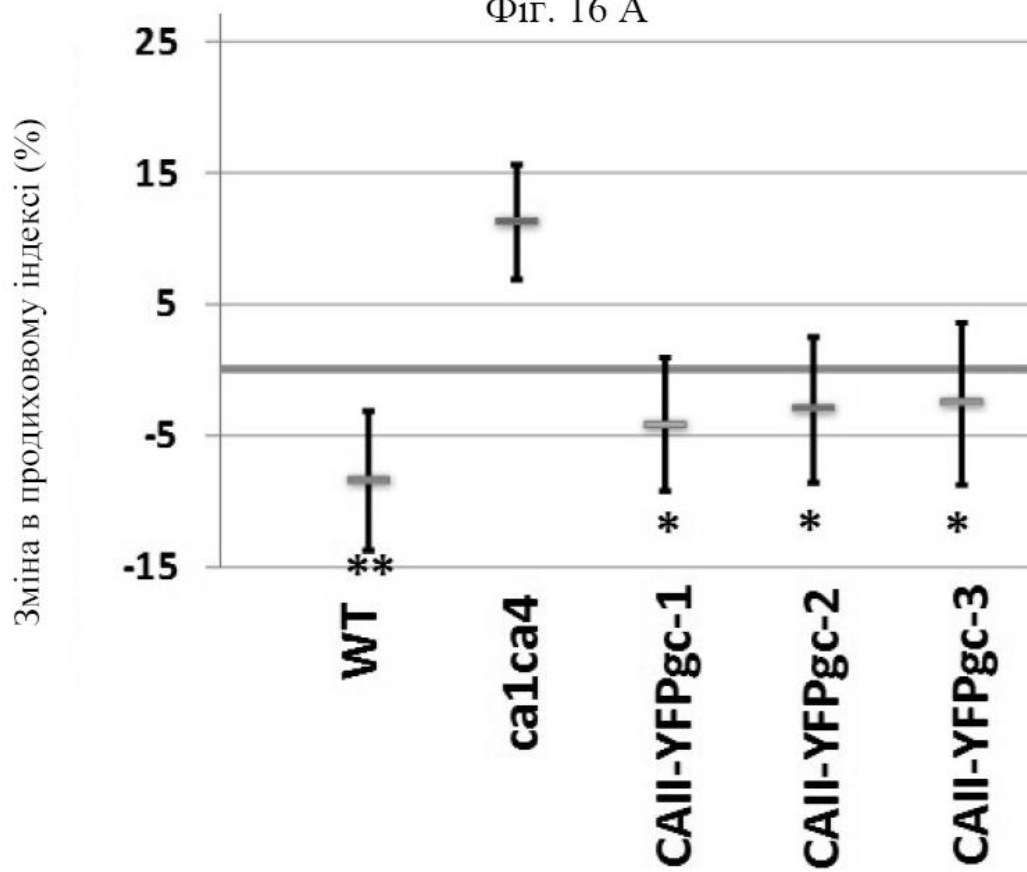
Жировий механізм продихової клітини



Модельовано в лабораторії D. Bergmann, K. Torii, F. Sack,
T. Altmann, Kakimoto, J. Gray, Hara-Nishimura, Sakagami *et al.*

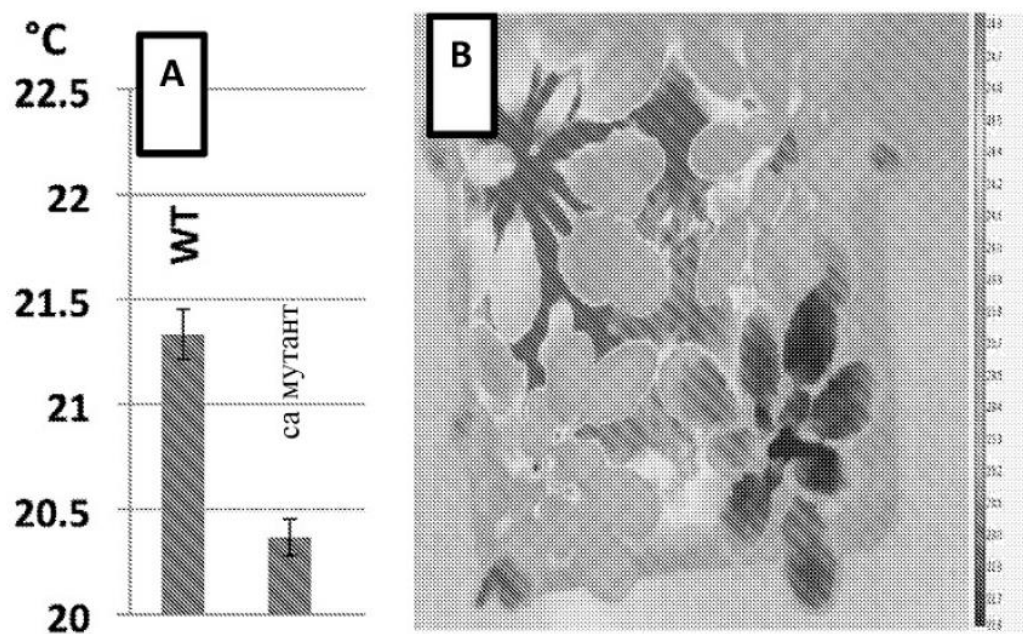


Фіг. 16 А

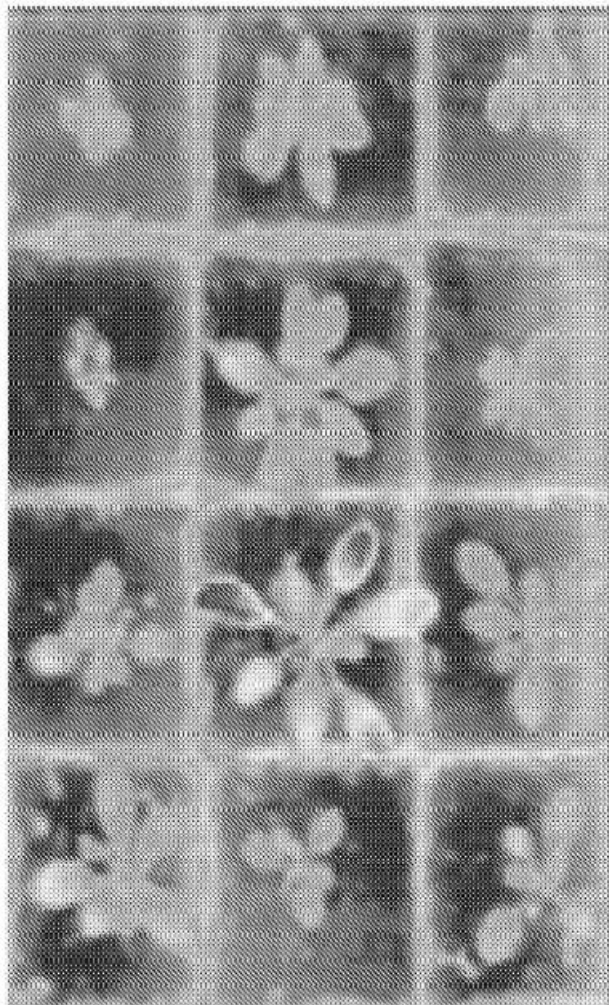


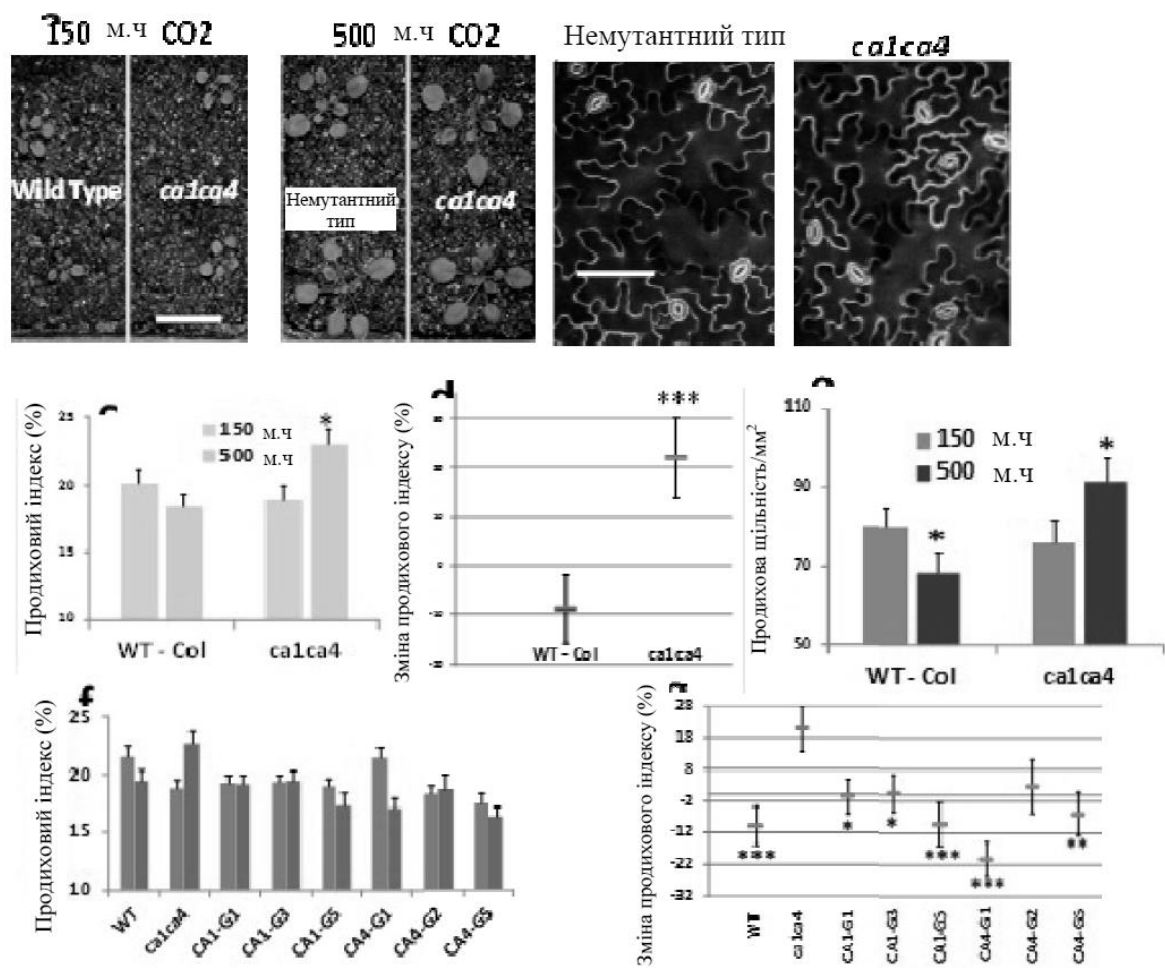
Фіг. 16 В

Фігура 17А та фігура 17В

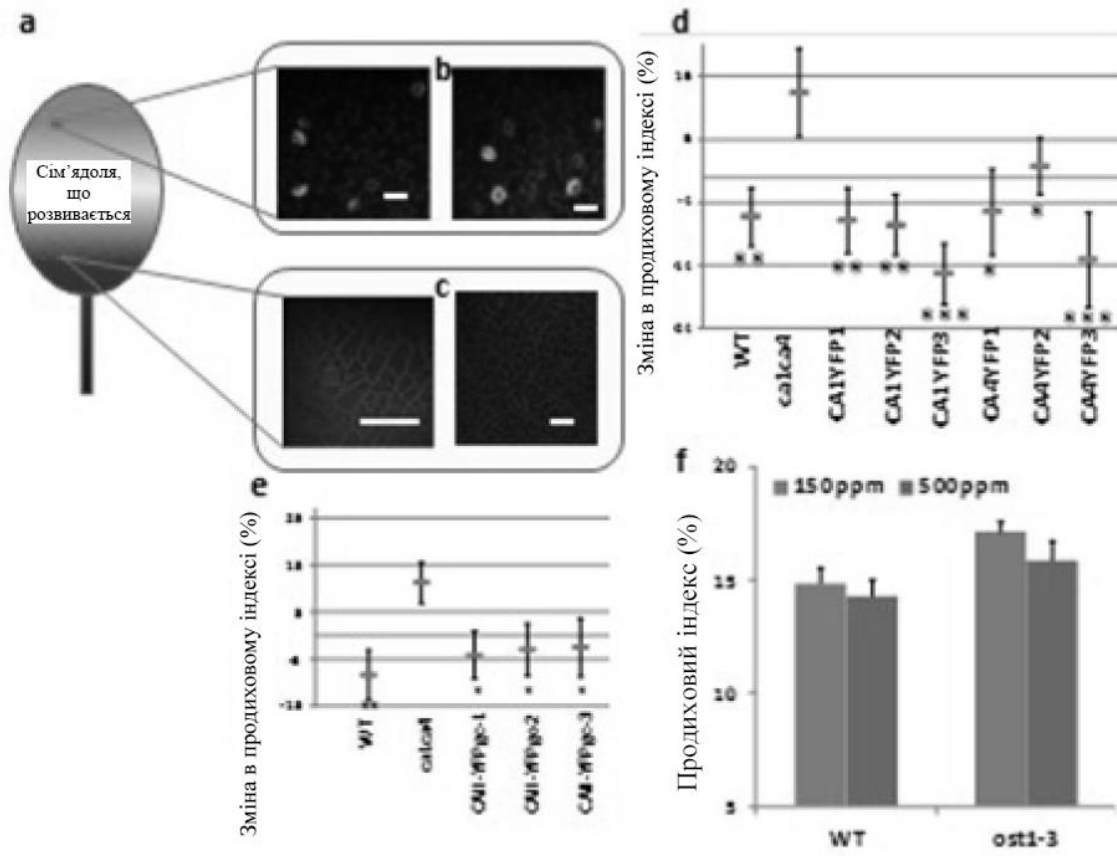


Φίγυρα 17C

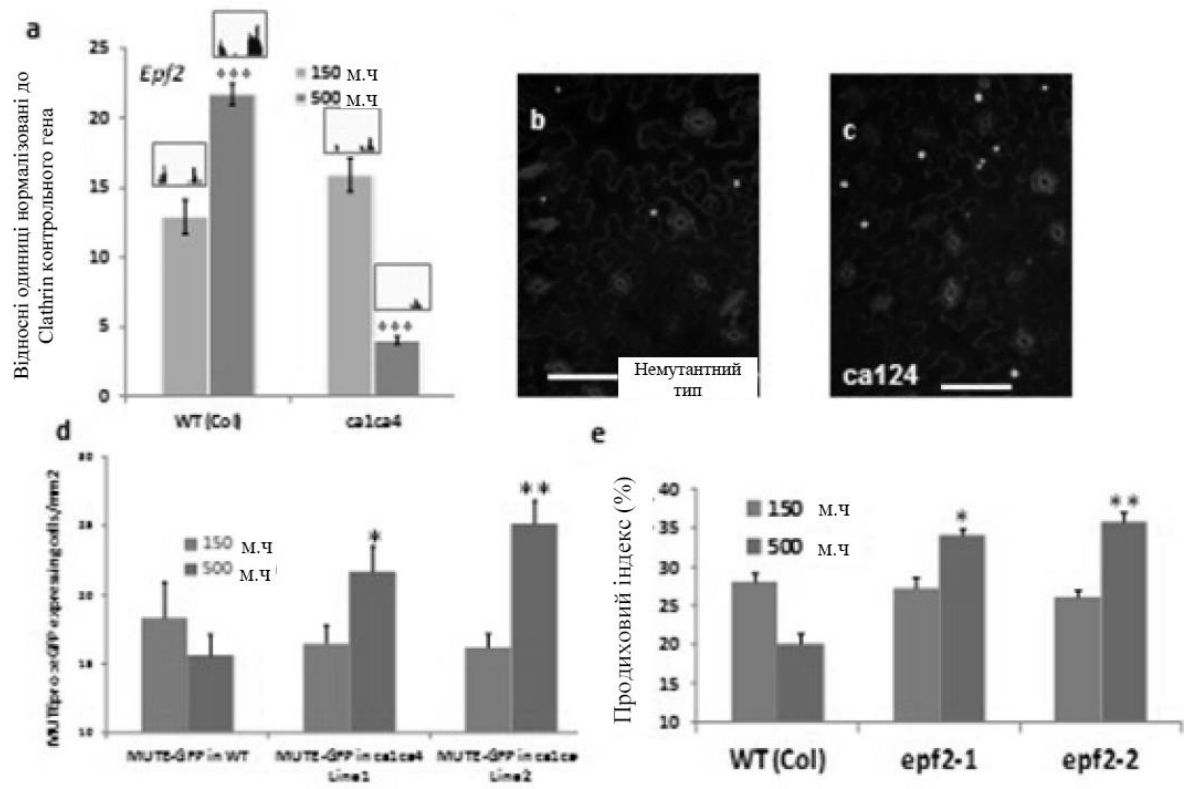




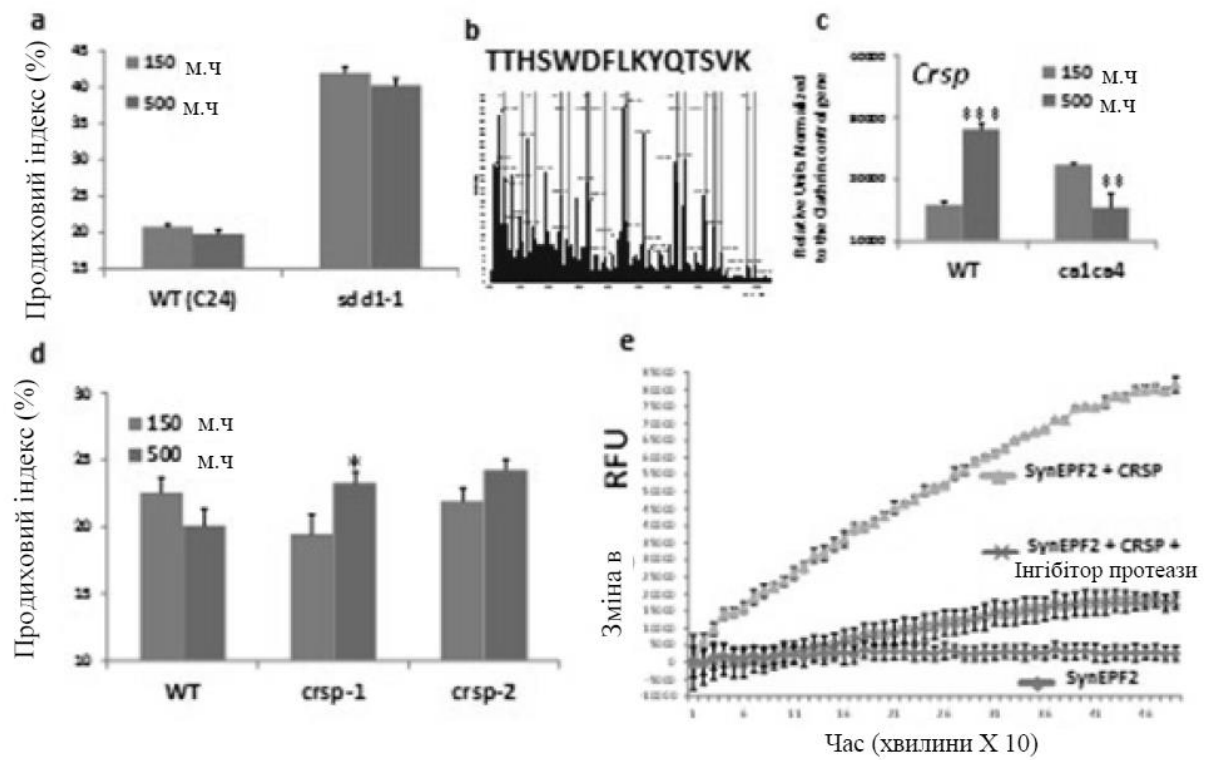
Фіг. 18



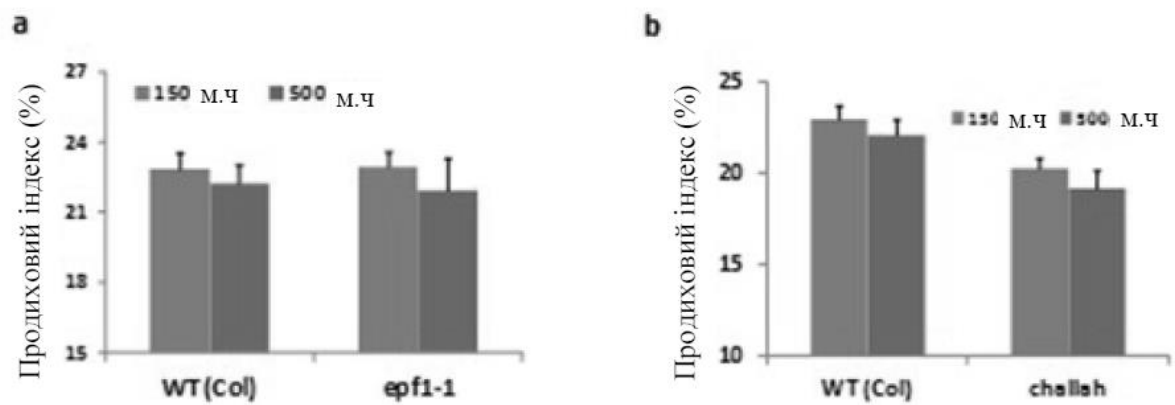
Фіг. 19



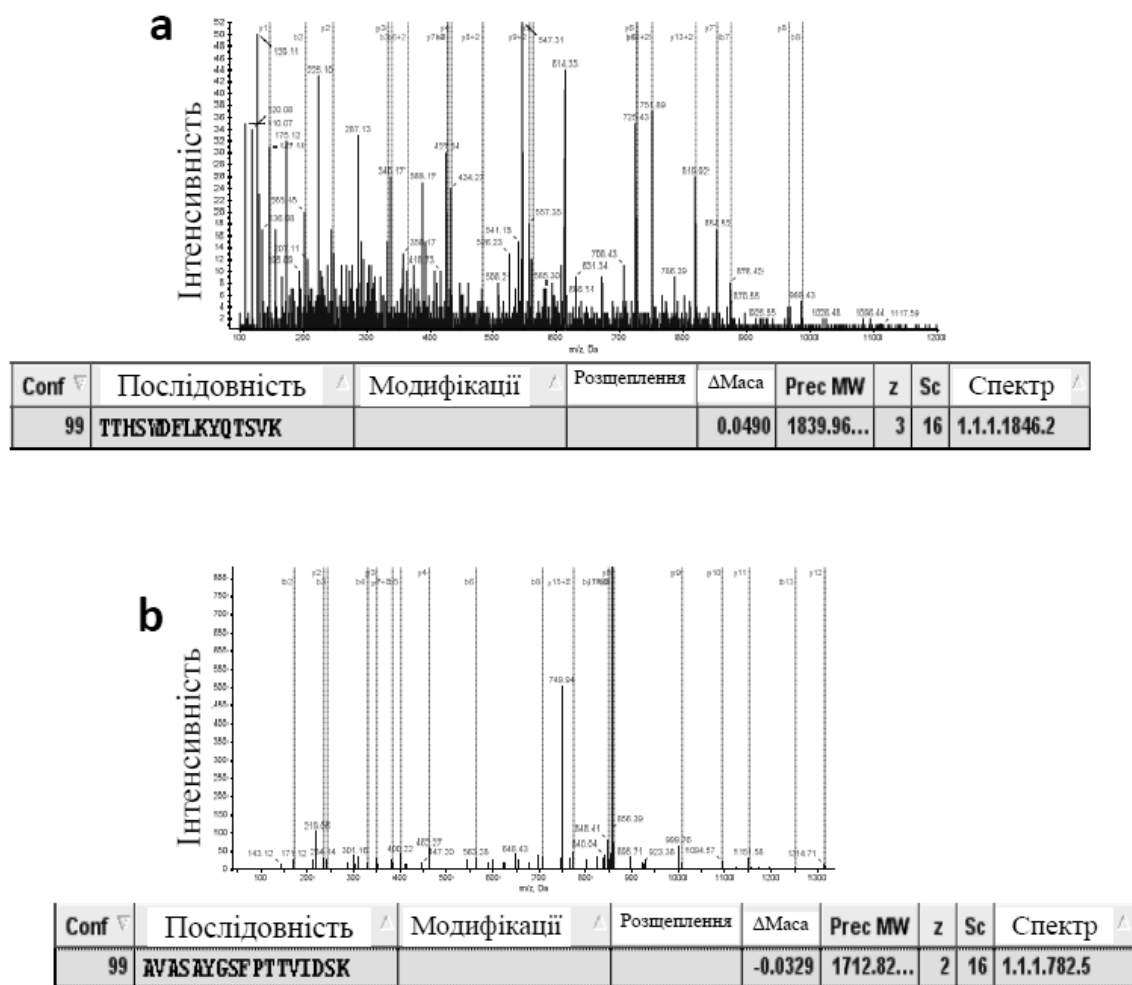
Фіг. 20



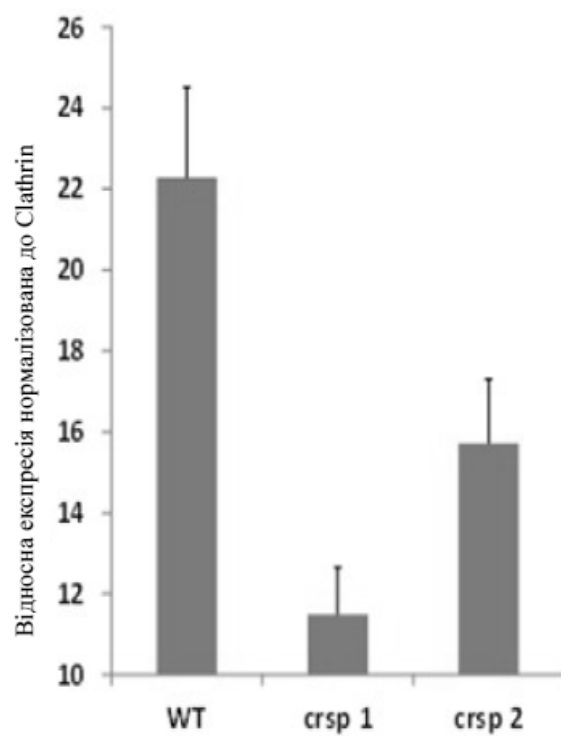
Фіг. 21



Фіг. 22

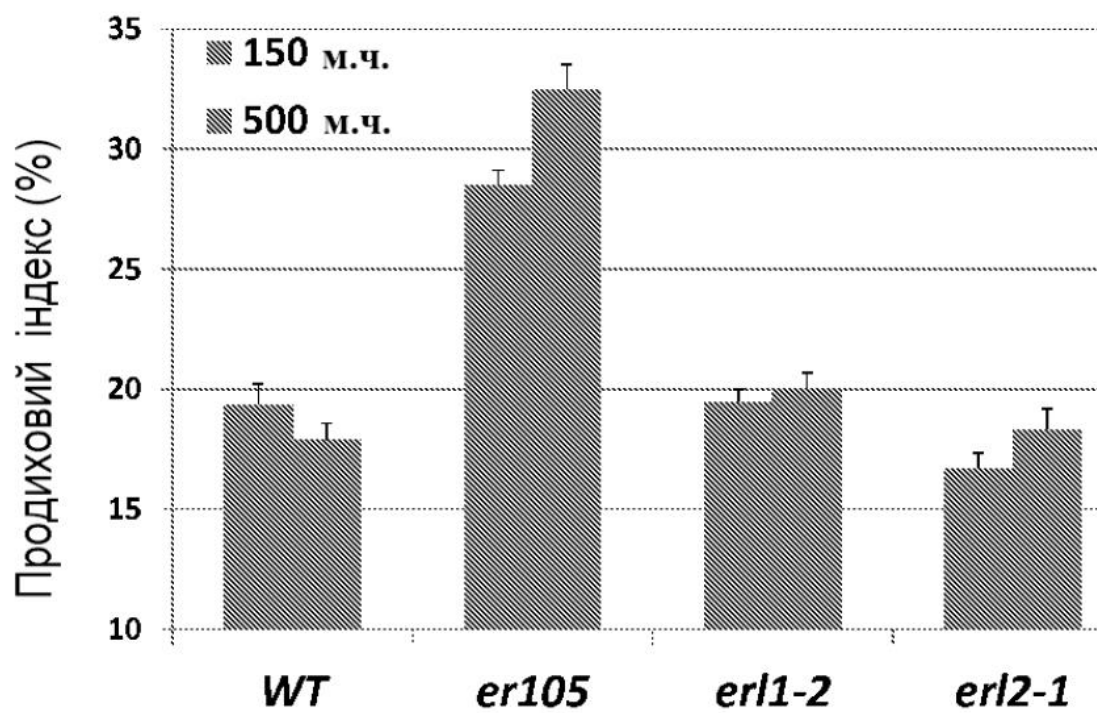


Фіг. 23

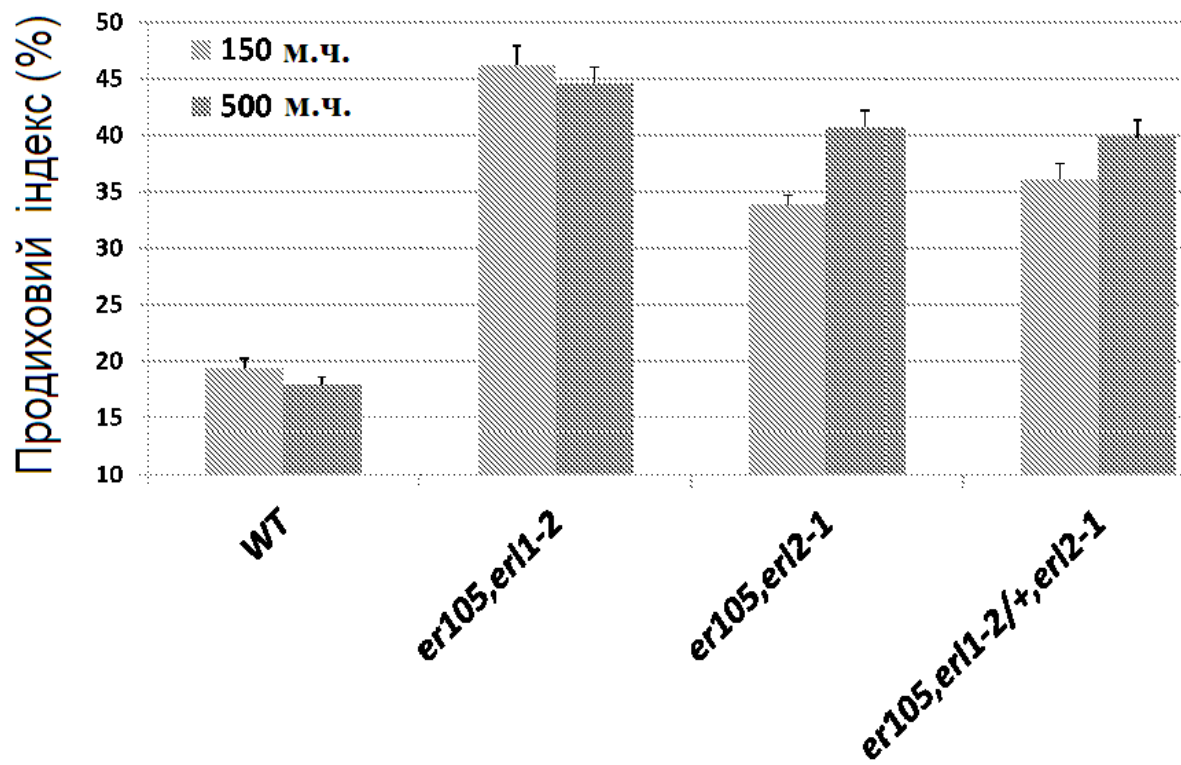


Фіг. 24

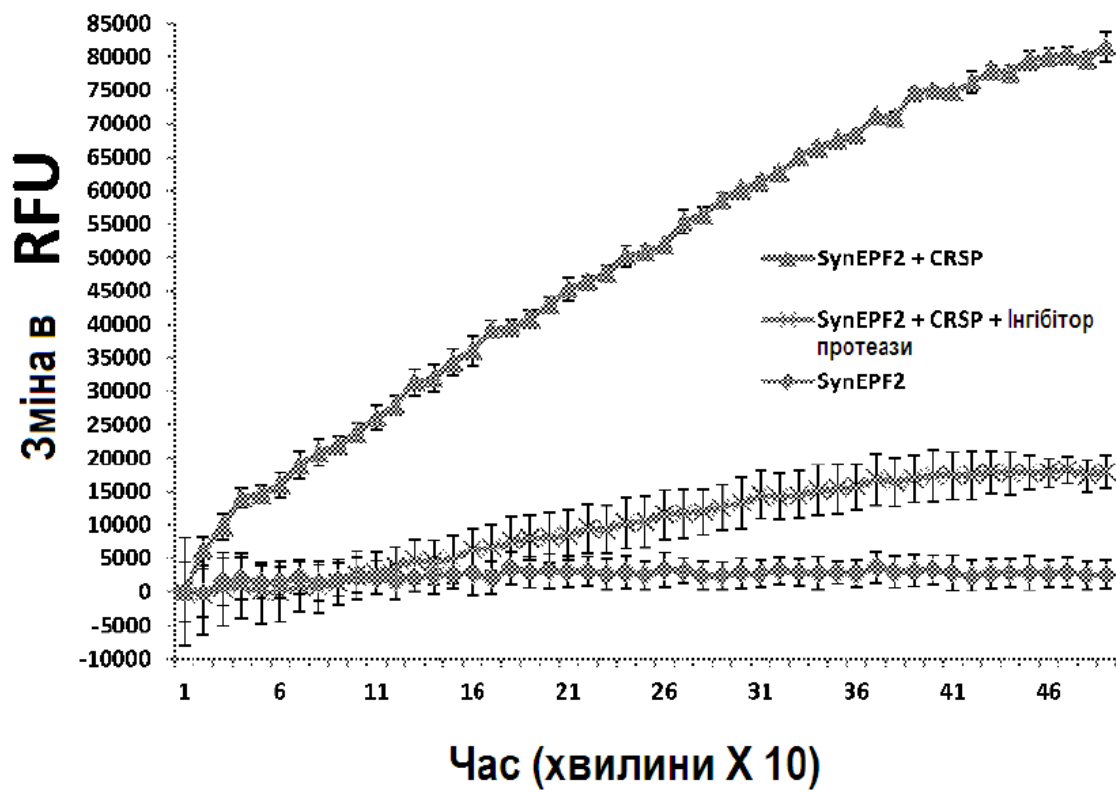
Фігура 25



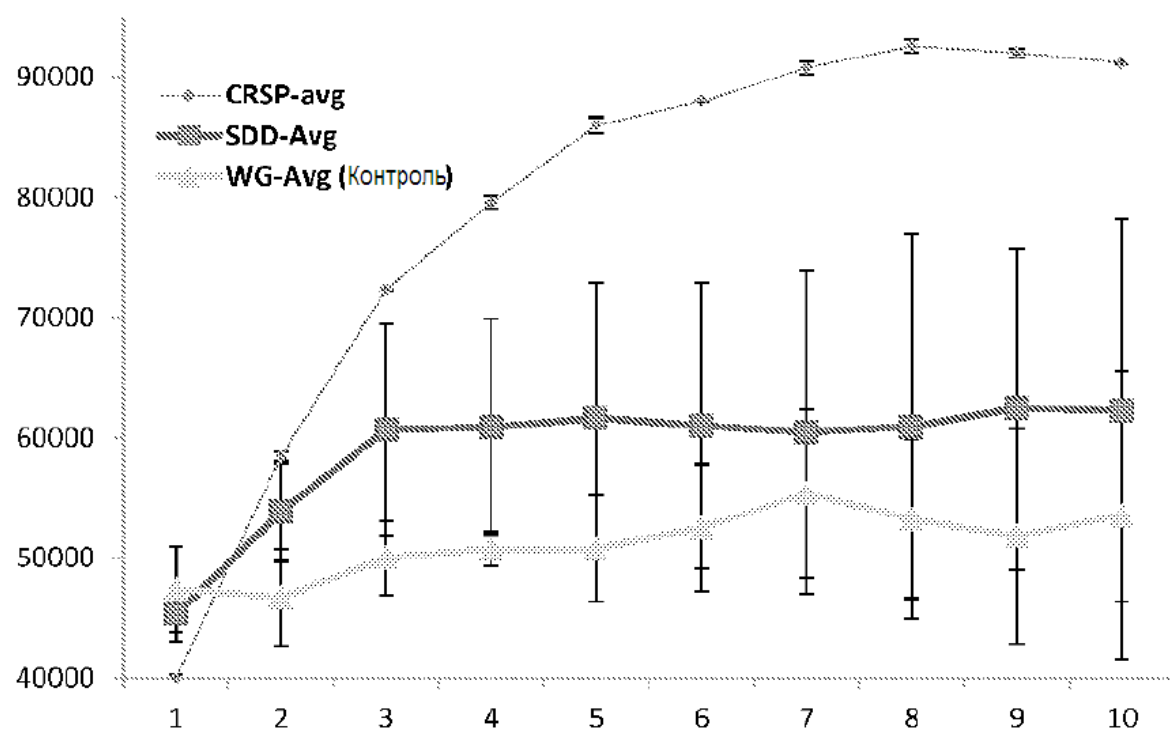
Фігура 26



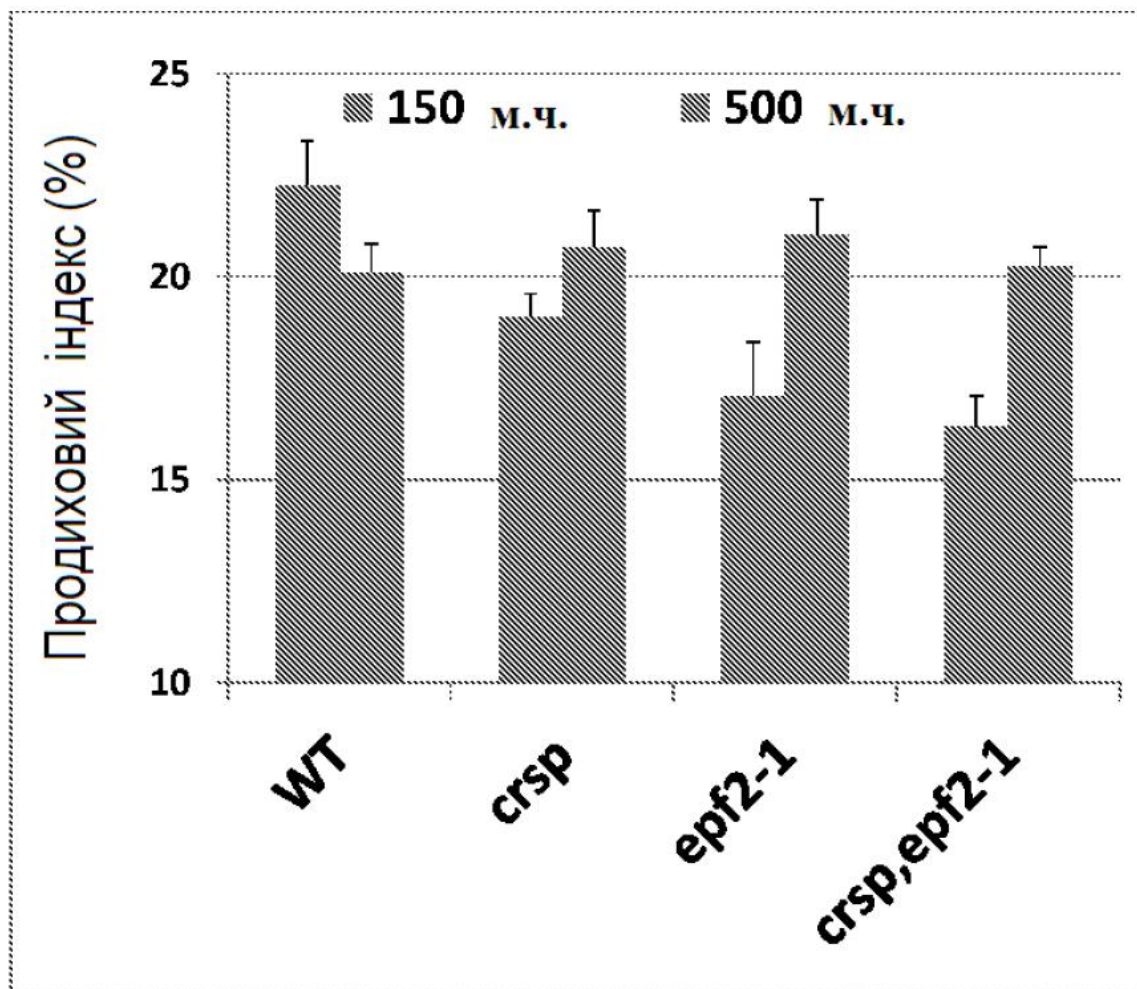
Фігура 27



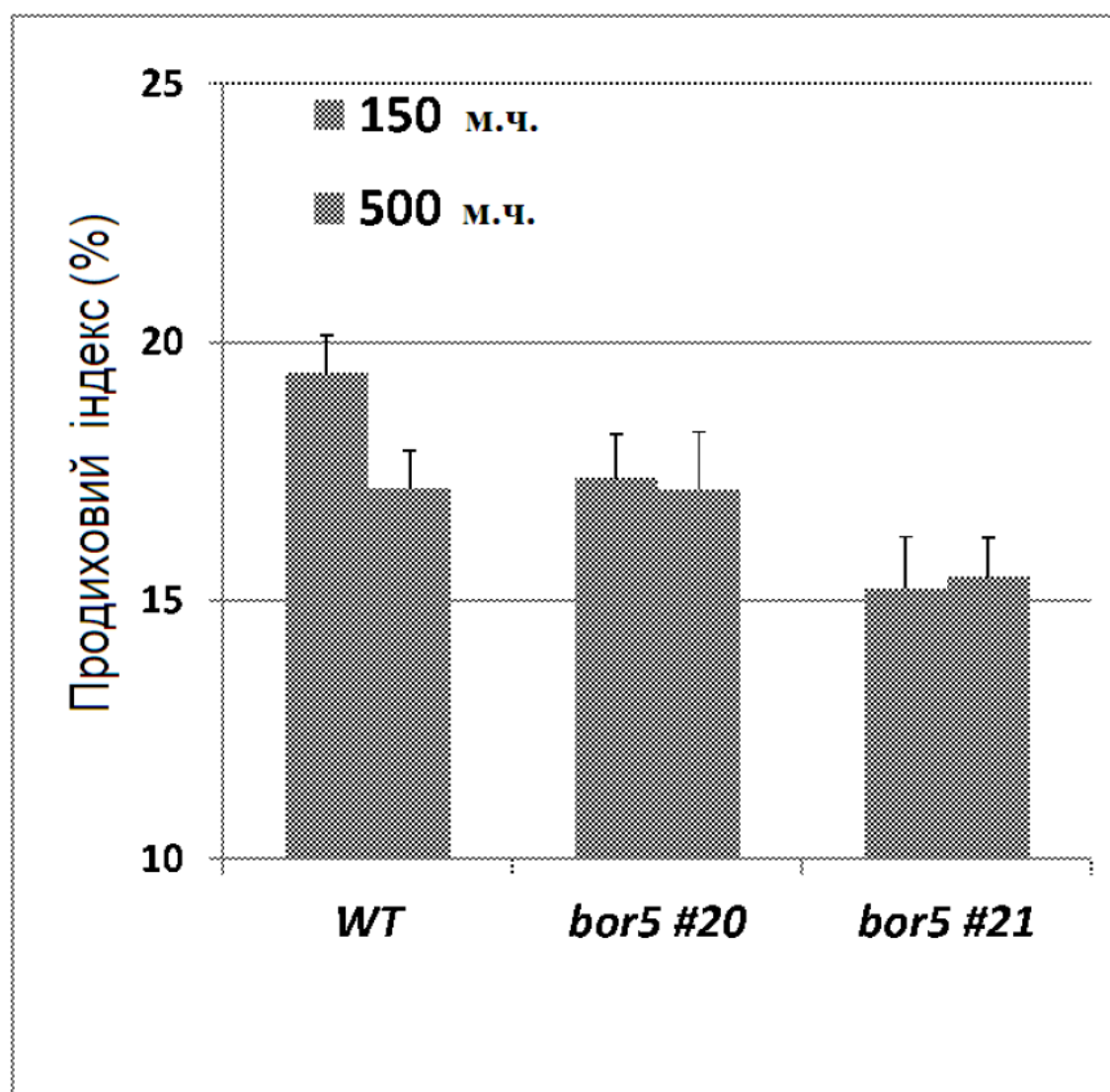
Фігура 28



Фігура 29

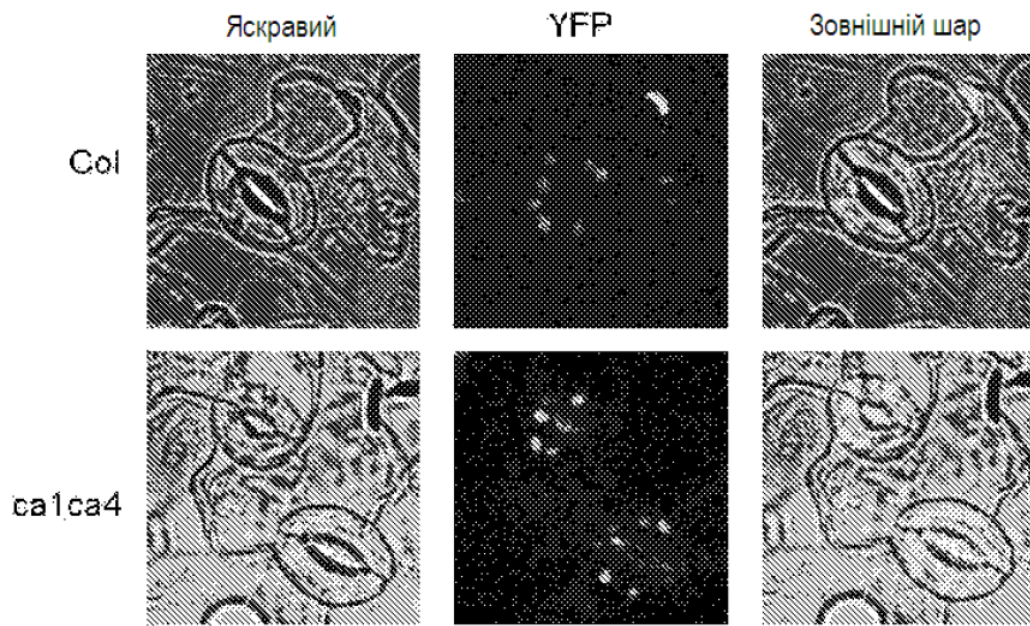


Фігура 30

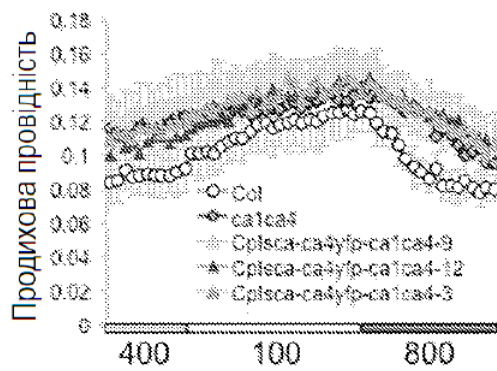


Фігура 31

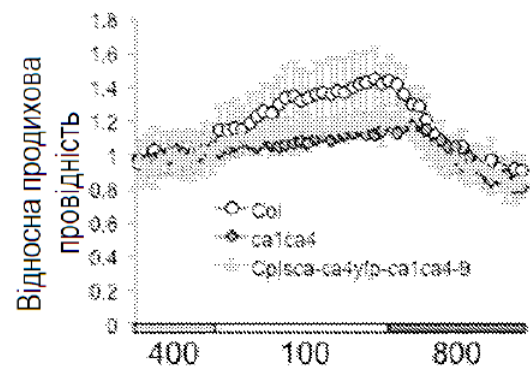
31A



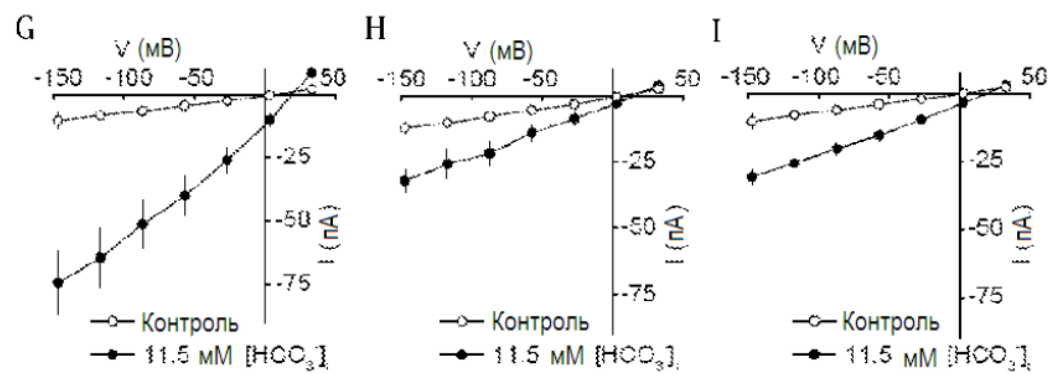
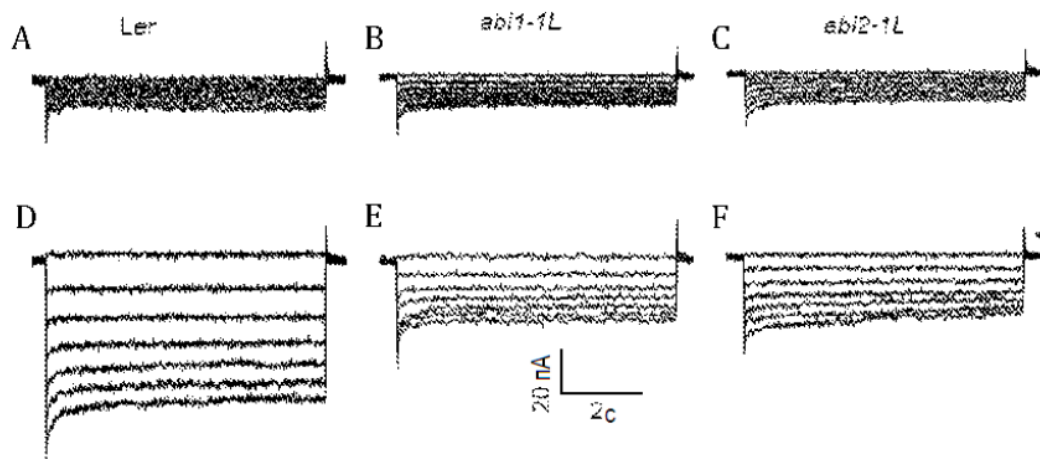
31B



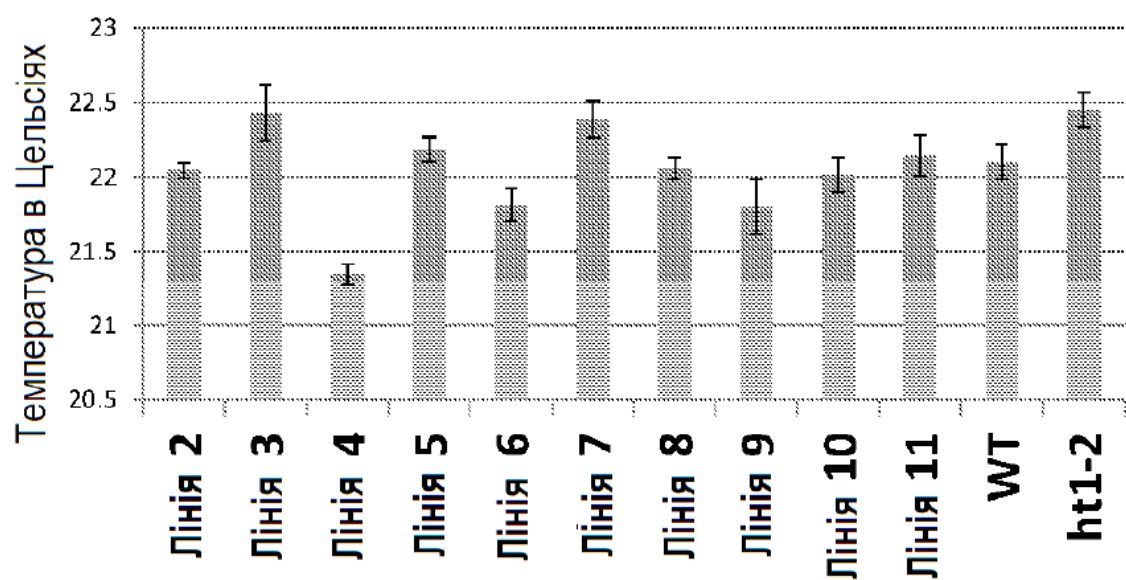
31C



Фігура 32

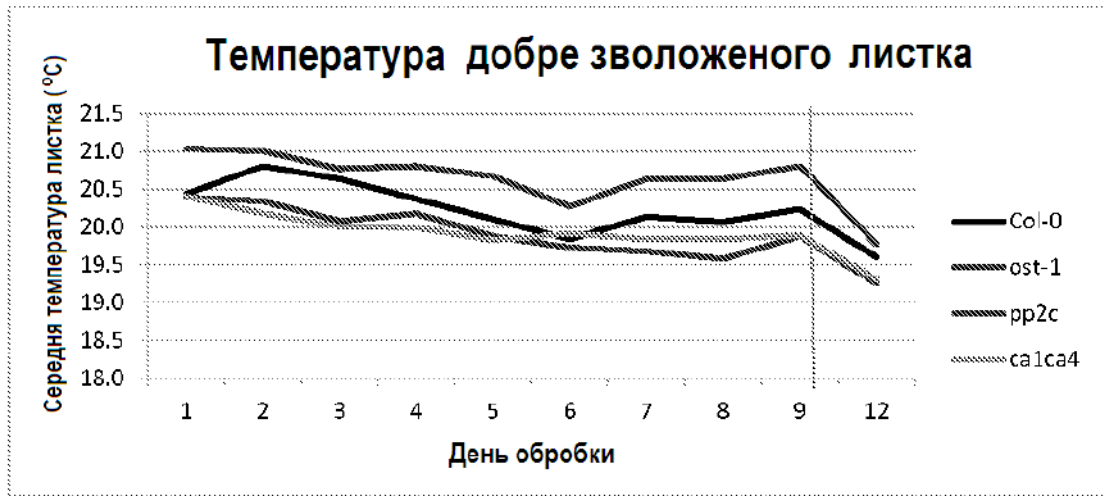


Фігура 33

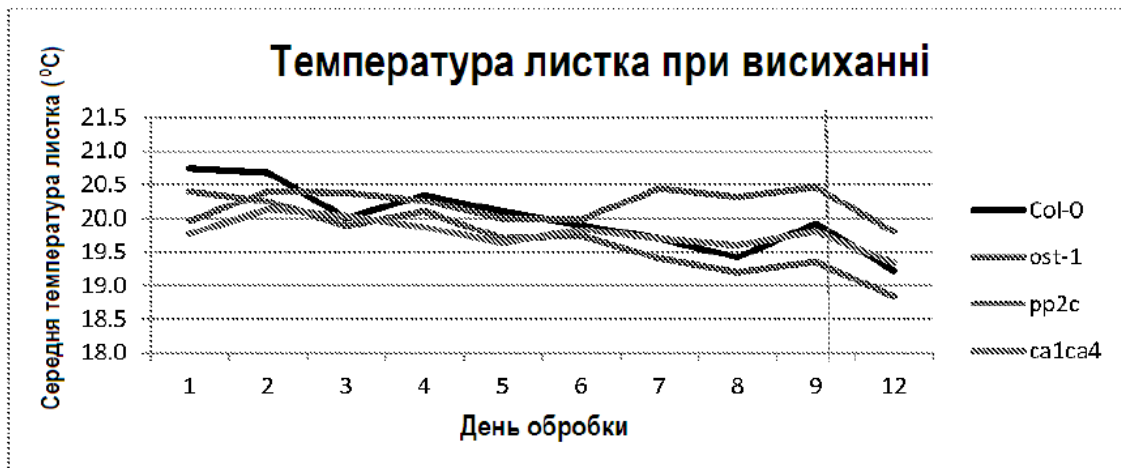


Фігура 34

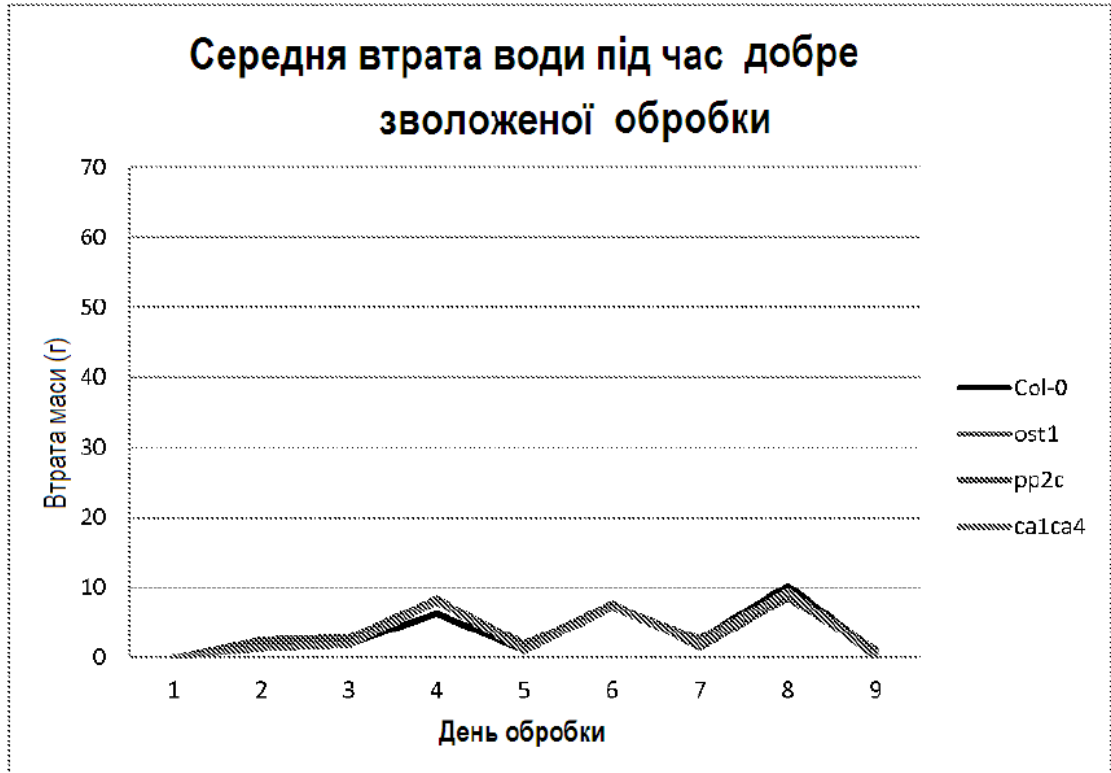
34A



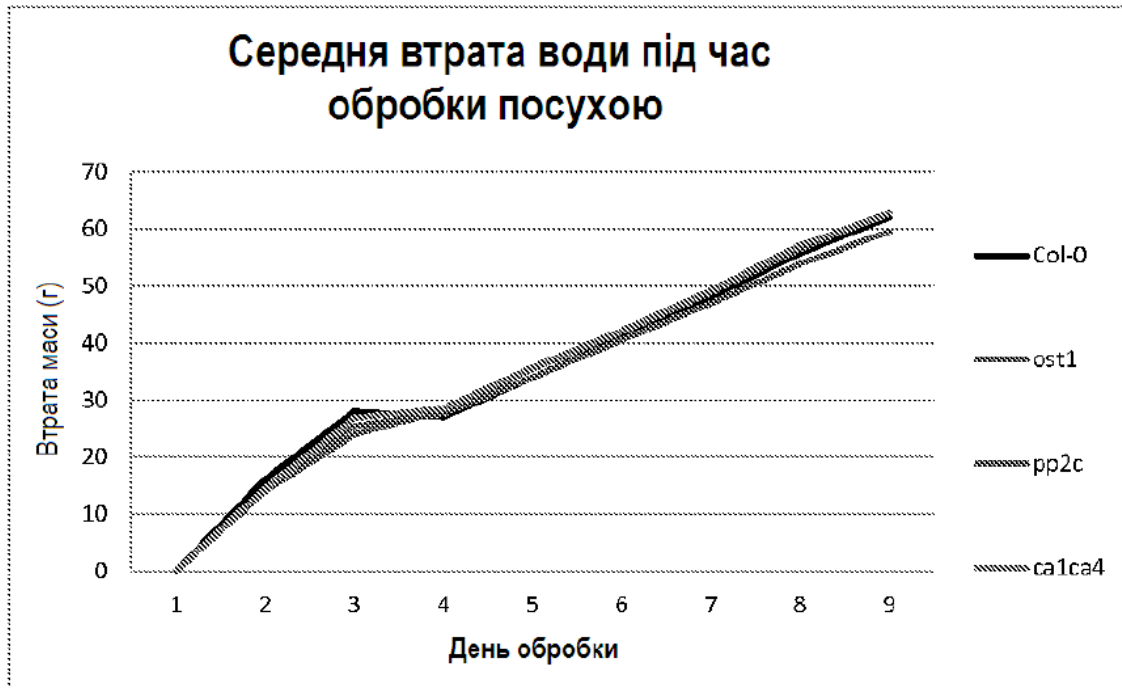
34B



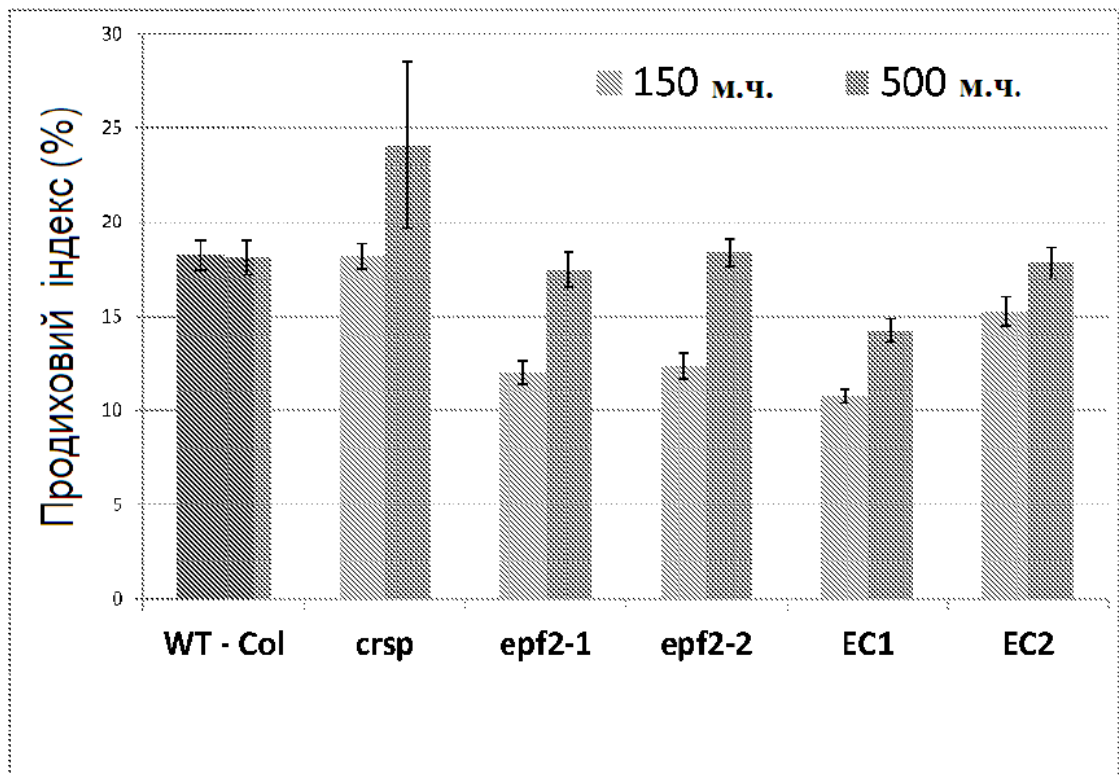
Фігура 35



Фігура 36

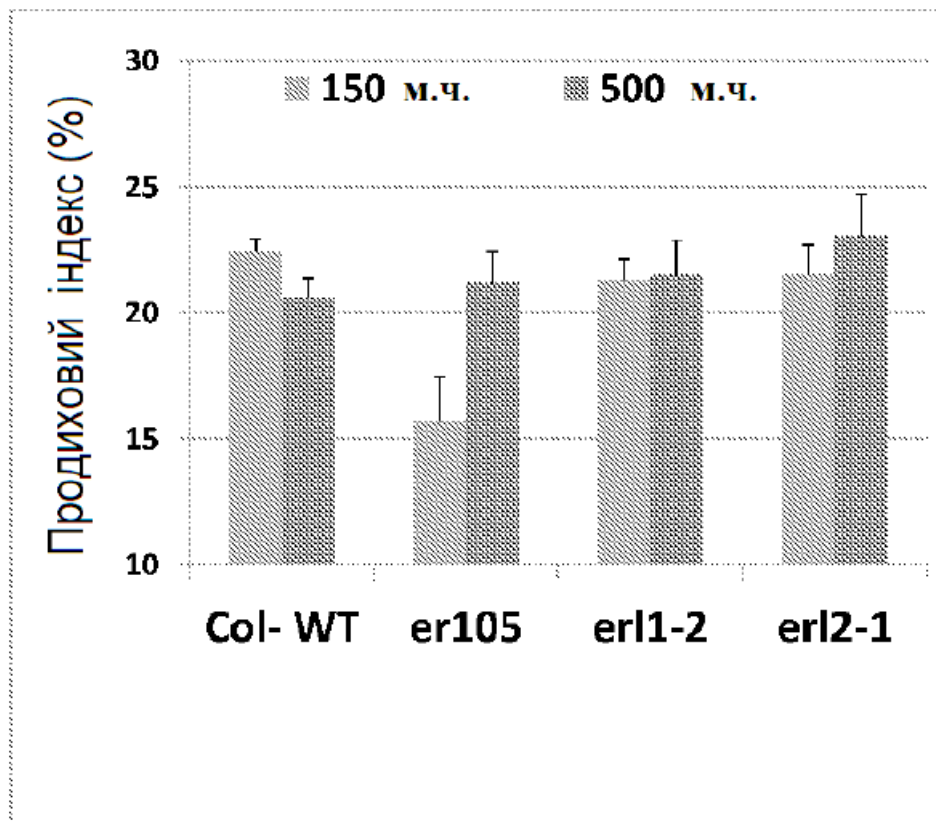


Фігура 37

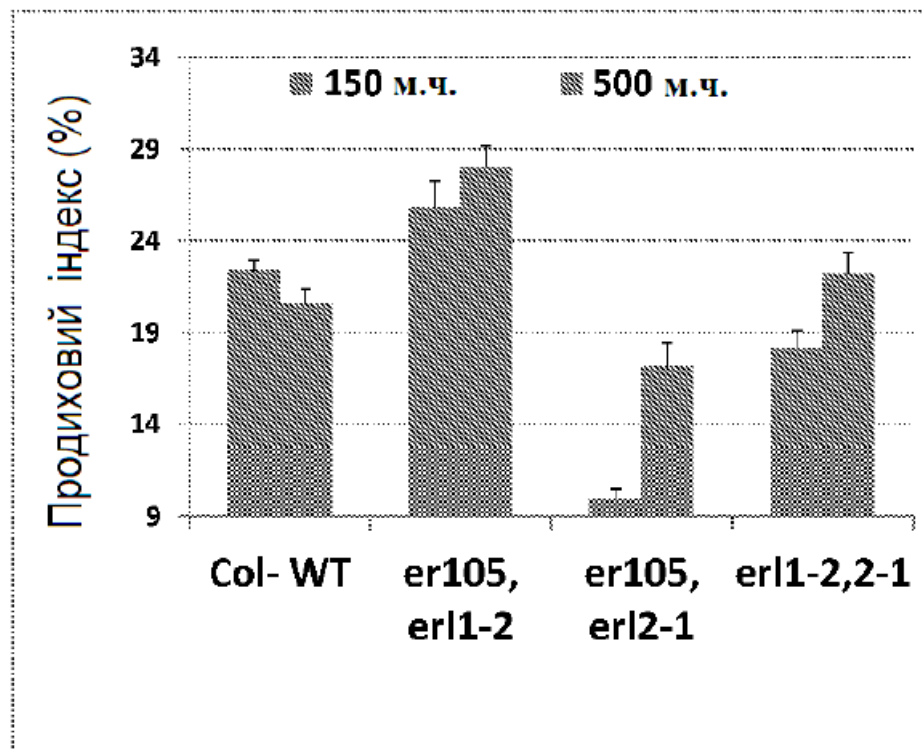


Фігура 38

38A

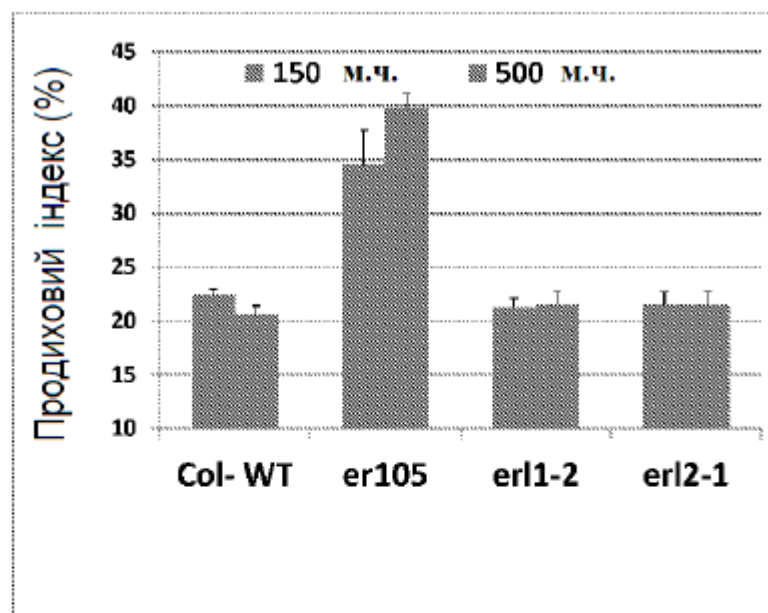


38B

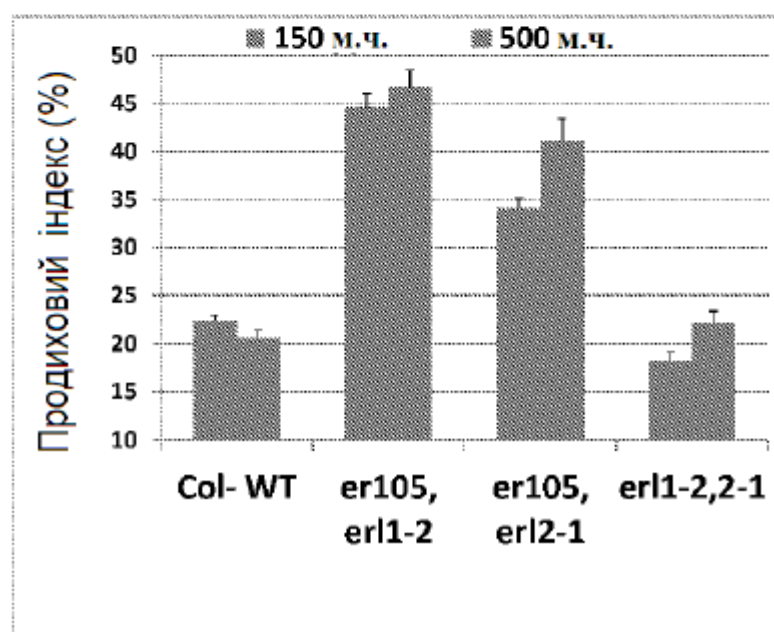


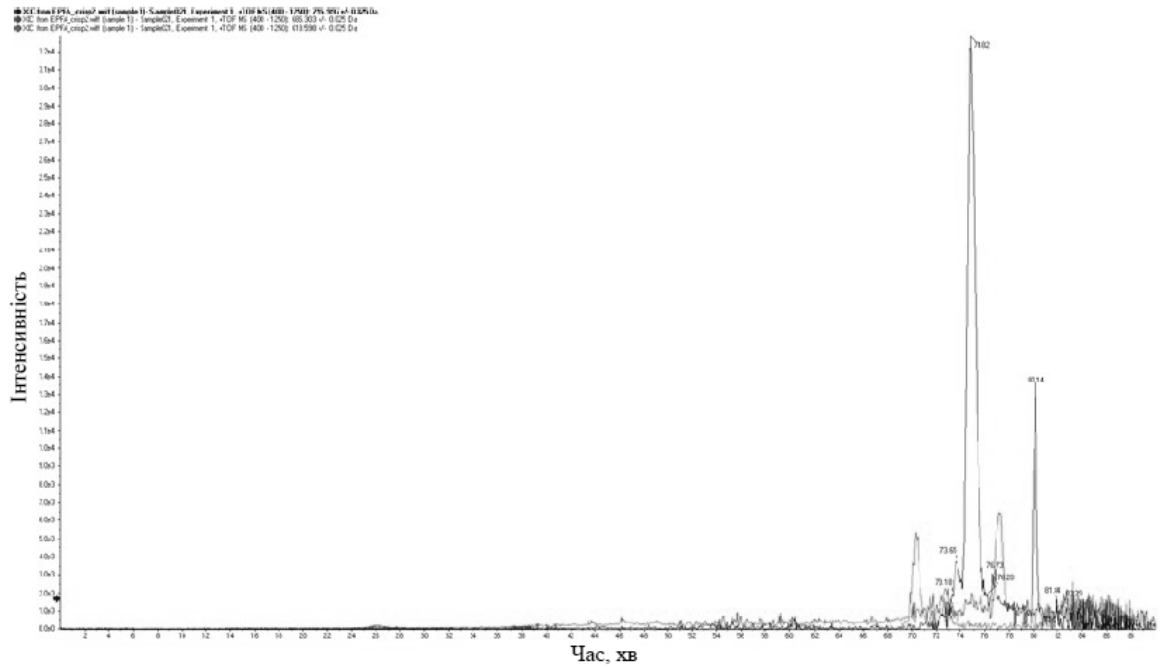
Фігура 39

39A



39B





Фіг. 40

Комп'ютерна верстка М. Мацело

Міністерство економічного розвитку і торгівлі України, вул. М. Грушевського, 12/2, м. Київ, 01008, Україна

ДП "Український інститут інтелектуальної власності", вул. Глазунова, 1, м. Київ – 42, 01601