



УКРАЇНА

(19) **UA** (11) **119645** (13) **C2**  
(51) МПК (2019.01)  
**C12N 15/52** (2006.01)  
**C12N 15/82** (2006.01)  
**A01H 3/00**

МІНІСТЕРСТВО  
ЕКОНОМІЧНОГО  
РОЗВИТКУ І ТОРГІВЛІ  
УКРАЇНИ

## (12) ОПИС ДО ПАТЕНТУ НА ВИНАХІД

(21) Номер заявки: **а 2016 00896**  
(22) Дата подання заявки: **30.07.2014**  
(24) Дата, з якої є чинними права на винахід: **25.07.2019**  
(31) Номер попередньої заявки відповідно до Паризької конвенції: **PCT/CN2013/081457**  
(32) Дата подання попередньої заявки відповідно до Паризької конвенції: **14.08.2013**  
(33) Код держави-учасниці Паризької конвенції, до якої подано попередню заявку: **CN**  
(41) Публікація відомостей про заявку: **10.05.2016, Бюл.№ 9**  
(46) Публікація відомостей про видачу патенту: **25.07.2019, Бюл.№ 14**  
(86) Номер та дата подання міжнародної заявки, поданої відповідно до Договору РСТ: **PCT/EP2014/066427, 30.07.2014**  
(72) Винахідник(и):  
**Лі Юньхай (CN),**  
**Ся Тянь (CN),**  
**Лі На (CN),**  
**Дюменіль Джек (GB),**  
**Беван Майкл (GB)**  
(73) Власник(и):  
**ІНСТІТЮТ ОФ ДЖЕНЕТИКС ЕНД**  
**ДЕВЕЛОПМЕНТАЛ БІОЛОДЖИ,**  
Chinese Academy of Sciences, Beijing, 100101, China (CN),  
**ПЛАНТ БІОСАЙЄНС ЛІМІТЕД,**  
Norwich Research Park, Colney Lane, Norwich Norfolk NR4 7UH, United Kingdom (GB)

(74) Представник:  
**Кістерський Тимофій Арсенійович,**  
**реєстр. №457**  
(56) Перелік документів, взятих до уваги експертизою:  
WO 2009/047525 A1, 16.04.2009  
WO 2010/042575 A1, 15.04.2010  
Krizek et al, "Making bigger plants: key regulators of final organ size", Current Opinion in Plant Biology, Quadrant Subscription Services, GB, vol. 12, no. 1, 01.02.2009, P. 17 - 22  
L. Du et al, "The Ubiquitin Receptor DA1 Regulates Seed and Organ Size by Modulating the Stability of the Ubiquitin-Specific Protease UBP15/SOD2 in Arabidopsis", The Plant Cell Online, 01.02.2014, vol. 26, no. 2, P. 665 - 677  
T. Xia et al, "The Ubiquitin Receptor DA1 Interacts with the E3 Ubiquitin Ligase DA2 to Regulate Seed and Organ Size in Arabidopsis", The Plant Cell Online, 01.09.2013, vol. 25, no. 9, P. 3347 - 3359  
Li Yunhai et al, "Control of final seed and organ size by the DA1 gene family in Arabidopsis thaliana", Genes and Development, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Plainview, NY, US, 01.05.2008, vol. 22, no. 10, P. 1331 - 1336  
Disch S et al, "The E3 Ubiquitin Ligase BIG BROTHER Controls Arabidopsis Organ Size in a Dosage-Dependent Manner", Current Biology, Current Science, GB, vol. 16, no. 3, 07.02.2006, P. 272 - 279  
D. Guerra et al, "Identification of a Protein Network Interacting with TdRF1, a Wheat RING Ubiquitin Ligase with a Protective Role against Cellular Dehydration", Plant Physiology, 01.02.2012, vol. 158, no. 2, P. 777 - 789

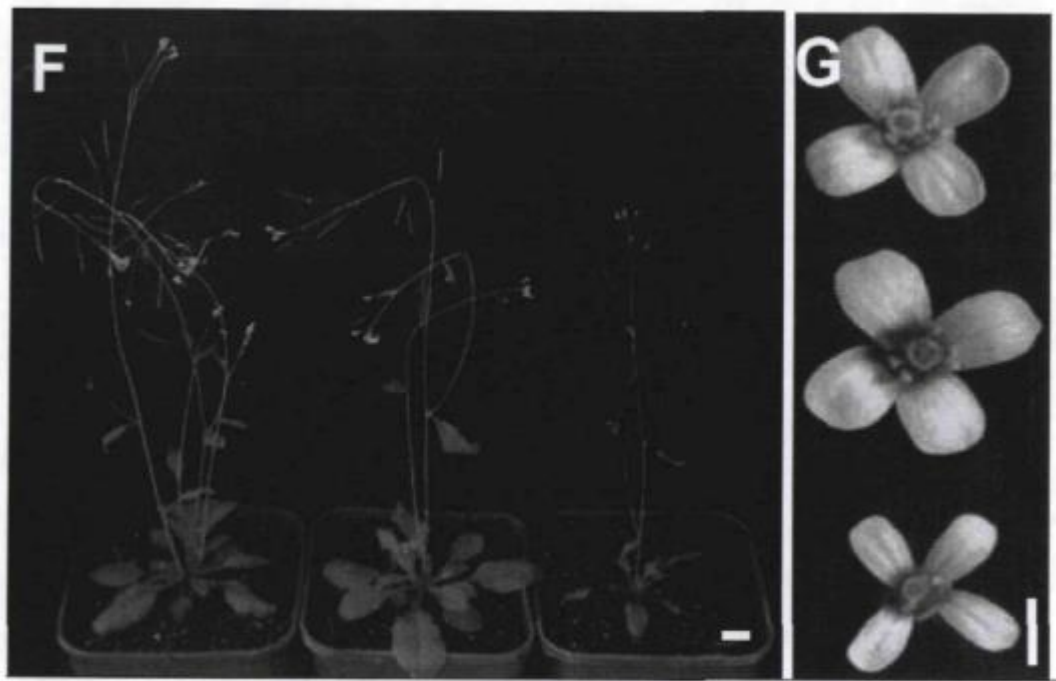
UA 119645 C2

## (54) СПОСІБ ПІДВИЩЕННЯ ВРОЖАЙНОСТІ РОСЛИН

### (57) Реферат:

Винахід стосується способу підвищення врожайності рослини, який включає: зниження експресії або активності поліпептиду DA2 у клітинах зазначеної рослини, при цьому зазначений поліпептид DA2 містить RING-домен з послідовністю SEQ ID NO: 2, і зазначена рослина має

знижену експресію або активність поліпептиду DA1 або знижену експресію або активність поліпептиду DA1 і поліпептиду EOD1, при цьому експресія або активність поліпептиду DA2 знижена шляхом: введення мутації в нуклеотидну послідовність клітини рослини, яка кодує поліпептид DA2 і яка регулює його експресію, і регенерування рослини з такої клітини, що мутувала, або вбудовування в клітину зазначеної рослини гетерологічної нуклеїнової кислоти, яка експресує супресорну нуклеїнову кислоту, що знижує експресію поліпептиду DA2. Винахід також стосується способу одержання рослини з підвищеною врожайністю та рослини, яка має знижену експресію або активність поліпептиду DA2.



Фігура 2

## Область техніки

Даний винахід відноситься до способів зміни розміру насіння й органів у рослин, наприклад, для поліпшення врожайності рослин.

## Рівень техніки

5 Розмір насіння й органів є агрономічною й екологічно важливою ознакою, що перебуває під генетичним контролем (Alonso-Blanco, C. PNAS USA 96, 4710-7 (1999); Song, X.J. Nat Genet 39, 623-30 (2007); Weiss, J. Int J Dev Biol 49, 513-25 (2005); Dinneny, J.R. Development 131, 1101-10 (2004); Disch, S. Curr Biol 16, 272-9 (2006); Science 289, 85-8 (2000); Horiguchi, G. Plant J 43, 68-78 (2005); Hu, Y Plant J 47, 1-9 (2006); Hu, Y. Plant Cell 15, 1951-61 (2003); Krizek, B.A. Dev Genet 25, 224-36 (1999); Mizukami, Y. PNAS USA 97, 942-7 (2000); Nath, U. Science 299, 1404-7 (2003); Ohno, C.K. Development 131, 1111-22 (2004); Szecsi, J. Embo J 25, 3912-20 (2006); White, D.W. PNAS USA 103, 13238-43 (2006); Horvath, B.M. Embo J 25, 4909-20 (2006); Garcia, D. Plant Cell 17, 52-60 (2005). Кінцевий розмір насіння й органів є постійним у межах заданого виду, тоді як міжвидове варіювання розмірів насіння й органів помітно велике, що припускає наявність у рослин регуляторних механізмів, які координують та залежно від часу контролюють ріст насіння й органів. Однак, незважаючи на значимість розміру насіння й органів, мало відомо про молекулярні та генетичні механізми, які контролюють кінцевий розмір органів і насіння у рослин.

Генетичну регуляцію розміру насіння вивчали в рослин, включаючи томат, сою, кукурудзу та рис, за допомогою картування локусів кількісних ознак (ЛКО). До теперішнього часу, відповідно до опублікованої літератури, були ідентифіковані два гени (Song, X.J. Nat Genet 39, 623-30 (2007); Fan, C. Theor. Appl. Genet. 112, 1164-1171 (2006)), що лежать в основі двох головних ЛКО для розміру зерен рису, хоча молекулярні механізми цих генів залишаються не поясненими. В арабідопсису картували одинадцять локусів, що впливають на масу насіння та/або довжину, знайдені в гібридів між зразками ліній Ler і Cvi (Alonso-Blanco, 1999, раніше), але відповідні гени не були ідентифіковані. У ході недавніх досліджень виявили, що білки AP2 і ARF2 беруть участь у контролі розміру насіння. Однак, на жаль, мутанти *ap2* і *arf2* мають меншу фертильність, ніж у дикого типу (Schruoff, M.C. Development 137, 251-261 (2006); Ohto, M.A. PNAS USA 102, 3123-3128 (2005); Jofuku, K.D. PNAS USA 102, 3117-3122 (2005)). Крім того, при дослідженнях з використанням мутантних рослин виявили декілька позитивних і негативних регуляторів, які впливають на розмір органів шляхом впливу на клітинну проліферацію або ріст клітин (Krizek, B.A. Dev Genet 25, 224-36 (1999); Mizukami, Y. Proc Natl Acad Sci U S A 97, 942-7 (2000); Nath, U. Science 299, 1404-7 (2003); Ohno, C.K. Development 131, 1111-22 (2004); Szecsi, J. Embo J 25, 3912-20 (2006); White, D.W. PNAS USA 103, 13238-43 (2006); Horvath, B.M. Embo J 25, 4909-20 (2006); Garcia, D. Plant Cell 17, 52-60 (2005). Horiguchi, G. Plant J 43, 68-78 (2005); Hu, Y Plant J 47, 1-9 (2006) Dinneny, J.R. Development 131, 1101-10 (2004)).

Відомо, що декілька факторів, які беруть участь у зв'язаній з убіквітином активності, впливають на розмір насіння. Фактор обмеження росту, DA1, є убіквітиновим рецептором і містить два взаємодіючих із убіквітином мотиви (UIM), які зв'язують убіквітин *in vitro*, і мутант *da1-1* утворює велике насіння в результаті впливу на материнські інтегументи насінних зачатків (Li et al., 2008). Мутації в енхансері *da1-1* (EOD1), який кодує убіквітинлігазу E3-BIG BROTHER (BB) (Disch et al., 2006; Li et al., 2008), синергетично підсилює прояв фенотипу за розміром насіння в *da1-1*, свідчаючи про те, що DA1 діє синергетично з EOD1/BB при контролі розміру насіння. У рисі локус кількісних ознак (ЛКО) для гена GRAIN WIDTH AND WEIGHT2 (GW2), що кодує убіквітинлігазу E3, контролює розмір зерен шляхом обмеження клітинного розподілу (Song et al., 2007). У пшениці був ідентифікований гомолог GW2 (Ta-GW2; Bednarek et al 2012). Невідомий білок, що кодується геном *qSW5/GW5* рису, необхідний для обмеження розміру зерен у рису (Shomura et al., 2008; Weng et al., 2008). GW5 фізично взаємодіє з поліубіквітином при дріжджовому двогибридному аналізі, що припускає можливу участь GW5 в убіквітин-протеасомному шляху (Weng et al., 2008). Однак залишається неясним, чи діють два цих фактори в материнських і/або зиготних тканинах у рисі.

Ідентифікація додаткових факторів, що контролюють кінцевий розмір як насіння, так й органів, не тільки поліпшить розуміння механізмів контролю розмірів у рослин, але також може мати істотне практичне застосування, наприклад, для поліпшення врожайності та збільшення біомаси рослин для одержання біопалива.

## Короткий опис винаходу

Автори даного винаходу ідентифікували рослинну убіквітинлігазу E3 (названу DA2), яка регулює кінцевий розмір насіння й органів шляхом обмеження клітинної проліферації в інтегументах насіння, що розвиваються. Несподівано було виявлено, що DA2 синергетично діє з DA1 і незалежно від EOD1 при контролі розміру насіння й органів. Таким чином, вибір як мішень DA2 і DA1 та/або EOD1 може бути корисний для поліпшення врожайності рослин.

Відповідно до аспекту даного винаходу запропонований спосіб підвищення врожайності рослини, який включає:

зниження експресії або активності поліпептиду DA2 у клітинах рослини, при цьому рослина є дефіцитною за експресією або активністю DA1.

5 Відповідно до іншого аспекту даного винаходу запропонований спосіб підвищення врожайності рослини, який включає:

зниження експресії або активності поліпептиду DA2 у клітинах рослини, при цьому рослина є дефіцитною за експресією або активністю EOD1.

10 Відповідно до іншого аспекту даного винаходу запропонований спосіб підвищення врожайності рослини, який включає:

зниження експресії або активності поліпептиду DA2 у клітинах зазначеної рослини, при цьому рослина є дефіцитною за експресією або активністю DA1 і EOD1.

Відповідно до іншого аспекту даного винаходу запропонований спосіб підвищення врожайності рослини, який включає:

15 зниження або припинення експресії або активності поліпептиду DA2 у клітинах зазначеної рослини і:

i) зниження або припинення експресії або активності поліпептиду DA1 у зазначених клітинах,

ii) зниження або припинення експресії або активності EOD1 у зазначених клітинах і/або

iii) експресія домінантно-негативного поліпептиду DA у зазначених клітинах.

20 Відповідно до іншого аспекту даного винаходу запропонований спосіб одержання рослини з підвищеною врожайністю, який включає:

забезпечення рослинної клітини, що є дефіцитною за експресією або активністю DA1, EOD1 або обох DA1 і EOD1,

25 вбудовування гетерологічної нуклеїнової кислоти, яка припиняє або пригнічує експресію або активність поліпептиду DA2, всередину клітини рослини за допомогою трансформації і регенерування рослини з однією або більше трансформованих клітин.

Короткий опис креслень

На фіг. 1 показаний розмір насіння й органів у мутанта da2-1. На фіг. 1A показана проекційна площа насіння Col-0, da2-1 і 35S:DA2#1. Насіння розподіляли за трьома групами ( $>0,13$ ,  $0,12-0,13$  і  $<0,12$  мм<sup>2</sup>). Значення для кожної групи виражені у відсотках від загальної кількості проаналізованих насінин. На фіг. 1B показана кількість насіння на стручок для Col-0, da2-1 і 35S:DA2#1. Для вимірювання кількості насіння на стручок використали стручки (з четвертого стручка по десятий стручок) на головному стеблі. На фіг. 1C показана маса насіння на рослину для Col-0, da2-1 і 35S:DA2#1. На фіг. 1D показана кількість насіння на рослину для Col-0, da2-1 і 35S:DA2#1. На фіг. 1E показана висота рослин Col-0, da2-1 і 35S:DA2#1. Значення (фіг. 1B-1E) наведені у вигляді середнього значення  $\pm$  стандартна помилка щодо значення для дикого типу, прийнятого за 100 %. \*\*,  $P<0,01$  і \*,  $P<0,05$  у порівнянні з диким типом (t-критерій Стюдента).

На фіг. 2 показані 4-денні рослини (F) Col-0 (ліворуч), da2-1 (посередині) і 35S:DA2#1 (праворуч) і квітки (G) Col-0 (зверху), da2-1 (посередині) і 35S:DA2#1 (внизу). Масштабні шкали: 40 фіг. F, 1 см; фіг. G, 1 мм.

На фіг. 3 показано, що DA1 і DA2 діють синергетично при контролі розміру насіння. На фіг. 3A показане сухе насіння Col-0, da1-1, da2-1 і da1-1 da2-1. На фіг. 3B показані 10-денні сходи Col-0, da2-1, da1-1 і da1-1 da2-1 (ліворуч праворуч). На фіг. 3C показана маса насіння Col-0, da1-1, da2-1 і da1-1 da2-1. На фіг. 3D показана маса насіння Col-0, da1-ko1, da2-1 і da1-ko1 da2-1. Значення наведені у вигляді середнього значення  $\pm$  стандартна помилка щодо відповідних значень для дикого типу, прийнятих за 100 %. \*\*,  $P<0,01$  і \*,  $P<0,05$  у порівнянні з диким типом (t-критерій Стюдента). Масштабні шкали: фіг. A, 0,1 мм; фіг. B, 1 м.

На фіг. 4 показано, що DA1 і DA2 діють синергетично при контролі розміру насіння. На верхній лівій діаграмі показана площа сім'ядолі 10-денних сходів Col-0, da1-1, da2-1 і da1-1 da2-1. На верхній правій діаграмі показана площа сім'ядолі 10-денних сходів Col-0, da1-ko1, da2-1 і da1-ko1 da2-1. На нижній лівій діаграмі показана середня площа палісадних клітин у сім'ядолях зародків Col-0, da1-1, da2-1 і da1-1 da2-1. На нижній правій діаграмі показана проекційна площа насіння Col-0, da1-1, da1-1 da2-1, da1-ko1 da2-1, da1-ko1 da1-1 і da1-ko1 da1-1 da2-1. Значення наведені у вигляді середнього значення  $\pm$  стандартна помилка щодо відповідних значень для дикого типу, прийнятих за 100 %. \*\*,  $P<0,01$  і \*,  $P<0,05$  у порівнянні з диким типом (t-критерій Стюдента).

На фіг. 5 показано, що DA1 і DA2 діють синергетично при контролі клітинної проліферації в материнських інтегументах насіння, що розвивається. На фіг. 5A-5D показані зрілі насінні зачатки Col-0, da1-1, da2-1 і da1-1 da2-1 у зазначеному порядку. Мутація da2-1 синергетично збільшує розмір насінного зачатка da1-1. Масштабні шкали: фіг. A-D, 0,5 мм.



На фіг. 6 показані (ліва діаграма) проекційна площа насіння Col-0 × Col-0 (c/c) F1, da2-1×da2-1 (d2/d2) F1, Col-0×da2-1 (c/d2) F1 і da2-1×Col-0 (d2/c) F1 і (середня діаграма) проекційна площа насіння Col-0×Col-0 (c/c) F1, da1-ko1 da2-1 × da1-ko1 da2-1 (dd/dd) F1, Col-0 × da1-ko1 da2-1 (c/dd) F1, da1-ko1 da2-1 × Col-0 (dd/c) F1. На правій діаграмі показана проекційна площа насіння після запилення рослин da1-ko1/+ da2-1/+ пилком подвійного мутанта da1-ko1 da2-1, що призвело до розвитку зародків da1-ko1/+ da2-1/+ (a), da1-ko1/+ da2-1da2-1 (b), da1-ko1/da1-ko1 da2-1/+ (c) і da1-ko1 da2-1 (d) всередині насінних оболонок da1-ko1/+ da2-1/+. Вимірювали проекційну площу окремих насінин від рослин da1-ko1/+da2-1/+, запилених пилком подвійного мутанта da1-ko1 da2-1. Дане насіння було додатково генотиповане для визначення мутацій da1-ko1 і da2-1. Згідно з даними мутації da1-ko1 і da2-1 не пов'язані з варіюванням розміру цих насінин ( $P > 0,05$ , t-критерій Стьюдента). Значення наведені у вигляді середнього значення  $\pm$  стандартна помилка щодо відповідних значень для дикого типу, прийнятих за 100 %. \*\*,  $P < 0,01$  у порівнянні з диким типом (t-критерій Стьюдента).

На фіг. 7 показані (ліва діаграма) проекційна площа зрілих насінних зачатків Col-0, da1-1, da2-1 і da1-1 da2-1, (середня діаграма) число клітин у зовнішніх інтегументах насіння Col-0, da1-1, da2-1 і da1-1 da2-1 через 6 днів після запилення та через 8 днів після запилення, і (права діаграма) середня довжина клітин у зовнішніх інтегументах насіння Col-0, da1-1, da2-1 і da1-1 da2-1 через 6 днів після запилення та через 8 днів після запилення, розрахована за довжиною зовнішнього інтегументу та кількості клітин для окремого насіння.

На фіг. 8A показана структура гена DA2. Позначений ініціюючий кодон (ATG) і стоп-кодон (TAA). Зафарбовані блоки означають кодуєчу послідовність, незафарбовані блоки означають 5' і 3'- нетрансльовані області, і лінії між полями означають інтрони. Показано сайт вбудовування Т-ДНК (da2-1) у ген DA2. На фіг. 8B показано, що білок DA2 містить передбачений RING-домен.

На фіг. 9 показана убіквітинлігазна (E3) активність білка DA2. Гібридний білок МЗБ-DA2 і мутантні гібридні білки DA2 (МЗБ-DA2C59S і МЗБ-DA2N91L) аналізували на наявність убіквітинлігазної (E3) активності у присутності E1, E2 і His-убіквітину. Убіквітиновані білки визначали за допомогою імуноблоттингу з антитілами анти-His (анти-His) й антитілами анти-МЗБ (анти-МЗБ) відповідно. Нижня стрілка означає білки МЗБ-DA2, а верхня стрілка показує убіквітиновані білки МЗБ-DA2.

На фіг. 10 показана проекційна площа насіння Col-0, da2-1, COM#6, COM#8 і COM#10 (верхня діаграма), де COM означає рослину da2-1, яку трансформували кодуєчою послідовністю DA2, що запускається своїм власним промотором, площа пелюстків рослин Col-0, da2-1, COM#6, COM#8 і COM# 10 (середня діаграма) і результати кількісного аналізу полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР) із зворотною транскрипцією в реальному часі експресії гена DA2 у сходів Col-0, da2-1, COM#6, COM#8 і COM#10 (нижня діаграма). Значення (фіг. 10D і 10E) наведені у вигляді середнього значення  $\pm$  стандартна помилка щодо значень для da2-1, прийнятих за 100 %. \*\*,  $P < 0,01$  у порівнянні з мутантом da2-1 (t-критерій Стьюдента).

На фіг. 11 показані профілі експресії гена DA2. На фіг. 11A показані результати кількісного аналізу ПЛР із зворотною транскрипцією в реальному часі експресії гена DA2. Тотальну РНК виділяли з коріння (К), стебел (С), листя (Л), сходів (Сх) і суцвіть (Сц). На фіг. 11B-11N показана активність експресії гена DA2, спостережувана за допомогою експресії трансгена rDA2:GUS. Проводили спостереження за чотирма експресуючими  $\beta$ -глюкуронідазу (GUS) лініями, і всі вони показали схожий профіль експресії, хоча дещо розрізнялися за інтенсивністю фарбування. Гістохімічний аналіз активності GUS в 4-денного сходу (11B), 10-денного сходу (11C), суцвіття квіток (11D), пелюстків, що розвиваються (11E-11G), тичинок, що розвиваються (11H і 11I), плодолистиків, що розвиваються (11J-11L) і насінних зачатків, що розвиваються (11M і 11N). Масштабні шкали: фіг. B-D, 1 мм; фіг. E-N, 0,1 мм.

На фіг. 12 показано, що DA1 прямо взаємодіє з DA2 in vitro. ГСТ-DA1, ГСТ-DA1R358K, ГСТ-DA1-UIM, ГСТ-DA1-LIM, ГСТ-DA1-LIM+C і ГСТ-DA1-C осаджували за допомогою іммобілізованого на амілозній смолі МЗБ-DA2 й аналізували за допомогою імуноблоттингу, використовуючи антитіло анти-ГСТ.

На фіг. 13 показана схематична діаграма будови DA1 і його похідних, що містять специфічні білкові домени. Передвіщений білок DA1 містить два UIM-мотиви, один LIM-домен і С-кінцеву область.

На фіг. 14 показано, що DA1 взаємодіє з DA2 in vivo. Листи *Nicotiana benthamiana* трансформували шляхом введення клітин штаму *Agrobacterium tumefaciens* GV3101, що несуть плазмиди 35S:Мус-DA1 і 35S:GFP-DA2. Імунопреципітацію тотальних білків проводили за допомогою GFP-Трап-А й імуноблот обробляли антитілами анти-Мус й анти-3ФБ відповідно. Виявили Мус-DA1 в імунопреципітованому комплексі 3ФБ-DA2, що вказує на існування фізичного зв'язку між DA1 і DA2 у рослин.

На фіг. 15 показано, що мутанти da2-1 демонструють збільшений розмір органів. На фіг. 15A показана довжина пелюстка (ДП), ширина пелюстка (ШП), площа пелюстка (ПП), площа чашолистка (ПЧ), довжина плодолистика (ДП), довжина довгої тичинки (ДДТ) і довжина короткої тичинки (ДКТ) рослин Col-0, da2-1 і 35S:DA2#1. На фіг. 15B показана площа п'ятого листа рослин Col-0, da2-1 і 35S:DA2#1. На фіг. 15C показана маса квіток Col-0, da2-1 і 35S:DA2#1. На фіг. 15D показаний розмір епідермальних клітин із адаксіальної сторони в максимально широкій області пелюстків Col-0 і da2-1. На фіг. 15E показаний розмір палисадних клітин у п'ятих листах Col-0 і da2-1. Використовували квітки, що розкрилися (фаза 14) для вимірювання розміру пелюстків (фіг. 15A), маси квітки (фіг. 15C) і розміру епідермальних клітин (фіг. 15D). Значення (фіг. 15A-15E) наведені у вигляді середнього значення  $\pm$  стандартна помилка щодо відповідних значень для дикого типу, прийнятих за 100 %. \*\*,  $P < 0,01$  у порівнянні з диким типом (t-критерій Стьюдента).

На фіг. 16 показано, що DA1 і DA2 діють синергетично при контролі розміру насіння. На фіг. 16D показана площа пелюстків квіток Col-0, da1-ko1, da2-1 і da1-ko1 da2-1. На фіг. 16E показаний розмір епідермальних клітин на адаксіальній стороні в максимально широкій області пелюстків Col-0, da1-ko1, da2-1 і da1-ko1 da2-1. На фіг. 16F показана маса насіння Col-0, eod1-2, da2-1 і eod1-2 da2-1. На фіг. 16G показана площа пелюстків Col-0, eod1-2, da2-1 і eod1-2 da2-1. Використовували квітки, що розкрилися (фаза 14) для вимірювання розміру пелюстків (фіг. 16D і 16G) і розміру епідермальних клітин (фіг. 16E). Значення (фіг. 16D-16G) наведені у вигляді середнього значення  $\pm$  стандартна помилка щодо відповідних значень для дикого типу, прийнятих за 100 %. \*\*,  $P < 0,01$  і \*,  $P < 0,05$  у порівнянні з диким типом (t-критерій Стьюдента). Масштабна шкала: 0,1 мм.

На фіг. 17 показано, що надекспресія гена DA2 обмежує ріст органів. На фіг. 17A показана площа пелюстків Col-0, 35S:DA2#2 і 35S:DA2#4. На фіг. 17B показані рівні експресії гена DA2 у сходів Col-0, 35S:DA2#2 і 35S:DA2#4. Значення (фіг. 17A і 17B) наведені у вигляді середнього значення  $\pm$  стандартна помилка щодо значень для Col-0, прийнятих за 100 %. \*\*,  $P < 0,01$  у порівнянні з диким типом (t-критерій Стьюдента).

На фіг. 18 показано, що надекспресія гена DA2L обмежує ріст органів. На фіг. 18A показані 20-денні рослини Col-0, 35S:DA2L#1, 35S:DA2L#3, 35S:DA2L#4, 35S:DA2L#5 і 35S:DA2L#6. На фіг. 18B показані 30-денні рослини Col-0, 35S:DA2L#1, 35S:DA2L#3, 35S:DA2L#4, 35S:DA2L#5 і 35S:DA2L#6. На фіг. 18C показані результати ПЛР із зворотною транскрипцією експресії гена DA2L у сходів Col-0, 35S:DA2L#1, 35S:DA2L#3, 35S:DA2L#4, 35S:DA2L#5 і 35S:DA2L#6. ПЛР із зворотною транскрипцією проводили на першому ланцюжку кДНК, отриманого від 2-тижневих сходів. кДНК стандартизували на основі стандарту ACTIN2. Масштабні шкали: фіг. A, 1 см; фіг. B, 1 см.

На фіг. 19 показано, що надекспресія гена GW2 обмежує ріст насіння й органів. На фіг. 19A показані 30-денні рослини Col-0, 35S:GW2#1, 35S:GW2#2, 35S:GW2#3, 35S:GW2#6 і 35S:GW2L#7. На фіг. 19B показана проекційна площа насіння Col-0, 35S:GW2#1, 35S:GW2#2, 35S:GW2#3, 35S:GW2#6 і 35S:GW2L#7. На фіг. 19C показані результати кількісного аналізу ПЛР із зворотною транскрипцією в реальному часі експресії гена GW2 у сходів Col-0, 35S:GW2#1, 35S:GW2#2, 35S:GW2#3, 35S:GW2#6 і 35S:GW2L#7. Значення (фіг. 19B) наведені у вигляді середнього значення  $\pm$  стандартна помилка щодо значень для Col-0, прийнятих за 100 %. \*\*,  $P < 0,01$  у порівнянні з диким типом (t-критерій Стьюдента). Масштабна шкала: фіг. A, 1 см.

Докладний опис варіантів реалізації винаходу

Даний винахід відноситься до способів зміни ознак, що впливають на врожайність рослин, таких як розмір насіння й органів, шляхом зміни експресії або активності рослинної убіквітинлігази E3 (DA2) разом із змінами в експресії або активності DA1 і/або EOD1. Бажано, щоб у рослини змінювали експресію або активність DA2 і DA1.

Експресія або активність експресії DA2 може змінюватися до, у той самий час або після зміни експресії або активності DA1 і/або EOD1. Наприклад, у деяких варіантах реалізації даного винаходу експресія або активність поліпептиду DA2 може бути змінена в одній або декількох клітинах рослини, які вже мають змінену експресію або активність DA1, змінену експресію або активність EOD1 або змінену експресію або активність DA1 і EOD1.

Запропоновані в даній заявці способи підвищення врожайності рослини, наприклад, шляхом збільшення розміру органів і насіння, які включають забезпечення рослини, дефіцитної за експресією або активністю DA1 і/або EOD1, і зниження експресії DA2 в одній або більше клітинах цієї рослини. В інших варіантах реалізації винаходу експресія або активність DA1 і/або EOD1 може бути знижена в одній або декількох клітинах рослини, в яких знижена експресія або активність поліпептиду DA2.

Інші способи можуть включати зниження експресії DA2 в одній або більше клітинах рослини та знижені експресії або активності DA1, EOD1 або обох DA1 і EOD1 в одній або декількох клітинах.

Також відповідно до даної заявки запропоновані способи одержання рослини з підвищеною врожайністю у порівнянні з диким типом рослини, які включають:

(a) вбудовування в клітину рослини за допомогою трансформації

(i) першої гетерологічної нуклеїнової кислоти, що знижує експресію поліпептиду DA2,

(ii) другої гетерологічної нуклеїнової кислоти, що знижує експресію одного з поліпептидів, DA1 або EOD1, і при необхідності,

(iii) третьої гетерологічної нуклеїнової кислоти, що знижує експресію іншого поліпептиду, DA1 або EOD1, і

(b) регенерацію рослини з однієї або більше трансформованих клітин.

Інші способи одержання рослини з підвищеною врожайністю можуть включати:

забезпечення клітини рослини, що є дефіцитною за експресією або активністю DA1 і/або EOD1, переважно активністю DA1,

вбудовування гетерологічної нуклеїнової кислоти, що знижує активність або експресію поліпептиду DA2, у клітину рослини за допомогою трансформації, і

регенерування рослини з трансформованої клітини.

Після регенерації може бути вибрана рослина із зниженою активністю або експресією поліпептиду DA2 та зниженою активністю або експресією DA1 і/або EOD1 у порівнянні з рослиною дикого типу.

Сполучення зниженої експресії DA2 та зниженої експресії DA1 і/або EOD1 синергетично збільшує розмір насіння й/або органів рослини, таким чином, підвищуючи врожайність рослини.

У рослини може бути поліпшена одна або більше пов'язана з врожайністю ознака шляхом сполучення зниженої експресії або активності DA2 та зниженої експресії або активності DA1 і/або EOD1. Наприклад, у рослини може бути підвищена тривалість життя, розмір органів і розмір насіння (одна або декілька з цих ознак) у порівнянні з контрольними рослинами або рослинами дикого типу, в яких експресія поліпептиду DA2 не знижена.

Експресія або активність DA2, DA1 або EOD1 може бути знижена описаними в даній заявці способами щонайменше на 50 % у порівнянні з рослиною дикого типу, щонайменше на 60 %, щонайменше на 70 %, щонайменше на 80 %, щонайменше на 90 %, щонайменше на 95 % або щонайменше на 98 %. У деяких переважних варіантах реалізації винаходу експресія або активність знижена до нуля або практично до нуля (тобто експресія або активність припинена).

Способи відповідно до даного винаходу включають зміну експресії або активності поліпептиду DA2 в одній або більше клітинах рослини.

Поліпептиди DA2 є убіквітинлігазами E3, знайденими в рослин. Поліпептиди DA2, чия експресія або активність знижена як описано в даній заявці, можуть містити RING-домен (Stone, S.L. et al. (2005)), переважно RING-домен C5HC2, C5NC2 або C5TC2. Підходящий RING-домен може складатися з амінокислотної послідовності SEQ ID NO: 1:

C(X)<sub>2</sub>C(X)<sub>11</sub>CC(X)<sub>4</sub>CX<sub>2</sub>CX<sub>7</sub>(H/N/T)X<sub>6</sub>CX<sub>2</sub>C. (SEQ ID NO: 1)

Наприклад, підходящий RING-домен може складатися з амінокислотної послідовності SEQ ID NO: 2:

CPICFL(Y/F)YPSLNRS(K/R)CC(S/M/T/A)K(G/S)ICTECFL(Q/R)MK(P/N/S/V/T/N)(T/P)(H/N/T)(T/S)(A/T/C)(R/Q/K)PTQCP(F/Y)C

(SEQ ID NO:2)

У деяких варіантах реалізації винаходу амінокислотні залишки H/N/T у положенні 33 в RING-домени послідовності SEQ ID NO: 2 можуть бути T або N.

У деяких переважних варіантах реалізації винаходу поліпептид DA2 може містити RING-домен, що має амінокислотну послідовність, представлену в таблиці 1 (послідовності SEQ ID NO: 3-19), наприклад, послідовність DA2 арабідопсису (SEQ ID NO: 11), послідовність DAL2 арабідопсису (SEQ ID NO: 13) або послідовність GW2 рису (SEQ ID NO: 7) або варіант таких. Наприклад, RING-домен може мати амінокислотну послідовність з амінокислотних залишків з 59 по 101 послідовності SEQ ID NO: 20 (Pt\_GI-224061326.pro), амінокислотних залишків з 59 по 101 послідовності SEQ ID NO: 21 (Rc\_GI-255578534.pro), амінокислотних залишків з 59 по 101 послідовності SEQ ID NO: 22 (Vv\_GI-147817790.pro), амінокислотних залишків з 59 по 101 послідовності SEQ ID NO: 23 (Gm\_GI-356549538.pro), амінокислотних залишків з 59 по 101 послідовності SEQ ID NO: 24 (At\_GI-18411948.pro), амінокислотних залишків з 61 по 103 послідовності SEQ ID NO: 25 (Ta\_GI 408743661.pro), амінокислотних залишків з 61 по 103 послідовності SEQ ID NO: 26 (Hv\_GI-164371454.pro), амінокислотних залишків з 61 по 103 послідовності SEQ ID NO: 27 (Bd\_GI-357140854.pro), амінокислотних залишків з 62 по 104

послідовності SEQ ID NO: 28 (Os\_GI-115445269.pro), амінокислотних залишків з 63 по 105  
 послідовності SEQ ID NO: 29 (Sb\_GI-242064618.pro), амінокислотних залишків з 65 по 107  
 послідовності SEQ ID NO: 30 (Zm\_GI-220961719.pro), амінокислотних залишків з 61 до 103  
 послідовності SEQ ID NO: 31 (Ta\_GI-408743658.pro), амінокислотних залишків з 43 по 85  
 5 послідовності SEQ ID NO: 32 (Bd\_GI-357125256.pro), амінокислотних залишків з 62 по 104  
 послідовності SEQ ID NO: 33 (Os\_GI-218197613.pro), амінокислотних залишків з 62 по 104  
 послідовності SEQ ID NO: 34 (Zm\_GI-260935347.pro) або амінокислотних залишків з 62 по 104  
 послідовності SEQ ID NO: 35 (Sb\_GI-242092026.pro).

10 Додаткові підходящі послідовності RING-домену можуть бути ідентифіковані за допомогою  
 стандартних методик аналізу послідовностей, як описано в даній заявці (наприклад, простого  
 засобу дослідження з модульної архітектури (SMART); Європейська молекулярно-біологічна  
 лабораторія, Гейдельберг, Німеччина).

Поліпептиди DA2 можуть додатково містити перший консенсусний домен. Перший  
 консенсусний домен може бути виявлений в 3'-5' напрямку (тобто на N-кінцевій стороні) RING-  
 15 домену. Підходящий перший консенсусний домен може складатися з амінокислотної  
 послідовності SEQ ID NO: 36.

Q(Q/відсутній)GLY(P/M/N/V/Q/L/V/E)(H/S/N)(P/K/R)D(I/V)D(L/I/H/V/Q)(K/R)KL(R/K)(R/K)LI(V/L)(  
 E/D)(A/S/T)KLAPC  
 (SEQ ID NO: 36)

20 У деяких переважних варіантах реалізації винаходу поліпептид DA2 може містити перший  
 консенсусний домен амінокислотної послідовності DA2, представленої в таблиці 2, наприклад,  
 амінокислотні залишки з 20 по 45 послідовності SEQ ID NO: 20, амінокислотні залишки з 20 по  
 45 послідовності SEQ ID NO: 21, амінокислотні залишки з 20 по 45 послідовності SEQ ID NO: 22,  
 амінокислотні залишки з 20 по 45 послідовності SEQ ID NO: 23, амінокислотні залишки з 20 по  
 25 45 послідовності SEQ ID NO: 24, амінокислотні залишки з 21 по 46 послідовності SEQ ID NO: 25,  
 амінокислотні залишки з 21 по 46 послідовності SEQ ID NO: 26, амінокислотні залишки з 21 по  
 46 послідовності SEQ ID NO: 27, амінокислотні залишки з 21 по 46 послідовності SEQ ID NO: 28,  
 амінокислотні залишки з 21 по 46 послідовності SEQ ID NO: 29, амінокислотні залишки з 21 по  
 46 послідовності SEQ ID NO: 30, амінокислотні залишки з 21 по 46 послідовності SEQ ID NO: 31,  
 30 амінокислотні залишки з 4 по 29 послідовності SEQ ID NO: 32, амінокислотні залишки з 23 по 48  
 послідовності SEQ ID NO: 33, амінокислотні залишки з 23 по 48 послідовності SEQ ID NO: 34  
 або амінокислотні залишки з 23 по 48 послідовності SEQ ID NO: 35.

Поліпептид DA2 може додатково містити другий консенсусний домен. Другий консенсусний  
 домен може бути виявлений в 5'-3' напрямку (тобто на C-кінцевій стороні) RING-домену. Другий  
 35 консенсусний домен може складатися з амінокислотної послідовності SEQ ID NO: 37.

(N/S)YAVEYRG(V/G)K(T/S)KEE(K/R)(G/S)(V/T/I/F/L/M)EQ(L/I/V/F)EEQ(R/L/K)VIEA(Q/K)(I/M)RM  
 R(H/Q)(K/Q)(E/A) (SEQ ID NO: 37).

У деяких переважних варіантах реалізації винаходу поліпептид DA2 може містити другий  
 консенсусний домен амінокислотної послідовності DA2, представлений в таблиці 2, наприклад,  
 40 амінокислотні залишки з 106 по 141 послідовності SEQ ID NO: 20, амінокислотні залишки з 106  
 по 141 послідовності SEQ ID NO: 21, амінокислотні залишки з 106 по 141 послідовності SEQ ID  
 NO: 22, амінокислотні залишки з 106 по 141 послідовності SEQ ID NO: 23, амінокислотні  
 залишки з 106 по 141 послідовності SEQ ID NO: 24, амінокислотні залишки з 107 по 143  
 послідовності SEQ ID NO: 25, амінокислотні залишки з 107 по 143 послідовності SEQ ID NO: 26,  
 45 амінокислотні залишки з 107 по 143 послідовності SEQ ID NO: 27, амінокислотні залишки з 108  
 по 144 послідовності SEQ ID NO: 28, амінокислотні залишки з 109 по 145 послідовності SEQ ID  
 NO: 29, амінокислотні залишки з 111 по 147 послідовності SEQ ID NO: 30, амінокислотні  
 залишки з 107 по 143 послідовності SEQ ID NO: 31, амінокислотні залишки з 90 по 125  
 послідовності SEQ ID NO: 32, амінокислотні залишки з 108 по 143 послідовності SEQ ID NO: 33,  
 50 амінокислотні залишки з 108 по 143 послідовності SEQ ID NO: 34 або амінокислотні залишки з  
 108 по 143 послідовності SEQ ID NO: 35.

Додаткові приклади підходящих послідовностей першого та другого доменів можуть бути  
 ідентифіковані за допомогою стандартних методик аналізу послідовностей, як описано в даній  
 заявці (наприклад, Простого засобу дослідження з модульної архітектури (SMART);  
 55 Європейська молекулярно-біологічна лабораторія, Гейдельберг, Німеччина).

У деяких переважних варіантах реалізації винаходу поліпептид DA2, чия експресія або  
 активність знижена, як описано в даній заявці, може містити RING-домен послідовності SEQ ID  
 NO: 2, перший консенсусний домен послідовності SEQ ID NO: 36 і другий консенсусний домен  
 послідовності SEQ ID NO: 37.

Наприклад, поліпептид DA2 може містити будь-яке сполучення послідовності RING-домену, послідовності першого консенсусного домену та послідовності другого консенсусного домену, як зазначено вище.

Підходящий поліпептид DA2 може містити амінокислотну послідовність кожної з послідовностей SEQ ID NO: 20-35, як зазначено в таблиці 2, або може бути варіантом однієї з цих послідовностей. У деяких переважних варіантах реалізації винаходу поліпептид DA2 може містити амінокислотну послідовність SEQ ID NO: 28 або 33 (OsGW2), SEQ ID NO: 24 (AtDA2), SEQ ID NO: 25 або SEQ ID NO: 31 (TaGW2) або може бути варіантом кожної з цих послідовностей, які мають убіквітинлігазу (E3) активність.

Поліпептид DA2, що є варіантом кожної з послідовностей SEQ ID NO: 20-35 або іншої референтної послідовності DA2, може містити амінокислотну послідовність, ідентичну щонайменше на 20 %, щонайменше на 30 %, щонайменше на 40 %, щонайменше на 50 %, щонайменше на 60 %, щонайменше на 70 %, щонайменше на 80 %, щонайменше на 90 %, щонайменше на 95 % або щонайменше на 98 % референтній послідовності DA2.

Поліпептид DA2, який є варіантом кожної з послідовностей SEQ ID NO: 20-35, може додатково містити RING-домен, що має послідовність SEQ ID NO: 2, перший консенсусний домен, що має послідовність SEQ ID NO: 36, і другий консенсусний домен, що має послідовність SEQ ID NO: 37. Приклади підходящих послідовностей зазначені вище. У деяких переважних варіантах реалізації винаходу поліпептид DA2 може містити RING-домен, перший консенсусний домен і другий консенсусний домен, що мають послідовності відповідно до кожної з послідовностей SEQ ID NO: 20-35.

Нуклеїнова кислота, що кодує поліпептид DA2, може містити нуклеотидну послідовність, наведену в обліковому записі бази даних, вибраної з групи, яка складається з JN896622.1 GI:408743658 (TaGW2-A); і JN896623.1 GI:408743660 (TaGW2-B), або може бути варіантом однієї з цих послідовностей.

У деяких переважних варіантах реалізації винаходу нуклеїнова кислота, що кодує поліпептид DA2, може містити нуклеотидну послідовність, кодуючу AtDA2, AtDAL2, OsGW2, TaGW2-A або TaGW2-B, або може бути варіантом кожної з цих послідовностей DA2, що кодує поліпептид з активністю, як у DA2.

Поліпептиди DA2 і кодуєчі нуклеїнові кислоти можуть бути ідентифіковані у будь-якого виду рослин, що цікавить, особливо, у культурної рослини, такої як пшениця, ячмінь, кукурудза, рис, соя та інша сільськогосподарська культура, за допомогою стандартних методик аналізу послідовностей.

У даній заявці показано, що зниження експресії або активності DA2 у рослини синергетично підсилює ефект, який чинить на пов'язані з врожайністю ознаки в рослин, від мутацій, які знижують активність або експресію DA1. У переважних варіантах реалізації винаходу способи, описані в даній заявці, можуть включати зниження експресії DA2 у рослини, що є дефіцитною за експресією або активністю DA1, або зниженням експресії обох DA1 і DA2 у рослини.

Поліпептиди DA1 є убіквітиновими рецепторами, знайденими в рослин, і докладно описані в Li et al (2008), Wang, et al (2012) і WO2009/047525. Поліпептиди DA1, чия експресія або активність знижена, як описано в даній заявці, можуть містити LIM-домен, консервативний C-кінцевий домен і один або більше UIM-доменів.

LIM-домен включає два мотиви "цинковий палець" і може мати амінокислотну послідовність (SEQ ID NO:38):

$C(X)_2C(X)_{16-23}(H/C)(X)_{2/4}(C/H/E)(X)_2C(X)_2C(X)_{14-21}(C/H)(X)_{2/1/3}(C/H/D/E)X$

де X – це будь-яка амінокислота, і цинк-координуючі амінокислотні залишки підкреслені.

Цинк-координуючими амінокислотними залишками в LIM-домені можуть бути C, H, D або E, переважно C.

У деяких переважних варіантах реалізації даного винаходу LIM-домен може містити мотиви CXXC, HXXCXXCXXC і HXXC, де X – це будь-яка амінокислота. Наприклад, LIM-домен може містити амінокислотну послідовність (SEQ ID NO:39):

$C(X)_2C(X)_{16-23}(H)(X)_2(C)(X)_2C(X)_2C(X)_{14-21}H(X)_2CX$

де X – це будь-яка амінокислота, і цинк-координуючі амінокислотні залишки підкреслені.

У деяких варіантах реалізації даного винаходу LIM-домен може містити амінокислотну послідовність LIM-домену AtDA1:

CAGCNMEIGHGRFLNCLNSLWHPECFRCYGCSQPISEYEFSTSGNYPFHKACY

(SEQ ID NO: 40; цинк-координуючі залишки підкреслені)

Інші LIM-домени включають LIM-домен амінокислотної послідовності DA1, представленої в таблиці 3, наприклад, амінокислотні залишки з 141 по 193 послідовності SEQ ID NO: 41 (Si\_GI-514815267.pro), амінокислотні залишки з 123 по 175 послідовності SEQ ID NO: 42 (Bd\_GI-

357157184.pro), амінокислотні залишки з 155 по 207 послідовності SEQ ID NO: 43(Br\_DA1b.pro), амінокислотні залишки з 172 по 224 послідовності SEQ ID NO: 44 (Br\_DA1a.pro), амінокислотні залишки з 172 по 224 послідовності SEQ ID NO: 45 (At\_GI-15221983.pro), амінокислотні залишки з 117 по 169 послідовності SEQ ID NO: 46 (Tc\_GI-508722773.pro), амінокислотні залишки з 117 по 169 послідовності SEQ ID NO: 47 (Gm\_GI-356564241.pro), амінокислотні залишки з 121 по 173 послідовності SEQ ID NO: 48 (Gm\_GI-356552145.pro), амінокислотні залишки з 119 по 171 послідовності SEQ ID NO: 49 (Vv\_GI-302142429.pro), амінокислотні залишки з 122 по 174 послідовності SEQ ID NO: 50 (Vv\_GI-359492104.pro), амінокислотні залишки з 125 по 177 послідовності SEQ ID NO: 51 (Sl\_GI-460385048.pro), амінокислотні залишки з 516 по 568 послідовності SEQ ID NO: 52 (Os\_GI-218197709.pro), амінокислотні залишки з 124 по 176 послідовності SEQ ID NO: 53 (Os\_GI-115466772.pro), амінокислотні залишки з 150 по 202 послідовності SEQ ID NO: 54 (Bd\_GI-357160893.pro), амінокислотні залишки з 132 по 184 послідовності SEQ ID NO: 55 (Bd\_GI-357164660.pro), амінокислотні залишки з 124 по 176 послідовності SEQ ID NO: 56 (Sb\_GI-242092232.pro), амінокислотні залишки з 147 по 199 послідовності SEQ ID NO: 57 (Zm\_GI-212275448.pro), амінокислотні залишки з 190 по 242 послідовності SEQ ID NO: 58 (At\_GI-240256211.pro), амінокислотні залишки з 162 по 214 послідовності SEQ ID NO: 59 (At\_GI-145360806.pro), амінокислотні залишки з 1240 по 1291 послідовності SEQ ID NO: 60 (At\_GI-22326876.pro), амінокислотні залишки з 80 по 122 послідовності SEQ ID NO: 61 (At\_GI-30698242.pro), амінокислотні залишки з 347 по 402 послідовності SEQ ID NO: 62 (At\_GI-30698240.pro), амінокислотні залишки з 286 по 341 послідовності SEQ ID NO: 63 (At\_GI-15240018.pro) або амінокислотні залишки з 202 по 252 послідовності SEQ ID NO: 64 (At\_GI-334188680.pro).

Послідовності LIM-домену можуть бути ідентифіковані за допомогою стандартних методик аналізу послідовностей (наприклад, Простого засобу дослідження з модульної архітектури (SMART); Європейська молекулярно-біологічна лабораторія, Гейдельберг, Німеччина).

Крім LIM-домену білок DA1 може додатково містити карбоксильну кінцеву ділянку, що має амінокислотну послідовність, ідентичну щонайменше на 20 %, щонайменше на 30 %, щонайменше на 40 %, щонайменше на 50 %, щонайменше на 60 %, щонайменше на 70 %, щонайменше на 80 %, щонайменше на 90 %, щонайменше на 95 %, або щонайменше на 98 % послідовності амінокислотних залишків з 198 по 504 послідовності SEQ ID NO: 41, амінокислотні залишки з 180 по 487 послідовності SEQ ID NO: 42, амінокислотні залишки з 212 по 514 послідовності SEQ ID NO: 43, амінокислотні залишки з 229 по 532 послідовності SEQ ID NO: 44, амінокислотні залишки з 229 по 532 послідовності SEQ ID NO: 45, амінокислотні залишки з 174 по 478 послідовності SEQ ID NO: 46, амінокислотні залишки з 174 по 474 послідовності SEQ ID NO: 47, амінокислотні залишки з 178 по 478 послідовності SEQ ID NO: 48, амінокислотні залишки з 176 по 462 послідовності SEQ ID NO: 49, амінокислотні залишки з 179 по 482 послідовності SEQ ID NO: 50, амінокислотні залишки з 182 по 486 послідовності SEQ ID NO: 51, амінокислотні залишки з 573 по 878 послідовності SEQ ID NO: 52, амінокислотні залишки з 181 по 486 послідовності SEQ ID NO: 53, амінокислотні залишки з 207 по 512 послідовності SEQ ID NO: 54, амінокислотні залишки з 189 по 491 послідовності SEQ ID NO: 55, амінокислотні залишки з 181 по 486 послідовності SEQ ID NO: 56, амінокислотні залишки з 204 по 508 послідовності SEQ ID NO: 57, амінокислотні залишки з 247 по 553 послідовності SEQ ID NO: 58, амінокислотні залишки з 219 по 528 послідовності SEQ ID NO: 59, амінокислотні залишки з 1296 по 1613 послідовності SEQ ID NO: 60, амінокислотні залишки з 128 по 450 послідовності SEQ ID NO: 61, амінокислотні залишки з 404 по 702 послідовності SEQ ID NO: 62, амінокислотні залишки з 343 по 644 послідовності SEQ ID NO: 63 або амінокислотні залишки з 256 по 587 послідовності SEQ ID NO: 64.

Карбоксильна кінцева ділянка білка DA1 може містити металопептидазний мотив HEMMH (SEQ ID NO: 65).

Карбоксильна кінцева ділянка може додатково містити мотив EK(X)<sub>8</sub>R(X)<sub>4</sub>SEEQ (SEQ ID NO: 66) або EK(X)<sub>8</sub>R(X)<sub>4</sub>SEQ (SEQ ID NO: 67), розташований між LIM-доменом і мотивом HEMMH.

Крім LIM-домену і консервативної карбоксильної кінцевої ділянки білок DA1 може містити UIM1-домен і UIM2-домен. Домени UIM1 і UIM2 можуть розташовуватися між N-кінцем і LIM-доменом білка DA1.

UIM1-домен може складатися з послідовності SEQ ID NO: 68, і UIM2-домен може складатися з послідовності SEQ ID NO: 69.

p---pLpbAl pb.Sbp.pp p (SEQ ID NO: 68)

p---pLpbAl pb.Sbp-spp p (SEQ ID NO: 69)

де:

p – це полярний амінокислотний залишок, наприклад, C, D, E, H, K, N, Q, R, S або T;

b – це великий за розміром амінокислотний залишок, наприклад, E, F, H, I, K, L, M, Q, R, W або Y;

s – це маленький за розміром амінокислотний залишок, наприклад, A, C, D, G, N, P, S, T або V;

5 I – це аліфатичний амінокислотний залишок, наприклад, I, L або V;

. – це відсутність амінокислоти або це будь-яка амінокислота, i

- – це будь-яка амінокислота.

Додаткові приклади послідовностей доменів UIM1 і UIM2 можуть бути ідентифіковані за допомогою стандартних методик аналізу послідовностей, як описано в даній заявці (наприклад, Простого засобу дослідження з модульної архітектури (SMART); Європейська молекулярно-біологічна лабораторія, Гейдельберг, Німеччина).

У деяких переважних варіантах реалізації даного винаходу поліпептид DA1 може містити:

LIM-домен, що має послідовність SEQ ID NO: 39,

15 C-кінцеву область, ідентичну щонайменше на 20 % амінокислотним залишкам з 229 по 532 послідовності SEQ ID NO: 45 або еквівалентній ділянці кожної з послідовностей SEQ NO: 41-44 або SEQ NO: 46-64, як зазначено вище, i, що містить мотив EK(X)8R(X)4SEEQ або EK(X)8R(X)4SEQ і мотив HEMMH,

UIM-домен, що має послідовність SEQ ID NO:66 і

UIM-домен, що має послідовність SEQ ID NO:67.

20 Білок DA1 може містити амінокислотну послідовність білка DA1 рослин, представлену в таблиці 3 (послідовності SEQ ID NO: 41-64) або може бути гомологом або варіантом однієї з цих послідовностей, що має активність, як в DA1. Наприклад, поліпептид DA1 може містити амінокислотну послідовність, представлену в таблиці 3 (послідовності SEQ ID NO: 41-64) або може бути варіантом однієї з цих послідовностей, що має активність, як в DA1.

25 Наприклад, поліпептид DA1 може містити амінокислотну послідовність AtDA1, AtDAR1, AtDAR2, AtDAR3, AtDAR4, AtDAR5, AtDAR6, AtDAR7, BrDA1a, BrDA1b, BrDAR1, BrDAR2, BrDAR3-7, BrDAL1, BrDAL2, BrDAL3, OsDA1, OsDAR2, OsDAL3, OsDAL5, PpDAL1, PpDAL2, PpDAL3, PpDAL4, PpDAL5, PpDAL6, PpDAL7, PpDAL8, SmDAL1, SmDAL2 або ZmDA1 або гомолог або варіант однієї з цих послідовностей.

30 У деяких переважних варіантах реалізації винаходу поліпептид DA1 може містити амінокислотну послідовність білка AtDA1 (AT1G19270; NP\_173361.1 GI: 15221983) або може бути варіантом цієї послідовності, що має активність, як в DA1.

35 Інші послідовності білка DA1, які включають характерні риси, зазначені вище, можуть бути ідентифіковані за допомогою стандартних засобів аналізу послідовностей. Фахівець зможе без труднощів ідентифікувати послідовності нуклеїнових кислот, кодуєчі білки DA1, у будь-якого виду рослин, що цікавить.

Білок DA1 у виду рослин, що цікавить, може мати амінокислотну послідовність, що є варіантом референтної амінокислотної послідовності білка DA1, зазначеної в даній заявці.

40 Поліпептид DA1, що є варіантом референтної послідовності DA1, такої як кожна з послідовностей SEQ ID NO: 41-64, може містити амінокислотну послідовність, ідентичну щонайменше на 20 %, щонайменше на 30 %, щонайменше на 40 %, щонайменше на 50 %, щонайменше на 60 %, щонайменше на 70 %, щонайменше на 80 %, щонайменше на 90 %, щонайменше на 95 % або щонайменше на 98 % референтній послідовності.

45 Окремі варіанти амінокислотної послідовності, що зустрічаються у видів рослин, можуть відрізнятися від референтної послідовності, зазначеної в даній заявці, вставкою, додаванням, заміною або делецією 1 амінокислоти, 2, 3, 4, 5-10, 10-20, 20-30, 30-50 або більше 50 амінокислот.

50 У деяких варіантах реалізації винаходу поліпептид DA1, що є варіантом послідовності AtDA1 (SEQ ID NO: 45), може містити UIM1-домен, що має послідовність QENEDIDRAIALSLLEENQE (SEQ ID NO: 70), і UIM2-домен, що має послідовність DEDEQIARALQESMVVGNSP (SEQ ID NO: 71).

Поліпептид DA1, що є варіантом послідовності AtDA1 (SEQ ID NO: 45), може містити LIM-домен, що має послідовність:

ICAGCNMEIGHGRFLNCLNSLWHPECFRCYGCSQPISEYEFSTSGNYPFHKAC

55 (SEQ ID NO: 72)

Нуклеїнова кислота, що кодує поліпептид DA1, може містити нуклеотидну послідовність, наведену в обліковому записі бази даних, яка вибрана з групи, що складається з NM\_101785.3 GI:42562170 (AtDA1); NM\_001057237.1 GI:115454202 (OsDA1); BT085014.1 GI: 238008663 (ZmDA1), або може бути варіантом однієї з цих послідовностей, що кодує активний поліпептид DA1.

60

У деяких переважних варіантах реалізації даного винаходу нуклеїнова кислота, що кодує поліпептид DA1, може містити нуклеотидну послідовність AtDA1 (NM\_101785.3 GI: 42562170), ZmDA1 (BT085014.1 GI: 238008663), OsDA1 OsEOD1 або може бути варіантом кожної з цих послідовностей, що кодує поліпептид, яка зберігає активність, як в DA1.

5 Поліпептиди DA1 і кодуючі нуклеїнові кислоти можуть бути ідентифіковані у видів рослин, особливо, у культурних рослин, таких як пшениця, ячмінь, кукурудза, рис, соя та інші сільськогосподарські культури, за допомогою стандартних методик аналізу послідовностей.

У деяких переважних варіантах реалізації винаходу активність DA1 в одній або більше клітинах рослини може бути знижена шляхом експресії домінантно-негативного поліпептиду DA1 в одній або більше клітинах (див., наприклад, Li et al (2008); WO2009/047525; Wang et al 2012). Рослина, експресуюча домінантно-негативний поліпептид DA1, може мати фенотип da1-1.

Домінантно-негативний алель поліпептиду DA1 може містити поліпептид DA1, що має мутацію, наприклад, заміну або делецію, на місці консервативного амінокислотного залишку R, що розташований у положенні 358 амінокислотної послідовності DA1 в *A. thaliana*, положенні 333 амінокислотної послідовності DA1 в *Z. mays* або еквівалентному положенні іншої амінокислотної послідовності DA1. Наприклад, домінантно-негативний алель поліпептиду DA1 може містити мутацію консервативного амінокислотного залишку R у положенні, еквівалентному положенню 358 амінокислотної послідовності DA1 в *A. thaliana* або положенню 333 амінокислотної послідовності DA1 в *Z. mays*. У переважних варіантах реалізації даного винаходу консервативний амінокислотний залишок R може бути замінений на амінокислотний залишок K.

Консервативний амінокислотний залишок R, що розташований в амінокислотній послідовності DA1 у положенні, еквівалентному положенню 358 послідовності DA1 в *A. thaliana* (SEQ ID NO: 45) або положенню 333 поліпептиду послідовності DA1 в *Z. mays* (SEQ ID NO: 57), розташовується в амінокислотній послідовності DA1 у положенні, що відповідає амінокислотному залишку R333 послідовності SEQ ID NO:57 й амінокислотному залишку R358 послідовності SEQ ID NO:45, тобто це те ж саме положення щодо інших мотивів і доменів білка DA1. Консервативний амінокислотний залишок R розташований між LIM-доменом і пептидазним мотивом HEMMH C-кінцевої області й є повністю консервативним у тому самому контексті послідовності у білків DA1. Консервативний амінокислотний залишок R може бути включений у мотив EK(X)<sub>8</sub>R(X)<sub>4</sub>SEEQ (SEQ ID NO: 66) або EK(X)<sub>8</sub>R(X)<sub>4</sub>SEQ (SEQ ID NO: 67) у межах C-кінцевої області.

Консервативний амінокислотний залишок R може бути ідентифікований шляхом вирівнювання даних консервативних C-кінцевих областей за допомогою стандартних засобів аналізу та вирівнювання послідовностей, і він позначений стрілкою у послідовностях, наведених у таблиці 3.

Нуклеїнова кислота, що кодує домінантно-негативний алель білка DA1, може бути отримана за допомогою будь-якої зручної методики. Наприклад, можна використати сайт-спрямований мутагенез нуклеїнової кислоти, що кодує поліпептид DA1, щоб змінити консервативний амінокислотний залишок R у положенні, еквівалентному R358 поліпептиду DA1 в *A. thaliana* або R333 поліпептиду DA1 в *Zea mays*, наприклад, на амінокислотний залишок K. Реагенти і набори для мутагенезу *in vitro* можна вільно придбати.

У деяких варіантах реалізації винаходу нуклеїнова кислота, що кодує домінантно-негативний поліпептид DA1, як описано в даній заявці, може бути функціонально зв'язана з гетерологічною регуляторною послідовністю, такою як промотор, наприклад, конститутивний, індукований, тканиноспецифічний або специфічний для стадії розвитку промотор. Нуклеїнову кислоту, що кодує домінантно-негативний поліпептид DA1, можна включити в один або більше векторів. Наприклад, мутовану нуклеїнову кислоту, що кодує домінантно-негативний алель білка DA1, можна додатково клонувати в експресійний вектор і експресувати у клітинах рослини, як описано нижче, щоб змінити фенотип рослини.

В інших варіантах реалізації мутація може бути введена в ендегенну нуклеїнову кислоту DA1 у рослини, так що поліпептид DA1, кодований мутантною нуклеїновою кислотою DA1, має домінантно-негативну активність.

55 Нуклеїнова кислота, що кодує домінантно-негативний поліпептид DA1, може бути експресована в того самого виду рослин або сорту, з якого вона була початково виділена, або в іншого виду рослин або сорту (тобто гетерологічної рослини).

У даній заявці показано, що зниження або припинення експресії DA2 у рослини підсилює ефект від мутацій, які знижують експресію або активність EOD1, на пов'язані з врожайністю ознаки в рослин.



Способи, описані в даній заявці, можуть включати зниження експресії або активності DA2 у рослини, що є дефіцитною за експресією або активністю EOD1, або зниження експресії й активності обох DA2 і EOD1 у рослини. У переважних варіантах реалізації винаходу рослина може також бути дефіцитною за активністю DA1 або спосіб може додатково включати зниження або припинення експресії DA1 у рослини.

Поліпептиди EOD1 є убіквітинлігазами E3, знайденими в рослин, і докладно описані в Disch et al. (2006), Li et al (2008) і WO2009/047525.

Поліпептид EOD1, чия експресія або активність знижена, як описано в даній заявці, може містити EOD-домен. Підходящий EOD-домен може складатися з амінокислотної послідовності SEQ ID NO: 73:

(E/K)RCVICQ(L/M)(K/R/G/T/E)Y(K/R)(R/I)(G/K)(D/N/E)(R/Q/K/L)Q(I/M/V)(K/N/T/A)L(L/P)C(K/S)H(V/A)YH(S/T/G/A)(E/Q/D/S/G)C(I/G/T/V)(S/T)(K/R)WL(G/T/S)INK(V/I/A/K)CP(V/I)C (SEQ ID NO: 73)

У деяких переважних варіантах реалізації даного винаходу поліпептид EOD1 може містити EOD-домен, що має амінокислотну послідовність з амінокислотних залишків з 195 по 237 послідовності SEQ ID NO: 74 (Zm\_GI-223973923.pro), з амінокислотних залишків з 195 по 237 послідовності SEQ ID NO: 75 (Sb\_GI-242042045.pro), з амінокислотних залишків з 195 по 237 послідовності SEQ ID NO: 76 (Zm\_GI-226496789.pro), з амінокислотних залишків з 218 по 260 послідовності SEQ ID NO: 77 (Os\_GI-222624282.pro), з амінокислотних залишків з 196 по 238 послідовності SEQ ID NO: 78 (Os\_GI-115451045.pro), з амінокислотних залишків з 197 по 239 послідовності SEQ ID NO: 79 (Bd\_GI-357113826.pro), з амінокислотних залишків з 193 по 235 послідовності SEQ ID NO: 80 (Sl\_GI-460410949.pro), з амінокислотних залишків з 187 по 229 послідовності SEQ ID NO: 81 (Rc\_GI-255582236.pro), з амінокислотних залишків з 150 по 192 послідовності SEQ ID NO: 82 (Pt\_GI-224059640.pro), з амінокислотних залишків з 194 по 236 послідовності SEQ ID NO: 83 (Gm\_GI-356548935.pro), з амінокислотних залишків з 194 по 236 послідовності SEQ ID NO: 84 (Gm\_GI-356544176.pro), з амінокислотних залишків з 194 по 236 послідовності SEQ ID NO: 85 (Vv\_GI-359487286.pro), з амінокислотних залишків з 189 по 231 послідовності SEQ ID NO: 86 (Tc\_GI-508704801.pro), з амінокислотних залишків з 192 по 234 послідовності SEQ ID NO: 87 (Pp\_GI-462414664.pro), з амінокислотних залишків з 190 по 232 послідовності SEQ ID NO: 88 (Cr\_GI-482561003.pro), з амінокислотних залишків з 195 по 237 послідовності SEQ ID NO: 89 (At\_GI-22331928.pro) або з амінокислотних залишків з 195 по 237 послідовності SEQ ID NO: 90 (Sl\_GI-460370551.pro), як показано в таблиці 4.

Додаткові підходящі послідовності EOD-домену можуть бути ідентифіковані за допомогою стандартних методик аналізу послідовностей, як описано в даній заявці (наприклад, Простого засобу дослідження з модульної архітектури (SMART); Європейська молекулярно-біологічна лабораторія, Гейдельберг, Німеччина).

Поліпептид EOD1, чия експресія або активність знижена, як описано в даній заявці, може містити амінокислотну послідовність кожної з послідовностей SEQ ID NO: 74-90, як зазначено в таблиці 4. У деяких переважних варіантах реалізації даного винаходу поліпептид EOD1 може містити амінокислотну послідовність SEQ ID NO: 89 (AtEOD1) або SEQ ID NOS: 77 або 78 (OsEOD1) або може бути варіантом цієї послідовності, що зберігає активність, як в убіквітинлігази E3.

Поліпептид EOD1, що є варіантом кожної з послідовностей SEQ ID NO: 74-90 або іншої референтної послідовності EOD1, може містити амінокислотну послідовність, ідентичну щонайменше на 20 %, щонайменше на 30 %, щонайменше на 40 %, щонайменше на 50 %, щонайменше на 60 %, щонайменше на 70 %, щонайменше на 80 %, щонайменше на 90 %, щонайменше на 95 % або щонайменше на 98 % референтній послідовності EOD1.

Поліпептид EOD1, що є варіантом кожної з послідовностей SEQ ID NO: 74-90, може додатково містити EOD-домен, що має послідовність SEQ ID NO: 73. Приклади підходящих послідовностей зазначені вище.

Нуклеїнова кислота, що кодує поліпептид EOD1, може містити нуклеотидну послідовність, зазначену в обліковому записі бази даних, яка вибрана з групи, що складається з XM\_002299911.1 GI:224059639 (PtEOD1); XM\_002531864.1 GI:255582235 (RcEOD1); XM\_002279758.2 GI:359487285 (VvEOD1); XM\_003542806.1 GI:356548934 (GmEOD1a); XM\_003540482.1 GI:356544175 (GmEOD1b); XM\_002468372.1 GI:242042044 (SbEOD1); NM\_001147247.1 GI:226496788 (ZmEOD1); або NP\_001030922.1 GI: 79316205 (AtEOD1; At3g63530), або може бути варіантом однієї з цих послідовностей.

У деяких переважних варіантах реалізації винаходу нуклеїнова кислота, що кодує EOD1 поліпептид, може містити нуклеотидну послідовність, що кодує AtEOD1, або OsEOD1, або може бути варіантом кожної з цих послідовностей, що кодує поліпептид, що має активність, як в EOD1.

Поліпептиди EOD1 і кодуєчі нуклеїнові кислоти, чия експресія або активність знижена, як описано в даній заявці, можуть бути без труднощів ідентифіковані у будь-якого виду рослин, що цікавить, особливо, у культурної рослини, такої як пшениця, ячмінь, кукурудза, рис та інша сільськогосподарська культура, за допомогою стандартних методик аналізу послідовностей.

5 У даній заявці також показано, що мутація DA2 у рослин синергетично підсилює ефект від сполучення мутацій DA1 і EOD1 на пов'язані з врожайністю ознаки в рослин.

Спосіб, описаний у даній заявці, не обмежується окремим видом рослин, і експресія або активність DA2, DA1 і/або EOD1 може бути знижена у будь-якого виду рослин, що цікавить, як описано в даній заявці.

10 Поліпептид DA1, DA2 або EOD1 у виду рослин, що цікавить, можуть мати амінокислотну послідовність, що є варіантом відповідної референтної амінокислотної послідовності DA1, DA2 або EOD1, зазначеної в даній заявці. Поліпептид DA1, DA2 або EOD1, що є варіантом референтної послідовності, зазначеної в даній заявці, може містити амінокислотну послідовність, ідентичну щонайменше на 20 %, щонайменше на 30 %, щонайменше на 40 %, 15 щонайменше на 50 %, щонайменше на 60 %, щонайменше на 70 %, щонайменше на 80 %, щонайменше на 90 %, щонайменше на 95 % або щонайменше на 98 % референтній послідовності.

Окремі варіанти амінокислотної послідовності, що зустрічаються у виді рослин, можуть відрізнятися від референтної послідовності, зазначеної в даній заявці, вставкою, додаванням, 20 заміною або делецією 1 амінокислоти, 2, 3, 4, 5-10, 10-20, 20-30, 30-50 або більше 50 амінокислот.

Нуклеїнова кислота, що кодує DA1, DA2 або EOD1, у виді рослин, що цікавить, може мати нуклеотидну послідовність, що є варіантом відповідної референтної нуклеотидної послідовності DA1, DA2 або EOD1, зазначеної в даній заявці. Наприклад, варіант нуклеотидної послідовності 25 може бути гомологом або алелем референтної послідовності DA1, DA2 або EOD1, зазначеної в даній заявці, і може відрізнятися від референтної нуклеотидної послідовності DA1, DA2 або EOD1 на один або більше випадків додавання, вставки, делеції або заміни одного або більше нуклеотидів у нуклеїновій кислоті, наприклад 2, 3, 4, 5-10, 10-20, 20-30, 30-50 або більше 50 нуклеотидів, що призводить до додавання, вставки, делеції або заміни однієї або більше 30 амінокислот у кодованому поліпептиді. Звичайно, враховуються зміни в нуклеїновій кислоті, які не впливають на кодовану амінокислотну послідовність. Кодуючі DA1, DA2 або EOD1 нуклеїнові кислоти можуть містити послідовність, ідентичну щонайменше на 20 % або щонайменше на 30 % референтній послідовності нуклеїнової кислоти, переважно ідентичну щонайменше на 40 %, щонайменше на 50 %, щонайменше на 60 %, щонайменше на 65 %, щонайменше на 35 70 %, щонайменше на 80 %, щонайменше на 90 %, щонайменше на 95 % або щонайменше на 98 %. Ідентичність послідовностей описана вище.

Як правило, подібність й ідентичність послідовностей визначають відповідно до алгоритму GAP (програмний пакет Wisconsin, Accelrys, Сан-Дієго, США). GAP використовує алгоритм 40 Нідлмана-Вунша для вирівнювання двох закінчених послідовностей, алгоритм максимізує число збігів і мінімізує число розривів. Як правило, використовують параметри за замовчуванням із штрафом за створення розриву = 12 і штрафом за продовження розриву = 4. Використання GAP може бути переважніше, але можна використовувати й інші алгоритми, наприклад BLAST (який використовує метод Altschul et al. (1990) J. Mol. Biol. 215: 405-410), FASTA (який використовує метод 45 Pearson and Lipman (1988) PNAS USA 85: 2444-2448), або алгоритм Сміт-Уотермана (Smith and Waterman (1981) J. Mol Biol. 147: 195-197), або програму TBLASTN (Altschul et al. (1990) раніше), головним чином використовуючи параметри за замовчуванням. Зокрема можна використовувати алгоритм psi-BLAST (Position-specific-iterated BLAST) (Nucl. Acids Res. (1997) 25 3389-3402).

Порівняння послідовностей може бути проведене за всією довжиною значимої 50 послідовності, описаної в даній заявці.

Підходящі варіанти амінокислотної та нуклеотидної послідовності можуть бути ідентифіковані у будь-якого виду рослин, що цікавить, за допомогою стандартних методик аналізу послідовностей.

Нуклеотидна послідовність, що кодує DA1, DA2 або EOD1, що є варіантом референтної 55 послідовності нуклеїнової кислоти DA1, DA2 або EOD1, зазначеної в даній заявці, можна вибірково гібридизувати з цією послідовністю нуклеїнової кислоти або з її комплементарним ланцюгом у жорстких умовах.

Жорсткі умови включають, наприклад, для гібридизації послідовностей, які ідентичні 60 приблизно на 80-90 %, гібридизацію протягом ночі при 42 °C в 0,25M Na<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub>, pH 7,2, 6,5 % додецилсульфаті натрію (DCH), 10 % сульфаті декстрану і фінальне промивання при 55 °C в

0,1X розчині натрію цитрату та натрію хлориду (SSC), 0,1 % ДСН. Для виявлення послідовностей, в яких ідентичність більше приблизно 90 %, підходящі умови включають гібридизацію протягом ночі при 65 °C в 0,25M Na<sub>2</sub>HPO<sub>4</sub>, pH 7,2, 6,5 % ДСН, 10 % сульфаті декстрану і фінальне промивання при 60 °C в 0,1X SSC, 0,1 % ДСН.

5 Альтернативним варіантом, що може бути особливо підходящим для препаратів нуклеїнових кислот рослин, є розчин 5X SSPE (кінцева концентрація - 0,9 M NaCl, 0,05 M натрію фосфат, 0,005 M етилендіамінтетраацетат натрію (ЕДТА), pH 7,7), 5X розчин Денхардту, 0,5 % ДСН при 50 °C або 65 °C протягом ночі. Промивання можна проводити в 0,2X SSC/0,1 % ДСН при 65 °C або при 50-60 °C в 1X SSC/0,1 % ДСН як буде потрібно.

10 Нуклеїнові кислоти, як описано в даній заявці, можуть бути повністю або частково синтетичними. Зокрема, вони можуть бути рекомбінантними в тому розумінні, що послідовності нуклеїнових кислот, які не можна виявити разом у природі (не є суміжними), леговані або іншим способом штучно об'єднані. Альтернативно, вони можуть бути прямо синтезовані, наприклад, за допомогою автоматичного синтезатора.

15 Експресія нуклеїнової кислоти DA2 і нуклеїнової кислоти DA1 і/або EOD1 може бути знижена або припинена в одній або більше клітинах рослини за допомогою будь-якої підходящої методики.

Способи зниження експресії й активності поліпептиду DA2 і поліпептиди DA1 і/або EOD1 у рослини добре відомі в даній області техніки й описані більш докладно нижче. У деяких  
20 варіантах реалізації винаходу експресія активного поліпептиду DA2, DA1 і/або EOD1 може бути знижена в клітині рослини, переважно припинена, шляхом введення мутації у послідовність нуклеїнової кислоти, що кодує поліпептид або яка регулює експресію подібної послідовності нуклеїнової кислоти. Мутація може порушувати експресію або функціонування поліпептиду DA2, DA1 і/або EOD1. Підходящі мутації включають нокаут-мутації та нокадаун-мутації. У деяких  
25 варіантах реалізації даного винаходу мутація може призводити до появи домінантно-негативного алеля DA1. Рослина може бути потім регеновувана з мутованої клітини. Нуклеїнові кислоти можуть мутувати у результаті вставки або делеції одного або більше нуклеотидів. Методики мутагенезу, інактивації або нокауту генів-мішеней добре відомі в даній області техніки (див., наприклад, *In Vitro Mutagenesis Protocols*; *Methods in Molecular Biology* (2nd edition) Ed Jeff  
30 Braman; Sambrook J et al. 2012. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual* (4th Edition) CSH Press; *Current Protocols in Molecular Biology*; Ed Ausubel et al (2013) Wiley). У деяких варіантах реалізації винаходу мутації можуть бути введені в ген-мішень EOD1, DA2 або DA1 за допомогою методик редагування генома, наприклад, РНК-направляємих нуклеазних методик, таких як з нуклеазами CRISPR, з нуклеазами з доменами "цинкові пальці" (ZFN) та з  
35 трансактиватор-подібними ефекторними нуклеазами (TALEN) (Urnov, F.D. et al *Nature reviews. Genetics* 11, 636-646 (2010); Joung, J.K. et al. *Nature reviews. Molecular cell biology* 14, 49-55 (2013); Gasiunas, G. et al *PNAS USA* 109, E2579-2586 (2012); Cong, L. et al. *Science* 339, 819-823 (2013)).

Мутації у послідовності, які знижують експресію або активність, можуть включати делецію, вставку або заміну одного або більше нуклеотидів відносно нуклеотидної послідовності дикого  
40 типу, ампліфікацію гена або збільшення або зниження метилювання, наприклад, гіперметилювання. Одна або більше мутацій можуть бути в кодуючій або не кодуючій області послідовності нуклеїнової кислоти. Мутації в кодуючій області, що кодує компонент гена, можуть перешкоджати трансляції повнорозмірного активного білка, тобто це мутації, що усикають, або  
45 допускають трансляцію повнорозмірного, але неактивного білка або білка з недостатньою функцією, тобто це місенс-мутації. Мутації або епігенетичні зміни, такі як метилювання, в некодуючих областях кодуючого компонент гена, наприклад, у регуляторному елементі, можуть перешкоджати транскрипції гена. Нуклеїнова кислота, що містить одну або більше мутацій у послідовності, може кодувати варіант поліпептиду, що має знижену або нульову активність, або  
50 може кодувати поліпептид дикого типу, що має слабку експресію або не експресується в клітині, наприклад, у результаті зміненої активності регуляторного елемента. Нуклеїнова кислота, що містить одну або більше мутацій у послідовності, може мати одну, дві, три, чотири або більше мутацій відносно немутованої послідовності.

Наприклад, активність EOD1 може бути знижена, переважно припинена, шляхом введення мутації, такої як делеція, вставка або заміна, у положення, що відповідає положенню 44  
55 послідовності SEQ ID NO: 89, наприклад, заміни амінокислотного залишку А на амінокислотний залишок Т. Положення у послідовності поліпептиду EOD1, що еквівалентно положенню 44 послідовності SEQ ID NO: 89, може бути ідентифіковане за допомогою стандартних засобів аналізу та вирівнювання послідовностей, як показано у таблиці 4.

Кодуючі DA2, DA1 і EOD1 послідовності можуть бути ідентифіковані у будь-якого виду рослин, що цікавить, за допомогою стандартних методик аналізу послідовностей, наприклад, шляхом порівняння з референтними послідовностями, зазначеними в даній заявці.

Фахівцю будуть швидко очевидні мутації, що підходять для припинення експресії активного поліпептиду DA2, DA1 і/або EOD1.

У деяких переважних варіантах реалізації даного винаходу мутація, що знижує або припиняє експресію або активність DA2, може бути введена в клітину рослини, що експресує домінантно-негативний поліпептид DA1 і при необхідності містить або i) гетерологічну нуклеїнову кислоту, що кодує супресорну для EOD1 нуклеїнову кислоту, або ii) мутацію, що знижує експресію або активність EOD1.

У деяких варіантах реалізації винаходу експресія поліпептиду DA1, DA2 і/або EOD1 може бути знижена в клітині рослини шляхом експресії гетерологічної нуклеїнової кислоти, що кодує або транскрибує супресорну нуклеїнову кислоту, наприклад, супресорну РНК або молекулу для РНК-інтерференції, у клітинах зазначеної рослини. Супресорна РНК пригнічує експресію свого поліпептиду-мішені (тобто DA1, DA2 або EOD1) у клітинах рослини.

Нуклеїнові кислоти, як описано в даній заявці, можуть бути повністю або частково синтетичними. Зокрема, вони можуть бути рекомбінантними в тому розумінні, що послідовності нуклеїнових кислот, які не можна виявити разом у природі (не є суміжними), леговані або іншим способом штучно об'єднані. Альтернативно, вони можуть бути прямо синтезовані, наприклад, за допомогою автоматичного синтезатора.

Звичайно, нуклеїнова кислота може бути дволанцюговою або одностанцюговою, кДНК або геномної ДНК або РНК. Нуклеїнова кислота може бути повністю або частково синтетичною залежно від мети. Для фахівця очевидно, що в тих випадках, коли нуклеїнова кислота включає РНК, послідовність на основі представленої послідовності повинна бути інтерпретована як послідовність на основі РНК-еквіваленту з нуклеотидом U заміненним на нуклеотид Т.

Термін "гетерологічний" вказує на те, що розглянутий ген/послідовність нуклеотидів або розглянута послідовність, що регулює ген/послідовність, була введена в згадані клітини рослини або його предка за допомогою генної інженерії або рекомбінантних засобів, тобто шляхом втручання людини. Нуклеотидні послідовності, гетерологічні для клітини рослини, можуть не зустрічатися у природі в клітинах такого типу, сорту або виду (тобто бути екзогенними або чужорідними), або можуть бути послідовностями, які не зустрічаються у природі в цьому субклітинному або геномному середовищі клітин, або можуть бути послідовностями, для яких не характерна регуляція в цих клітинах, тобто функціонально пов'язані з нехарактерним регуляторним елементом.

Супресія експресії поліпептиду-мішені в клітинах рослини добре відома в даній області техніки. Підходяща супресорна нуклеїнова кислота може бути копією всього або частини гена-мішені DA1, DA2 і/або EOD1, вставленої в антисенсовій або сенсовій орієнтації або обох орієнтаціях щодо гена DA1, DA2 і/або EOD1, щоб досягти зниження експресії генів-мішені. Див., наприклад, van der Krol et al., (1990) *The Plant Cell* 2, 291-299; Napoli et al., (1990) *The Plant Cell* 2, 279-289; Zhang et al., (1992) *The Plant Cell* 4, 1575-1588, and US-A-5,231,020. Додаткові тонкості даного підходу можна знайти в WO95/34668 (Biosource); Angell & Baulcombe (1997) *The EMBO Journal* 16, 12:3675-3684; i Voinnet & Baulcombe (1997) *Nature* 389: с. 553.

У деяких варіантах реалізації винаходу супресорна нуклеїнова кислота може бути сенсовим супресором експресії поліпептиду DA1, DA2 і/або EOD1.

Підходяща сенсова супресорна нуклеїнова кислота може бути дволанцюговою РНК (Fire A. et al *Nature*, Vol 391, (1998)). Опосередкований дволанцюговою РНК сайленсинг є ген-специфічним і, як правило, називається РНК-інтерференцією. РНК-інтерференція – це двоетапний процес. Спочатку, дволанцюгова РНК розщеплюється в клітині з одержанням коротких інтерферуючих РНК (кіРНК) довжиною приблизно 21-23 нуклеотиди з 5'-кінцевим фосфатом і короткими 3'-липкими кінцями (приблизно в 2 нуклеотиди). Короткі інтерферуючі РНК вибирають як мішень відповідну послідовність мРНК саме для руйнування (Zamore P.D. *Nature Structural Biology*, 8, 9, 746-750, (2001)).

Короткі інтерферуючі РНК (іноді називані мікроРНК) пригнічують експресію генів шляхом зв'язування з комплементарними РНК й/або запуском знищення мРНК (РНК-інтерференція), або припиненням трансляції мРНК у білок. Коротка інтерферуюча РНК може бути отримана в результаті процесингу довгих дволанцюгових РНК і, як правило, зустрічаючись у природі, має екзогенне походження. Мікро-інтерферуючі РНК (мікроРНК) є ендогенно кодованими малими некодуючими РНК, які одержують в результаті процесингу коротких шпильок. Обидві кіРНК і мікроРНК можуть інгібувати трансляцію мРНК, що несе частково комплементарні послідовності-

мішені, без розщеплення РНК і деградувати мРНК, що несуть повністю комплементарні послідовності.

Відповідно, згідно з даним винаходом запропоноване застосування послідовностей для РНК-інтерференції на основі послідовності нуклеїнової кислоти DA1, DA2 і/або EOD1 для пригнічення експресії поліпептиду DA1, DA2 і/або EOD1. Наприклад, послідовність для РНК-інтерференції може відповідати фрагменту референтної нуклеотидної послідовності DA1, DA2 або EOD1, зазначеної в даній заявці, або може бути варіантом такої.

Як правило, молекули кіРНК є дволанцюговими, і переважно для оптимізації ефективності РНК-опосередкованого пригнічення функції генів-мішені, щоб довжина та послідовність молекули кіРНК вибиралася з метою гарантувати правильне розпізнавання кіРНК РНК-індукованим комплексом сайленсингу (комплексом RISC), що опосередковує розпізнавання кіРНК мРНК-мішені, і так, щоб кіРНК була досить короткою для зменшення відповіді з боку клітини-хазяїна.

Ліганди мікроРНК є, як правило, одноланцюговими та мають частково комплементарні ділянки, що дозволяє лігандам утворювати шпильку. МікроРНК є послідовностями РНК, які транскрибуються з ДНК, але не транслюються у білок. Послідовність ДНК, що кодує мікроРНК, довша, ніж мікроРНК. Ця послідовність ДНК включає послідовність мікроРНК і частково комплементарну у зворотньому їй напрямку послідовність. Коли дана послідовність ДНК транскрибується в одноланцюгову молекулу РНК, послідовність мікроРНК та її комплементарна у зворотньому напрямку пара основ утворюють частково дволанцюговий РНК-сегмент. Розробка послідовностей мікроРНК розглядається в John et al, PLo Biology, 11(2), 1862-1879, 2004.

Як правило, молекули РНК, призначені для імітації ефектів кіРНК і мікроРНК, мають від 10 до 40 рибонуклеотидів (або їхніх синтетичних аналогів), більш переважно від 17 до 30 рибонуклеотидів, більш переважно від 19 до 25 рибонуклеотидів і найбільш переважно від 21 до 23 рибонуклеотидів. У деяких варіантах реалізації даного винаходу із застосуванням дволанцюгової кіРНК молекула може мати симетричні 3'-липкі кінці, наприклад, з одного або двох (рибо)нуклеотидів, як правило, нуклеотидів UU з dTd 3'-липкі кінці. Ґрунтуючись на наданому описі даного винаходу, фахівець може без труднощів розробити підходящі послідовності кіРНК і мікроРНК, наприклад, за допомогою ресурсів, таких як шукач кіРНК (Ambion). Послідовності кіРНК і мікроРНК можуть бути отримані синтетично та додані екзогенно, щоб викликати пригнічення експресії гена, або можуть бути отримані із застосуванням систем експресії (наприклад, векторів). У переважному варіанті реалізації даного винаходу кіРНК синтезується штучно.

Більш довгі дволанцюгові РНК можуть бути процесовані в клітині з одержанням кіРНК (див., наприклад, Myers (2003) Nature Biotechnology 21:324-328). Більш довгі молекули дволанцюгової РНК можуть мати симетричні 3' або 5'-липкі кінці, наприклад, з одного або двох (рибо)нуклеотидів, або можуть мати тупі кінці. Більш довгі молекули дволанцюгової РНК можуть бути довжиною 25 нуклеотидів або більше. Більш бажано, щоб більш довгі молекули дволанцюгової РНК мали довжину від 25 до 30 нуклеотидів. Найбільше бажано, щоб більш довгі молекули дволанцюгової РНК мали довжину 27 нуклеотидів. Дволанцюгові РНК довжиною 30 нуклеотидів і більше можуть бути експресовані з використанням вектора pDECAP (Shinagawa et al., Genes and Dev., 17, 1340-5, 2003).

Іншим альтернативним варіантом є експресія короткої шпилькової молекули РНК у клітині. Короткі шпилькові РНК (кшРНК) більш стабільні, ніж синтетичні кіРНК. Коротка шпилькова РНК складається з коротких інвертованих повторів, розділених малою послідовністю-петлею. Один інвертований повтор комплементарний гену-мішені. У клітині кшРНК піддаються процесингу білком DICER у кіРНК, які деградують мРНК гена-мішені та придушують експресію. У переважному варіанті реалізації даного винаходу кшРНК одержують ендогенно (всередині клітини) шляхом транскрипції з вектора. Короткі шпилькові РНК можна одержати всередині клітини за допомогою трансфікування клітини вектором, що кодує послідовність кшРНК під контролем промотору РНК-полімерази III, такого як промотор H1 або 7SK людини, або під контролем промотору РНК-полімерази II. Альтернативно, кшРНК можна синтезувати екзогенно (in vitro) шляхом транскрипції з вектора. Після цього кшРНК може бути прямо введена в клітину. Бажано, щоб молекула кшРНК частково містила послідовність DA1, DA2 і/або EOD1. Наприклад, послідовність кшРНК довжиною від 40 до 100 нуклеотидних основ, більш переважно довжиною від 40 до 70 нуклеотидних основ. "Стебло" шпильки має довжину переважно від 19 до 30 пар основ. "Стебло" може містити пари G-U для стабілізації шпилькової структури.

Молекули кіРНК, молекули більш довгої дволанцюгової РНК або молекули мікроРНК можуть бути отримані рекомбінантним способом за допомогою транскрипції послідовності нуклеїнової

кислоти, переважно включеної у вектор. Бажано, щоб молекула кiРНК, молекула більш довгої дволанцюгової РНК або молекула мікроРНК частково містила послідовність референтної нуклеотидної послідовності DA2, DA1 або EOD1, зазначеної в даній заявці, або варіант такої.

В інших варіантах реалізації винаходу супресорна нуклеїнова кислота може бути антисенсовим супресором експресії поліпептиду DA1, DA2 і/або EOD1. При застосуванні антисенсових послідовностей для пригнічення експресії гена нуклеотидна послідовність міститься під контролем промотору в такій "зворотній орієнтації", що транскрипція дає в результаті РНК, яка комплементарна нормальній мРНК, транскрибованій з "сенсового" ланцюга гена-мішені. Див., наприклад, Rothstein et al, 1987; Smith et al, (1988) Nature 334, 724-726; Zhang et al, (1992) The Plant Cell 4, 1575-1588, English et al., (1996) The Plant Cell 8, 179-188. Методика антисенсових послідовностей також розглянута у Bourque, (1995), Plant Science 105, 125-149 і Flavell (1994) PNAS USA 91, 3490-3496.

Антисенсова супресорна нуклеїнова кислота може містити антисенсову послідовність щонайменше в 10 нуклеотидів з нуклеотидної послідовності, що є фрагментом референтної нуклеотидної послідовності DA2, DA1 або EOD1, зазначеної в даній заявці, або варіантом такої.

Можливо переважно, щоб була повна ідентичність між послідовністю, яку застосовують для пригнічення експресії послідовності-мішені, і послідовністю-мішенню, хоча повна комплементарність або подібність послідовності не обов'язкова. Один або більше нуклеотидів можуть відрізнятися в застосовуваній послідовності від послідовності гена-мішені. Таким чином, застосовувана відповідно до даного винаходу послідовність для пригнічення експресії гена може бути послідовністю дикого типу (наприклад, геном), вибраної з тих, що доступні, або варіантом такої послідовності.

Послідовність необов'язково має відкриту рамку зчитування або транлює точно певну РНК. Можливо переважно, щоб була достатня для гібридизації гомологія між відповідними антисенсовими та сенсовими молекулами РНК. Пригнічення експресії гена може бути навіть, коли існує приблизно 5 %, 10 %, 15 % або 20 % і більше розбіжностей між застосовуваною послідовністю та геном-мішенню. Фактично, гомологія повинна бути достатньою для того, щоб відбулося пригнічення експресії гена.

Супресорна молекула РНК може містити 10-40 нуклеотидів сенсового або антисенсового ланцюга послідовності нуклеїнової кислоти, що кодує поліпептид DA2, DA1 або EOD1.

Супресорні нуклеїнові кислоти можуть бути функціонально пов'язані з гетерологічними промоторами, наприклад, тканиноспецифічними або індукованими промоторами. Наприклад, специфічні для інтегументу та насіння промотори можна застосовувати для специфічного пригнічення експресії двох або більше нуклеїнових кислот DA1, DA2 і/або EOD1 у насінних зачатках, що розвиваються, і насінні, щоб збільшити кінцевий розмір насіння.

У деяких бажаних варіантах реалізації даного винаходу супресорна для DA2 нуклеїнова кислота може бути експресована в клітині рослини з нуклеїновою кислотою, що кодує домінантно-негативний поліпептид DA1, і при необхідності з супресорною для EOD1 нуклеїновою кислотою.

Нуклеїнова кислота, що кодує супресорну нуклеїнову кислоту і/або домінантно-негативний поліпептид DA1, може бути включена в один або більше векторів.

Нуклеїнова кислота, що кодує супресорну нуклеїнову кислоту (кислоти), як описано в даній заявці, і/або домінантно-негативний поліпептид DA1, може бути функціонально зв'язана з гетерологічною регуляторною послідовністю, такою як промотор, наприклад, конститутивним, індукованим, тканиноспецифічним або специфічним для стадії розвитку промотором, як описано вище.

Нуклеїнова кислота, що кодує супресорну нуклеїнову кислоту (кислоти), як описано в даній заявці, і/або домінантно-негативний поліпептид DA1, може бути включена в конструкцію нуклеїнової кислоти або у вектор. Переважно, конструкція або вектор є підходящим для трансформації в клітину рослини й/або експресування в клітині рослини. Вектор є, серед іншого, будь-якою плазмідною, космідною, фагом або бінарним вектором *Agrobacterium* у дволанцюговій або одностанцюговій лінійній або кільцевій формі, що може бути або може не бути такою, що самопередається або мобілізується, і який може трансформувати прокаріотичний або еукаріотичний організм-хазяїн, зокрема, рослинний організм-хазяїн, шляхом або вбудовування в клітинний геном, або існування поза хромосомами (наприклад, автономно реплікуюча плазміда з точкою початку реплікації).

Спеціально включені човникові вектори, під якими варто розуміти переносник ДНК, здатний від природи або шляхом конструювання до реплікації у двох різних організмах, які можуть бути вибрані з *Actinomycetes* і родинних видів, бактерій і еукаріотичних клітин (наприклад, вищих рослин, ссавців, дріжджів або грибів).

Конструкція або вектор, що містить нуклеїнову кислоту, як описано вище, необов'язково містить промотор або іншу регуляторну послідовність, особливо якщо вектор повинен застосовуватись для введення нуклеїнової кислоти в клітини для рекомбінації в геном.

5 Конструкції та вектори можуть додатково містити селектовані генетичні маркери, що складаються з генів, які сполучають селектовані фенотипи, наприклад, стійкість до антибіотиків, таких як канаміцин, гігроміцин, фосфінотрицин, хлорсульфурон, метотрексат, гентаміцин, спектиноміцин, імідазолінони, гліфосфат і D-амінокислоти.

10 Фахівці в даній області техніки можуть сконструювати вектори та розробити протоколи для експресії рекомбінантного гена, наприклад, у мікробній або рослинній клітині. Можуть бути вибрані або сконструйовані підходящі вектори, що містять підходящі регуляторні послідовності, включаючи промоторні послідовності, термінуючі фрагменти, послідовності поліаденілування, енхансерні послідовності, маркерні гени та інші послідовності при необхідності. Додаткові подробиці див., наприклад, в *Molecular Cloning: a Laboratory Manual*: 3rd edition, Sambrook et al, 2001, Cold Spring Harbor Laboratory Press and *Protocols in Molecular Biology*, Second Edition, 15 Ausubel et al. eds. John Wiley & Sons, 1992. Специфічні процедури та вектори, раніше застосовувані з більшим успіхом на рослинах, описані Bevan, *Nucl. Acids Res.* (1984) 12, 8711-8721) і Guerineau and Mullineaux, (1993) *Plant transformation and expression vectors* в *Plant Molecular Biology Labfax* (Croy RRD ed) Oxford, BIOS Scientific Publishers, cc. 121-148.

20 При введенні вибраної генної конструкції в клітину повинні враховуватися певні фактори, добре відомі фахівцям у даній області техніки. Нуклеїнова кислота, яка вводиться, повинна бути вбудована в конструкцію, що містить ефективні регуляторні елементи, що запускають транскрипцію. Повинен існувати доступний спосіб транспортування конструкції в клітину. Конструкція попадає в межі клітинної мембрани, і вбудовування в ендегенний хромосомний матеріал може відбутися або може не відбутися. Нарешті, тип клітин-мішеней є переважно 25 таким, щоб клітини можна було регенерувати в цілу рослину.

Багато застосовувати конструкцію або метод трансформації, який підсилює експресію нуклеїнової кислоти, що кодує супресорну нуклеїнову кислоту або домінують-негативний поліпептид DA1. Вбудовування одиначної копії гена в геном клітини рослини може бути вигідним для мінімізації ефектів сайленсингу гена. Подібним же чином, контроль складності 30 вбудовування може бути вигідним у цьому сенсі. Особливим інтересом щодо цього є трансформація рослинних клітин з використанням мінімалістичної конструкції експресії гена відповідно до, наприклад, Європейського патенту №EP1407000B1, включеного для цієї мети в дану заявку за допомогою посилання.

Методи, добре відомі фахівцям у даній області техніки, можуть бути використані для 35 введення конструкцій нуклеїнових кислот і векторів у клітини рослин з одержанням трансгенних рослин із властивостями, описаними в даній заявці.

Агробактеріальна трансформація є одним із методів, які широко застосовуються фахівцями в даній області техніки для трансформації рослинних видів. Одержання стабільних фертильних трансгенних рослин є в цей час звичайною практикою в даній області техніки (див., наприклад, 40 Toriyama, et al. (1988) *Bio/Technology* 6, 1072-1074; Zhang, et al. (1988) *Plant Cell Rep.* 7, 379-384; Zhang, et al. (1988) *Theor Appl Genet* 76, 835-840; Shimamoto, et al. (1989) *Nature* 338, 274-276; Datta, et al. (1990) *Bio/Technology* 8, 736-740; Christou, et al. (1991) *Bio/Technology* 9, 957-962; Peng, et al. (1991) *International Rice Research Institute*, Manila, Philippines 563-574; Cao, et al. (1992) *Plant Cell Rep.* 11, 585-591; Li, et al. (1993) *Plant Cell Rep.* 12, 250-255; Rathore, et al. 45 (1993) *Plant Molecular Biology* 21, 871-884; Fromm, et al. (1990) *Bio/Technology* 8, 833-839; Gordon-Kamm, et al. (1990) *Plant Cell* 2, 603-618; D'Halluin, et al. (1992) *Plant Cell* 4, 1495-1505; Walters, et al. (1992) *Plant Molecular Biology* 18, 189-200; Koziel, et al. (1993) *Biotechnology* 11, 194-200; Vasil, I. K. (1994) *Plant Molecular Biology* 25, 925-937; Weeks, et al. (1993) *Plant Physiology* 102, 1077-1084; Somers, et al. (1992) *Bio/Technology* 10, 1589-1594; WO92/14828; 50 Nilsson, O. et al (1992) *Transgenic Research* 1, 209-220).

Інші методи, такі як бомбардування мікрочастинками або частинками (US 5100792, EP-A-444882, EP-A-434616), електропорація (EP 290395, WO 8706614), мікроін'єкції (WO 92/09696, WO 94/00583, EP 331083, EP 175966, Green et al. (1987) *Plant Tissue and Cell Culture*, Academic Press), пряме поглинання ДНК (DE 4005152, WO 9012096, US 4684611), опосередковане 55 ліпосомами поглинання ДНК (наприклад, Freeman et al. *Plant Cell Physiol.* 29: 1353 (1984)) або метод інтенсивного перемішування (наприклад, Kindle, *PNAS U.S.A.* 87: 1228 (1990d)), можуть бути кращими в тих випадках, де агробактеріальна трансформація є нерезультативною або неефективною, наприклад, у деяких голонасінних видів. Фізичні методи трансформації рослинних клітин розглянуті в Oard, 1991, *Biotech. Adv.* 9: 1-11.

Альтернативно, може бути застосоване сполучення різних методик для підвищення ефективності процесу трансформації, наприклад бомбардування мікрочастинками, покритими агробактеріями, (EP-A-486234) або бомбардування мікрочастинками з метою порушення оболонки з наступним спільним культивуванням з агробактеріями (EP-A-486233).

Після трансформації рослина може бути регенерована, наприклад, з одиничних клітин, калусної тканини або листових дисків, що є стандартними у даній області техніки. Практично будь-яка рослина може бути цілком регенерована з клітин, тканин або органів цієї рослини. Доступні методики розглянуті у Vasil et al., *Cell Culture and Somatic Cell Genetics of Plants*, Vol I, II and III, Laboratory Procedures and Their Applications, Academic Press, 1984, і Weissbach and Weissbach, *Methods for Plant Molecular Biology*, Academic Press, 1989.

Конкретний вибір методики трансформації буде визначатися її результативністю відносно трансформації певного виду рослини, так як і досвідом і перевагами людини, що практично застосовує даний винахід за допомогою вибраної конкретної методології. Фахівцю очевидно, що конкретний вибір системи трансформації для введення нуклеїнової кислоти в клітину рослини не є істотним для даного винаходу або обмежує його, так само як і вибір методики для регенерації рослини.

Після трансформації клітина рослини із зниженою експресією DA2 і зниженою експресією або активністю DA1 і/або EOD1 може бути ідентифікована і/або відібрана. Рослина може бути регенерована з клітини рослини.

Рослина із зниженою активністю або експресією DA2, що також є дефіцитною за експресією або активністю DA1, EOD1 або обох DA1 і EOD1, як описано вище, може бути розмножена статевим або вегетативним шляхом або вирощена з одержанням потомства або нащадків. Потомство або нащадки рослини, регенерованої з однієї або більше клітин, можуть бути розмножені статевим або безстатевим шляхом або вирощені. Рослина, або її потомство, або його нащадки можуть бути схрещені з іншими рослинами або самі з собою.

Амінокислотна послідовність або послідовність нуклеїнової кислоти DA1, DA2 і/або EOD1 може бути використана як молекулярний маркер для визначення експресії або активності одного або більше поліпептидів DA1, DA2 і/або EOD1 у рослини до, під час або після вирощування або статевого або вегетативного розмноження, як зазначено вище. Спосіб може включати:

забезпечення популяції рослин,  
визначення величини експресії поліпептиду DA1, DA2 і/або EOD1 в одній або більше рослинах у популяції й  
ідентифікацію однієї або більше рослин у популяції із зниженою експресією поліпептиду DA1, DA2 і/або EOD1 у порівнянні з іншими членами згаданої популяції.

Популяція рослин може бути отримана, як описано вище.

У деяких варіантах реалізації винаходу спосіб може включати:

схрещування першої та другої рослини з одержанням популяції дочірніх рослин,  
визначення експресії одного або більше поліпептидів DA1, DA2 і EOD1 у дочірніх рослинах у популяції й

ідентифікацію дочірньої рослини у популяції, в якій експресія поліпептиду DA1, DA2 і/або EOD1 знижена у порівнянні з контрольними зразками.

Перша або друга рослина або обидві рослини можуть бути отримані як описано вище.

Дочірня рослина, в якій знижена експресія поліпептиду DA2 та DA1 і/або EOD1 у порівнянні з контрольними зразками (наприклад, іншими членами популяції), може демонструвати збільшений розмір насіння й/або органів у порівнянні з контрольними зразками та може мати підвищену врожайність.

У деяких варіантах реалізації винаходу амінокислотні послідовності або послідовності нуклеїнових кислот DA1 і EOD1 можуть бути використані як молекулярні маркери для визначення експресії або активності одного або більше поліпептидів DA1 і/або EOD1 у рослини, щоб ідентифікувати рослину або клітину рослини, дефіцитну за DA1 і/або EOD1, в якій експресія або активність поліпептиду DA2 може бути знижена, як описано вище. Спосіб може включати:

забезпечення популяції рослин,  
визначення величини експресії поліпептиду DA1 і/або EOD1 в одній або більше рослинах у популяції й

ідентифікацію однієї або більше рослин у популяції із зниженою експресією поліпептиду DA1 і/або EOD1 у порівнянні з іншими членами згаданої популяції.

Експресія або активність DA2 може бути знижена в ідентифікованих рослинах за допомогою способів, описаних вище.



Рослина або дочірня рослина може бути ідентифікована за допомогою i) вимірювання кількості поліпептиду DA1, DA2 і/або EOD1 в одній або більше клітинах рослини; ii) вимірювання кількості мРНК DA1, DA2 і/або EOD1 в одній або більше клітинах рослини; або iii) секвенування нуклеїнової кислоти, що кодує поліпептид DA1, DA2 і/або EOD1, в одній або більше клітинах рослини та ідентифікації наявності однієї або більше мутацій.

Ідентифіковані рослини можуть бути додатково розмножені або схрещені, наприклад, з іншими рослинами, що мають знижену експресію DA1, DA2 і/або EOD1 або схрещені між собою з одержанням інбредних ліній. Експресія або активність поліпептиду DA1, DA2 і/або EOD1 у популяції дочірніх рослин може бути визначена та можуть бути ідентифіковані одна або більше дочірніх рослин із зниженою експресією або активністю DA1, DA2 і/або EOD1.

У деяких варіантах реалізації даного винаходу величина експресії DA1, DA2 і/або EOD1 може бути визначена на рівні білка. Спосіб може включати:

забезпечення популяції рослин,

визначення кількості поліпептиду DA1, DA2 і/або EOD1 в одній або більше рослинах згаданої популяції й

ідентифікація однієї або більше рослин у популяції із зниженою кількістю поліпептиду DA1, DA2 і/або EOD1 у порівнянні з іншими членами згаданої популяції.

Зручно, що можна застосовувати імунологічні методики, наприклад, вестерн-блоттинг, з використанням антитіл, які зв'язуються з поліпептидом DA1, DA2 або EOD1 і демонструють слабе зв'язування або не зв'язуються з іншими антигенами в рослині. Наприклад, кількість поліпептиду DA1, DA2 і/або EOD1 у клітині рослини можна визначити за допомогою контактування зразка, що включає клітину рослини, з антитілом або іншим специфічно зв'язуючим членом, спрямованим проти поліпептиду DA1, DA2 або EOD1, і визначення зв'язування поліпептиду DA1, DA2 або EOD1 із зразком. Кількість зв'язаного специфічно зв'язуючого члена, вказує на кількість поліпептиду DA1, DA2 і/або EOD1, експресуючого в клітині.

Кількість поліпептиду DA1, DA2 і/або EOD1 може бути визначена в одній або більше клітинах рослини, переважно в клітинах з надземної частини рослини або в тканині рослини, такий як провідна тканина та первинна й вторинна меристема пагона.

В інших варіантах реалізації винаходу експресія поліпептиду DA1, DA2 або EOD1 може бути визначена на рівні нуклеїнової кислоти. Наприклад, можна визначити кількість нуклеїнової кислоти, що кодує поліпептид DA1, DA2 або EOD1. Спосіб одержання рослини, що має посилені пов'язані з врожайністю ознаки, може включати:

забезпечення популяції рослин,

визначення кількості нуклеїнової кислоти, наприклад, мРНК, що кодує поліпептид DA1, DA2 або EOD1, у клітині в однієї або більше рослин згаданої популяції й

ідентифікація однієї або більше рослин у популяції із зниженою кількістю кодуючої DA1, DA2 або EOD1 нуклеїнової кислоти у порівнянні з іншими членами згаданої популяції.

Рівень або кількість кодуючої нуклеїнової кислоти в клітині рослини може бути визначений, наприклад, за допомогою виявлення кількості транскрибованої кодуючої нуклеїнової кислоти в клітині. Це може бути виконано за допомогою стандартних методик, таких як нозерн-блоттинг або полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР) із зворотною транскрипцією.

Альтернативно, можна визначити наявність варіацій у послідовності, які впливають на експресію або активність поліпептиду DA1, DA2 або EOD1. Інший спосіб одержання рослини, що має збільшені висоту й/або біомасу, може включати:

забезпечення популяції рослин,

визначення наявності однієї або більше варіацій у послідовності, наприклад, поліморфізмів, мутацій або ділянок гіперметилування, у нуклеїновій кислоті, що кодує поліпептид DA1, DA2 і/або EOD1, у клітині в однієї або більше рослин згаданої популяції,

при цьому згадані одна або більше варіацій у послідовності, які знижують експресію або активність кодуючого поліпептиду DA1, DA2 і/або EOD1, й

ідентифікація однієї або більше рослин у популяції з однією або більше варіаціями у послідовності, які знижують експресію або активність поліпептиду DA1, DA2 і/або EOD1 у порівнянні з іншими членами згаданої популяції.

Поліпептиди DA1, DA2 і/або EOD1 і кодуєча нуклеїнова кислота описані більш докладно вище.

Наявність однієї або більше варіацій у послідовності в нуклеїновій кислоті можна визначити за допомогою виявлення наявності варіанта послідовності нуклеїнової кислоти в одній або більше клітинах рослини або за допомогою виявлення наявності варіанта поліпептиду, що кодується послідовністю нуклеїнової кислоти. Кращі методики виявлення варіацій у

послідовності нуклеїнової кислоти включають алельспецифічну систему ампліфікації для ідентифікації мутацій (ARMS™), лігування олігонуклеотидних зондів, лінійне продовження ARMS (ALEX™), систему конкуруючих олігонуклеотидних праймерів (COPS), лінійні зонди Taqman, молекулярні маяки, поліморфізм довжин рестрикційних фрагментів і методики ПЛР на основі сайтів рестрикції та флуоресцентного резонансного переносу енергії (FRET).

У даній області техніки доступна множина підходящих методик визначення в клітині рослини кількості нуклеїнової кислоти, що кодує поліпептид DA1, DA2 або EOD1, або наявності або відсутності варіації у послідовності в нуклеїновій кислоті, що кодує поліпептид DA1, DA2 або EOD1 (див., наприклад, *Molecular Cloning: a Laboratory Manual*: 3rd edition, Sambrook & Russell (2001) Cold Spring Harbor Laboratory Press NY; *Current Protocols in Molecular Biology*, Ausubel et al. eds. John Wiley & Sons (1992); *DNA Cloning, The Practical Approach Series* (1995), series eds. D. Rickwood and B.D. Hames, IRL Press, Oxford, UK and *PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications* (Innis, et al. 1990. Academic Press, San Diego, Calif.)). Огляд багатьох сучасних методів визначення варіації у послідовності даний в Nollau et al., *Clin. Chem.* 43, 1114-1120, 1997, і в стандартних посібниках, наприклад, "Laboratory Protocols for Mutation Detection", Ed. by U. Landegren, Oxford University Press, 1996 й "PCR", 2<sup>nd</sup> Edition by Newton & Graham, BIOS Scientific Publishers Limited, 1997.

Кращі методики виявлення варіацій у поліпептидних послідовностях включають імуноаналізи, які добре відомі в даній області техніки, наприклад, *A Practical Guide to ELISA* by D M Kemeny, Pergamon Press 1991; *Principles and Practice of Immunoassay*, 2<sup>nd</sup> edition, C P Price & D J Newman, 1997, опубліковані Stockton Press у США і Канаді та Macmillan Reference в Об'єднаному Королівстві.

У деяких варіантах реалізації даного винаходу нуклеїнова кислота або ампліфікована ділянка такої можуть бути секвеновані для ідентифікації або визначення наявності в них поліморфізму або мутації. Поліморфізм або мутацію можна ідентифікувати шляхом порівняння отриманої послідовності з вже відомою послідовністю DA1, DA2 або EOD1, наприклад, як зазначено у базах даних послідовностей. Альтернативно, послідовність можна порівняти з послідовністю відповідної нуклеїнової кислоти з контрольних клітин. Зокрема, можна визначити наявність одного або більше поліморфізмів або мутацій, які викликають зниження, але не повне припинення функції. Секвенування можна провести за допомогою будь-якої методики з цілого ряду стандартних методик. Секвенування ампліфікованого продукту може, наприклад, включати преципітацію з ізопропанолом, ресуспензування та секвенування з використанням набору TaqFS+Dye terminator sequencing kit (наприклад, наявний у продажі в GE Healthcare UK Ltd, Об'єднане Королівство). Продукти подовження можуть бути піддані електрофорезу на ДНК-секвенаторі ABI 377, а дані проаналізовані за допомогою програмного забезпечення Sequence Navigator.

Дочірня рослина, яку ідентифікували як таку, що має знижену експресію DA1, DA2 і/або EOD1, може бути перевірена на наявність збільшених або посиленних пов'язаних із врожайністю ознак, таких як збільшений розмір насіння й органів, у порівнянні з контрольними зразками.

Ідентифікована дочірня рослина може бути додатково розмножена або схрещена, наприклад, з першою або другою рослиною (тобто зворотне схрещування) або схрещена сама з собою з одержанням інбредних ліній.

Ідентифікована рослина може бути перевірена на розмір насіння, розмір органів і/або врожайність рослини щодо контрольних зразків.

Рослина, отримана як описано в даній заявці, може бути дефіцитною за експресією або активністю DA2 і додатково може бути дефіцитною за експресією або активністю DA1, експресією або активністю EOD1 або експресією або активністю обох DA1 і EOD1.

Експресія або активність DA1, DA2 і EOD1 може бути знижена або припинена в рослині в результаті мутації одного або більше нуклеотидів у кодуючій послідовності рослини і/або в результаті експресії гетерологічної нуклеїнової кислоти, що кодує супресорну нуклеїнову кислоту. У деяких переважних варіантах реалізації даного винаходу активність DA1 у рослині може бути знижена або припинена в результаті експресії гетерологічної нуклеїнової кислоти, що кодує домінантно-негативний поліпептид DA1.

Таким чином, рослина може містити гетерологічну нуклеїнову кислоту, що кодує супресорну нуклеїнову кислоту, наприклад, кіРНК або кшРНК, що знижує експресію одного або більше поліпептидів DA1, DA2 і EOD1 або яка кодує домінантно-негативний поліпептид DA1.

У рослині можна застосовувати будь-яке сполучення мутацій, супресорних нуклеїнових кислот, як описано в даній заявці. Наприклад, рослина може містити і) мутацію, що знижує активність або експресію DA2, гетерологічну нуклеїнову кислоту, що кодує супресорну нуклеїнову кислоту, яка знижує експресію EOD1, і гетерологічну нуклеїнову кислоту, що кодує

нуклеїнову кислоту, яка кодує домінантно-негативний поліпептид DA1; ii) гетерологічну нуклеїнову кислоту, що кодує супресорну нуклеїнову кислоту, яка знижує експресію або активність DA2, мутацію, що знижує експресію EOD1, і гетерологічну нуклеїнову кислоту, що кодує нуклеїнову кислоту, яка кодує домінантно-негативний поліпептид DA1; iii) гетерологічні нуклеїнові кислоти, що кодують супресорні нуклеїнові кислоти, які знижують експресію EOD1 і DA2, і гетерологічну нуклеїнову кислоту, що кодує нуклеїнову кислоту, яка кодує домінантно-негативний поліпептид DA1 або iv) мутацію, що знижує активність або експресію EOD1 і DA2, і гетерологічну нуклеїнову кислоту, що кодує нуклеїнову кислоту, яка кодує домінантно-негативний поліпептид DA1.

В інших варіантах реалізації винаходу рослина може містити i) мутацію, що знижує активність або експресію DA2, гетерологічну нуклеїнову кислоту, що кодує супресорну нуклеїнову кислоту, яка знижує експресію DA1; ii) гетерологічну нуклеїнову кислоту, що кодує супресорну нуклеїнову кислоту, яка знижує експресію або активність DA2, мутацію, що знижує експресію DA1; iii) гетерологічні нуклеїнові кислоти, що кодують супресорні нуклеїнові кислоти, які знижують експресію DA1 і DA2; iv) мутації, які знижують активність або експресію DA1 і DA2; або v) мутацію, що знижує активність або експресію DA2, або гетерологічну нуклеїнову кислоту, що кодує супресорну нуклеїнову кислоту, яка знижує експресію DA2, і гетерологічну нуклеїнову кислоту, що кодує нуклеїнову кислоту, яка кодує домінантно-негативний поліпептид DA1.

Гетерологічні нуклеїнові кислоти, що кодують домінантно-негативний поліпептид DA1 і/або супресорні нуклеїнові кислоти, можуть бути на одному або різних експресійних векторах і можуть бути включені в клітину рослини за допомогою традиційних методик.

Приклади рослин, що підходять для застосування відповідно до будь-якого аспекту даного винаходу, описаних у даній заявці, включають однодольні та двочасткові вищі рослини, наприклад, сільськогосподарська або культурна рослина, така як рослина, вибрана з групи, що складається з *Lithospermum erythrorhizon*, *Taxus* spp, тютюну, гарбузів, моркви, овочевої капусти, дині, стручкових перців, винограду, салату-латуку, полуниці, рапсу, цукрового буряка, пшениці, ячменя, кукурудзи, рису, сої, гороху, сорго, соняшника, томату, картоплі, болгарського перцю, хризантеми, гвоздики, льону, коноплі та жита.

Рослина, отримана як описано вище, може бути розмножена статевим або вегетативним шляхом або вирощена з одержанням потомства або нащадків. Потомство або нащадки рослини, регенерованої з однієї або більше клітин, можуть бути розмножені статевим або безстатевим шляхом або вирощені. Рослина, або її потомство, або її нащадки можуть бути схрещені з іншими рослинами або самі з собою.

Відповідно до іншого аспекту даного винаходу запропонована трансгенна рослина, що має знижену або припинену експресію або активність поліпептиду DA2 в одній або більше клітинах цієї рослини, при цьому рослина є дефіцитною за експресією або активністю DA1, EOD1 або обох DA1 і EOD1.

Рослина може містити екзогенну нуклеїнову кислоту, що знижує або припиняє експресію або активність одного або більше поліпептидів DA1, DA2 і EOD1. У деяких варіантах реалізації даного винаходу трансгенна рослина може експресувати домінантно-негативний поліпептид DA1, що знижує активність DA1.

У деяких варіантах реалізації винаходу рослина може мати знижену або припинену експресію DA1, DA2 і EOD1 або може мати знижену або припинену експресію DA2 і EOD1 і може експресувати домінантно-негативний поліпептид DA1.

Крім рослини, одержаної способом, описаним у даній заявці, даний винахід охоплює будь-який клон подібної рослини, насіння, самозапилене або гібридне потомство й нащадків і будь-яку частину або пагін кожного з перерахованих варіантів, наприклад, черешки та насіння, що може бути використане для відтворення або розмноження, статевого або вегетативного. Також даним винаходом охоплюється рослина, що розмножена статевим або вегетативним шляхом, потомство, клон або нащадок такої рослини або будь-яка частина або пагін подібної рослини, потомства, клону або нащадка.

Підходяща рослина може бути отримана описаним вище способом.

Рослина може мати підвищену врожайність у порівнянні з контрольними рослинами дикого типу (тобто ідентичними рослинам, у яких експресія або активність DA2 і при необхідності DA1 і/або EOD1 не була знижена). Наприклад, може бути збільшена маса насіння (наприклад, зерен) або інших продуктів рослини на одиницю площі у порівнянні з контрольними рослинами.

Наприклад, у рослини можуть бути поліпшені одна або більше пов'язаних із врожайністю ознак. Пов'язані з врожайністю ознаки можуть включати тривалість життя, розмір органів і розмір насіння.

Пов'язана з врожайністю ознака може бути поліпшена, збільшена або посилена у рослини у порівнянні з контрольними рослинами, в яких експресія нуклеїнової кислоти, що кодує поліпептид DA2, не припинена або не знижена (тобто ідентичними рослинам, у яких експресія DA2 і при необхідності DA1 і/або EOD1 не була знижена або припинена).

Згідно з даним винаходом, рослина може бути такою, яка не дає чистосортного потомства за однією або декількома властивостями. Сорти рослини можуть бути виключені, особливо сорти рослини, реєстровані відповідно до прав рослинників-селекціонерів.

У даній заявці показано, що DA1 фізично взаємодіє з DA2 *in vivo*. Сполуки, які порушують або заважають цій взаємодії, можуть бути корисними для збільшення розміру насіння й органів і поліпшення врожайності рослини.

Спосіб ідентифікації сполуки, яка збільшує врожайність рослини, може включати: визначення ефекту сполуки, що перевіряється, на зв'язування поліпептиду DA2 з поліпептидом DA1,

ослаблення або припинення зв'язування, що свідчить про те, що сполука може бути корисною для збільшення врожайності рослини.

Поліпептиди DA1 і DA2 описані більш докладно вище.

Поліпептиди DA1 і DA2 можна виділити або експресувати рекомбінантним способом або ендогенно в клітині рослини.

Сполука, що послабляє або перериває зв'язування DA1/DA2, може бути корисною для обробки рослин для збільшення врожаю.

Вираження "і/або" у тих місцях, де воно використовується в даній заявці, повинно сприйматися як конкретний опис кожної з двох позначених ознак або компонентів разом із іншим або без нього. Наприклад, вираження "A і/або B" повинно сприйматися як конкретний опис кожного з випадків: (i) A, (ii) B і (iii) A і B, точно так, як якби кожний з них був зазначений індивідуально в даній заявці.

Якщо контекст не стверджує інше, описи та визначення зазначених вище ознак не обмежуються яким-небудь конкретним аспектом або варіантом реалізації даного винаходу та застосовуються однаково для всіх описуваних аспектів і варіантів реалізації.

Відповідно до інших аспектів і варіантів реалізації даного винаходу запропоновані описані вище аспекти та варіанти реалізації винаходу з терміном "включаючий", заміненим на термін "складається з", і описані вище аспекти та варіанти реалізації винаходу з терміном "включаючий", заміненим на термін "що складається по суті з".

Всі документи, згадані в цьому описі винаходу, повністю включені в дану заявку за допомогою посилання у всіх сенсах.

Зміст всіх облікових записів баз даних, згаданих у цьому описі винаходу, також повністю включений в дану заявку за допомогою посилання у всіх сенсах. Це включає версії будь-яких послідовностей, які є поточними на дату подачі даної заявки.

Експерименти

1. Методи

1.1. Рослинні матеріали й умови росту

Використали лінію дикого типу арабідопсису екотипу Columbia (Col-0). Всі мутанти були мутантами, вихідними від Col-0. Зразок da2-1 (SALK\_150003) був отриманий з Ноттингемського центру зразків арабідопсису (Nottingham Arabidopsis Stock Center, NASC) і колекцій Центра біологічних ресурсів арабідопсису (ABRC). Вставку Т-ДНК підтверджували за допомогою ПЛР і секвенування. Поверхню насіння стерилізували 100 % ізопропанолом протягом 1 хв і 10 % (об/об) господарським відбілювачем протягом 10 хвилин, насіння промивали щонайменше 3 рази стерильною водою, стратифікували при 4 °C протягом 3 днів у темряві, розсипали на живильному середовищі з 0,9 % агару і 1 % глюкози, а потім пророщували при 22 °C. Рослини вирощували в умовах довгого дня (16 годин день/8 годин ніч) при 22 °C.

1.2 Конструкції та трансформація

Конструкцію pDA2:DA2 одержували з використанням системи марки Gateway на основі ПЛР. Промоторну послідовність DA2 довжиною 1960 пар основ ампліфікували з використанням праймерів DA2proGW-F і DA2proGW-R. Потім клонували продукти ПЛР в ТА-клонуючий вектор pCR8/GW/TOPO (Invitrogen). Кодуючу послідовність (CDS) поліпептиду DA2 ампліфікували і продукти ПЛР потім клонували в сайти Ascl KpnI вектора pMDC110 системи Gateway, щоб одержати плазмиду DA2CDS-pMDC110. Промотор DA2 потім субклонували у плазмиду DA2CDS-pMDC110 за допомогою LR-реакції, щоб створити конструкцію pDA2:DA2. Плазмиду pDA2:DA2 вводили в мутантні рослини da2-1 з використанням штаму *Agrobacterium tumefaciens* GV3101 і трансформантів відбирали на середовищі, що містить гігromіцин (30 мкг/мл).

Конструкцію 35S:DA2 одержували з використанням системи марки Gateway на основі ПЛР. Продукти ПЛР субклонували в ТА- клонуючий вектор pCR8/GW/TOPO (Invitrogen) за допомогою ферменту TOPO. Ген DA2 потім субклонували у бінарний вектор pMDC32 марки Gateway, що містить промотор 35S (Curtis and Grossniklaus, 2003). Плазмиду 35S:DA2 вводили в рослини Col-0 з використанням штаму *Agrobacterium tumefaciens* GV3101 і трансформантів відбирали на середовищі, що містить гіроміцин (30 мкг/мл).

Промоторну послідовність DA2 довжиною 1960 пар основ ампліфікували та продукти ПЛР клонували у вектор pGEM-T (Promaga) за допомогою Т4-ДНК-лігази й секвенували. Потім промотор DA2 вставляли в сайти SacI і NcoI бінарного вектора pGreen-GUS (Curtis and Grossniklaus, 2003) для створення трансформуючої плазмиди pDA2:GUS. Плазмиду pDA2:GUS вводили в рослини Col-0 з використанням штаму *Agrobacterium tumefaciens* GV3101 і трансформантів відбирали на середовищі, що містить канаміцин (50 мкг/мл). Конструкцію 35S:GW2 одержували з використанням системи марки Gateway на основі ПЛР. Продукти ПЛР субклонували в ТА-клонуючий вектор pCR8/GW/TOPO (Invitrogen) за допомогою ферменту TOPO. Потім ген GW2 субклонували у бінарний вектор pMDC32 марки Gateway, що містить промотор 35S (Curtis and Grossniklaus, 2003). Плазмиду 35S:GW2 вводили в рослини Col-0 за допомогою штаму *Agrobacterium tumefaciens* GV3101 і трансформантів відбирали на середовищі, що містить гіроміцин (30 мкг/мл).

### 1.3 Морфологічний і клітинний аналіз

Середню вагу насіння визначали шляхом зважування зрілого сухого насіння партіями по 500 штук з використанням електронних аналітичних ваг (METTLER TOLEDO AL104, Китай). Для кожної партії насіння вимірювали масу п'яти партій зразків. Насіння фотографували під мікроскопом Leica (LEICA S8APO) з використанням приладу із зарядовим зв'язком Leica (DFC420) і розмір насіння вимірювали за допомогою програмного забезпечення Image J. Вимірювання площі пелюстків (фаза 14), листків і сім'ядоль виконували шляхом сканування органів рослини з одержанням цифрового зображення, а потім розрахунку площі, довжини та ширини за допомогою програмного забезпечення Image J. Розміри клітин листка, пелюстка та зародка вимірювали на основі диференціальних інтерференційних контрастних зображень. Накопичену у квітках біомасу (фаза 14) вимірювали шляхом зважування органів.

### 1.4 GUS-фарбування

Зразки (pDA2:GUS) фарбували в розчині з 1 мМ 5-бром-4-хлор-3-індоліл- $\beta$ -D-глюкуронової кислоти (X-Gluc), 100 мМ буфера  $\text{Na}_3\text{PO}_4$ , 3 мМ кожної солі  $\text{K}_3\text{Fe}(\text{CN})_6/\text{K}_4\text{Fe}(\text{CN})_6$ , 10 мМ ЕДТА і 0,1 % 4-нонілфенілполіетиленгліколя (Nodidet-P40) й інкубували при кімнатній температурі протягом 6 годин. Після фарбування залежно від активності  $\beta$ -глюкуронідази (GUS-фарбування) забирали хлорофіл, використовуючи 70 % етанол.

1.5 Виділення РНК, ПЛР із зворотною транскрипцією та кількісний аналіз ПЛР із зворотною транскрипцією в реальному часі

Тотальну РНК екстрагували з коріння, стебел, листків, сходів і суцвіть арабідопсису за допомогою набору RNeasy Plant Mini kit (TIANGEN, Китай). ПЛР із зворотною транскрипцією проводили як описано (Li et al., 2006). Зразки кДНК стандартизували за кількістю транскриптів актину з використанням праймерів ACTIN2-F і ACTIN2-R. Кількісний аналіз ПЛР із зворотною транскрипцією в реальному часі проводили за допомогою апарата Lightcycler 480 (Roche), використовуючи набір Lightcycler 480 SYBR Green Master (Roche). мРНК ACTIN7 використовували як внутрішній контроль і розраховували відносні кількості мРНК за допомогою порівняльного методу розрахунку значень граничного циклу.

### 1.6 Аналіз убіквітинлігазної (E3) активності

Кодуючу послідовність DA2 клонували на сайти BamH I і PstI вектора pMAL-C2, щоб створити конструкцію МЗБ-DA2. Мутантні варіанти поліпептиду DA2 (DA2C59S і DA2N91L) створювали, дотримуючись керівництва із застосування набору з сайт-спрямованого мутагенезу за множиною сайтів (Stratagene).

Бактеріальні лізати, що експресують МЗБ-DA2 і мутантний МЗБ-DA2, приготували з штаму *E. coli* BL21, індукованого 0,4 мМ ізопропіл- $\beta$ -D-1-тіогалактозидом (ІПТГ) протягом 2 годин. Бактерії лізували в лізуючому буфері TGH (50 мМ N-2-гідроксietилпіперазин-N-2-етансульфонової кислоти (ГЕПЕС) (pH 7,5), 150 мМ NaCl, 1,5 мМ  $\text{MgCl}_2$ , 1 мМ етиленгліколя тетраоцтової кислоти (ЕГТК), 1 % Тритону X-100, 10 % гліцерину і коктейль інгібіторів протеаз (Roche)) й обробляли ультразвуком. Лізати очищали центрифугуванням й інкубували з амілозною смолою (New England Biolabs) при 4 °C протягом 30 хв. Гранули промивали буфером для колонки (20 мМ Трис (pH 7,4), 200 мМ NaCl, 1 мМ ЕДТА) і врівноважували реакційним буфером (50 мМ Трис (pH 7,4), 20 мМ дитіотреїтолу (ДТТ), 5 мМ  $\text{MgCl}_2$ , 2 мМ АТФ). 110 нг E1 (Boston Biochem), 170 нг E2 (Boston Biochem), 1 мкг His-убіквітину (Sigma-Aldrich) і 2 мкг гібридні

білки DA2-M3Б або гібридного білка мутантного DA2-M3Б інкубували в 20 мкл реакційного буфера протягом 2 годин при 30 °С.

Полюбіквітиновані білки визначали імуноблоттингом з використанням антитіла проти His (Abmart) й антитіла проти мальтозв'язуючого білка (МЗБ) (New England Biolabs).

#### 5 1.7 Взаємодії білок-білок in vitro

Кодуючі послідовності похідних DA1, da1-1 і DA1, що містять специфічні білкові домени, клонували на сайти BamH I і Not I вектора pGEX-4T-1, щоб створити конструкції ГСТ-DA1, ГСТ-DA1R358K, ГСТ-DA1-UIM і ГСТ-DA1-LIM+C, і клонували на сайти EcoRI і XhoI вектора pGEX-4T-1, щоб створити конструкції ГСТ-DA1-LIM і ГСТ-DA1-C.

10 Для перевірки білок-білкових взаємодій бактеріальні лізати, що містять приблизно 15 мкг гібридних білків МЗБ-DA2, з'єднували з лізатами, що містять приблизно 30 мкг гібридних білків ГСТ-DA1, ГСТ-DA1R358K, ГСТ-DA1-UIM, ГСТ-DA1-LIM, ГСТ-DA1-LIM+C або ГСТ-DA1-C. 20 мкл амілозної смоли (New England Biolabs) додавали в кожний змішаний розчин з безперервним перемішуванням при 4 °С протягом 1 години. Гранули промивали декілька разів буфером TGH і виділені білки розділяли на 10 % ДСН-поліакриламідному гелі та виявляли за допомогою вестерн-блоттингу з антитілами анти-глутатіон-S-трансфераза (анти-ГСТ) (Abmart) й анти-МЗБ (Abmart) відповідно.

#### 1.8 Коімунопреципітація

20 Кодуючу послідовність DA1 і послідовність DA1-C клонували на сайти KpnI і BamHI вектора pCAMBIA1300-221-Мус, щоб створити трансформуючу плазмиду 35S:Мус-DA1 і 35S:Мус-DA1-C. Продукти ПЛР субклонували в ТА-клонуючий вектор pCR8/GW/TOPO (Invitrogen) за допомогою ферменту TOPO. Ген DA2 потім субклонували у бінарний вектор pMDC43 марки Gateway, що містить промотор 35S і ген GFP (ген зеленого флуоресцентного білка (ЗФБ) (Curtis and Grossniklaus, 2003). Продукти ПЛР субклонували в ТА-клонуючий вектор pCR8/GW/TOPO (Invitrogen) за допомогою ферменту TOPO. Ген PEX10 потім субклонували у бінарний вектор p7FWG2 марки Gateway, що містить промотор 35S і ген GFP.

25 Листя *Nicotiana benthamiana* трансформували шляхом ін'єкції клітин штаму *Agrobacterium tumefaciens* GV3101, що приховують плазмиди 35S:Мус-DA1 і 35S:GFP-DA2, як було описано раніше (Voinnet et al., 2003). Тотальний білок екстрагували екстрагуючим буфером (50 мМ Трис/HCl, pH 7,5, 150 мМ NaCl, 20 % гліцерину, 2 % Тритону X-100, 1 мМ ЕДТА, 1×повний коктейль інгібіторів протеаз (Roche) і 20 мкг/мл MG132) та інкубували з гранулами GFP-Трап-А (Chromotek) протягом 1 години при 4 °С. Гранули промивали 3 рази промивним буфером (50 мМ Трис/HCl, pH 7,5, 150 мМ NaCl, 0,1 % Тритону X-100 і 1× повний коктейль інгібіторів протеаз (Roche)). Імунопреципітати розділяли на 10 % ДСН-поліакриламідному гелі та визначали за допомогою вестерн-блоттингу з антитілами анти-ЗФБ (Beyotime) і анти-Мус (Abmart) відповідно.

#### 35 1.9 Облікові номери у базі даних

Індекси локусів згідно з *Arabidopsis* Genome Initiative для генів арабідопсису, згаданих у даній заявці, наступні: At1g19270 (NP\_173361.1 GI: 15221983) (DA1), At4g36860 (NP\_195404.6 GI:240256211) (DAR1), At1g78420 (NP\_001185425.1 GI:334183988) (DA2), At1g17145 (NP\_564016.1 GI:18394446) (DA2L) і At3g63530 (NP\_001030922.1 GI: 79316205) (EOD1/BB).

## 40 2. Результати

### 2.1 Мутант da2-1 дає велике насіння

45 Для поглиблення розуміння механізмів опосередкованого убіквітином контролю розміру насіння автори даного винаходу зібрали загальнодоступні лінії, що несуть Т-ДНК-вставки, деяких передбачених убіквітинлігазних генів, які експресувались у насінних зачатках і/або насіннях арабідопсису, у декількох серіях досліджень на мікрочипах і досліджували їхні фенотипи за ростом насіння. Виходячи з цього великого аналізу, автори даного винаходу ідентифікували декілька мутантів, що вийшли в результаті вставки Т-ДНК, із зміненими розмірами насіння. Автори даного винаходу позначили один із цих мутантів як da2-1, взявши за основу порядок виявлення мутантів з великими розмірами насіння (DA означає "великий" китайською мовою). Насіння, що дає da2-1, було крупніше та важче, ніж насіння дикого типу (Фігури 1А, 3С і 3D). Кількість насіння на стручок і насінну продуктивність на рослину в da2-1 була трохи вища, ніж ті самі показники в дикого типу (Фігури 1В і 1С). Навпроти, загальна кількість насіння на рослину в da2-1 була трохи вища у порівнянні з такою у дикого типу (Фігура 1D). Рослини da2-1 були вище, ніж рослини дикого типу в зрілій фазі (Фігура 1Е). Додатково, рослини мутанту da2-1 утворювали великі квітки та листи, також як і давали підвищену біомасу в порівнянні з рослинами дикого типу (Фігура 2; Фігура 15). Причиною збільшеного розміру пелюстків і листів мутанту da2-1 не були більш крупніші клітини (Фігура 15), вказуючи, що це число клітин у пелюстках і листках, що стало більше.

2.2 DA2 діє синергетично з DA1 при контролі розміру насіння, але робить це незалежно від EOD1

Мутант da2-1 показував слабковиражений, але схожий фенотип за розміром насіння з da1-1 (Li et al., 2008), свідчаючи про те, що DA1 і DA2 можуть функціонувати всередині одного загального шляху. Для перевірки генетичної взаємодії між DA1 і DA2 автори даного винаходу створювали подвійний мутант da1-1 da2-1 і визначали розмір його насіння. Незважаючи на те, що мутант da2-1 мав трохи більші та важчі насіння, ніж дикий тип (Фігури 1A, 3C і 3D), мутація da2-1 синергетично підсилювала прояв фенотипів за розміром насіння та масою насіння в da1-1 (Фігури 3A і 3C), виявляючи синергетичні генетичні взаємодії між DA1 і DA2 відносно розміру насіння. Зміни в розмірі насіння відображалися на розмірі зародків і кінцевих сходів (Фігура 3B). Автори даного винаходу додатково вимірювали площу сім'ядолі 10-денних сходів. Синергетичне збільшення розміру сім'ядолі da1-1 мутацією da2-1 також спостерігали (Фігури 3B і 4). Мутантний білок, кодований алелем da1-1, має негативну активність стосовно DA1 і DA1-зв'язаного білка (DAR1), найбільш близькородинному члену родини (Li et al., 2008).

Подвійні мутанти da1-ko1 dar1-1, що вийшли в результаті вставки T-ДНК, демонстрували фенотипи, як в da1-1, тоді як одиничні мутанти da1-ko1 і dar1-1 не проявляли очевидний фенотип за розміром насіння (Li et al., 2008). Оскільки da1-1 і da2-1 діють синергетично для підвищення розміру насіння, можна було б припустити, що da1-ko1 може синергетично підсилювати прояв фенотипів da2-1. Для того, щоб це перевірити автори даного винаходу створили подвійного мутанта da1-ko1 da2-1. Як показано на фігурі 3D, прояв фенотипів за розміром насіння та масою насіння da2-1 також синергетично підсилювався мутацією da1-ko1. Автори даного винаходу додатково виміряли площу сім'ядолі 10-денних сходів. Мутація da1-ko1 синергетично підсилювала прояв фенотипу за розміром сім'ядолі da2-1 (Фігура 4, вгорі праворуч). Аналогічним чином також спостерігали синергетичне збільшення розміру пелюстків da2-1 мутацією da1-ko1 (Фігура 16D). Дані результати додатково демонструють синергетичні ефекти одночасного порушення роботи обох генів DA1 і DA2.

Ми додатково вимірювали розмір клітин зародка й епідермальних клітин пелюстків. Розмір клітин у подвійних мутантів da1-1 da2-1 і da1-ko1 da2-1 не збільшився у порівнянні з розміром клітин, виміряним у їхніх батьківських лініях (Фігура 4, внизу ліворуч; Фігура 16E), свідчаючи про те, що DA1 і DA2 діють синергетично для обмеження процесів клітинної проліферації.

Подвійний мутант da1-1 da2-1 мав більше насіння, ніж подвійні мутанти da1-ko1 da2-1 (Фігури 3C, 3D і 4), що узгоджується з попереднім повідомленням авторів даного винаходу про те, що фенотипи алеля da1-1 проявляються сильніше, ніж фенотипи da1-ko1 (Li et al., 2008). Розмір насіння da1-1 був схожим з розміром насіння подвійного мутанта da1-ko1 dar1-1, тому що алель da1-1 має негативну активність стосовно DA1 і DAR1 (Фігура 4, знизу праворуч) (Li et al., 2008). Таким чином, можна було б припускати, що розмір насіння подвійного мутанта da1-1 da2-1 може бути схожим з розміром насіння потрійного мутанта da1-ko1 dar1-1 da2-1. Внаслідок цього автори даного винаходу створювали потрійний мутант da1-ko1 dar1-1 da2-1 і досліджували розмір його насіння. Як показано на фігурі 4, розмір насіння потрійного мутанта da1-ko1 dar1-1 da2-1 був порівнянний з розміром насіння подвійного мутанта da1-1 da2-1, але більше, ніж розмір насіння подвійного мутанта da1-ko1 da2-1. Таким чином, дані генетичні аналізи додатково підтвердили, що алель da1-1 негативно впливає на обидва білки DA1 і DAR1 (Li et al., 2008).

Автори даного винаходу перед цим ідентифікували енхансер da1-1 (EOD1), що є алельним гену BIG BROTHER (BB) (Disch et al., 2006; Li et al., 2008). Мутації eod1 синергетично підсилювали прояв фенотипу за розміром насіння da1-1 (Li et al., 2008). Аналогічним чином фенотипи за розміром і масою насіння da2-1 синергетично підсилювалися мутаціями da1-1 і da1-ko1 (Фігури 3A, 3C і 3D). Таким чином, автори даного винаходу задалися питанням, чи можуть DA2 і EOD1 функціонувати всередині одного загального шляху. Для визначення генетичних взаємодій між DA2 і EOD1 автори даного винаходу аналізували подвійний мутант eod1-2 da2-1. Генетична взаємодія між eod1-2 і da2-1 була по суті адитивною для обох показників (маса насіння та розмір пелюстків) у порівнянні з батьківськими лініями (Фігура 16), свідчаючи про те, що DA2 функціонує, впливаючи на ріст насіння й органів, окремо від EOD1.

2.3 DA2 діє в материнському організмі, впливаючи на розмір насіння

Враховуючи, що на розмір насіння впливають материнські й/або зиготні тканини, автори даного винаходу задалися питанням, функціонує DA2 з материнської сторони або в зиготі. Для того, щоб це перевірити автори даного винаходу проводили експерименти з реципрного схрещування між диким типом і мутантом da2-1. Як показано на фігурі 6, ефект від мутації da2-1 на розмір насіння спостерігали тільки, коли материнські рослини були гомозиготними за мутацією da2-1. Насіння від материнських рослин da2-1 у незалежності від генотипу донора

пилку було значно більше, ніж ті, які одержували від материнських рослин дикого типу. Даний результат вказує на те, що *da2-1* може діяти в материнському організмі для збільшення розміру насіння. Автори даного винаходу раніше показали, що *DA1* теж діє в материнському організмі, контролюючи розмір насіння (Li et al. 2008). Оскільки мутація *da1-ko1* синергетично підсилювала прояв фенотипу за розміром насіння *da2-1* (Фігура 3D), автори даного винаходу додатково проводили експерименти з реципрокного схрещування між диким типом і подвійним мутантом *da1-ko1 da2-1*. Аналогічно спостерігали ефект від мутації *da1-ko1 da2-1* на розмір насіння тільки тоді, коли материнською рослиною був мутант *da1-ko1 da2-1* (Фігура 6).

Запилення рослин *da1-ko1/+ da2-1/+* пилком подвійного мутанта *da1-ko1 da2-1* призводило до розвитку зародків *da1-ko1 da2-1*, *da1-ko1/da1-ko1 da2-1/+*, *da1-ko1/+ da2-1da2-1* і *da1-ko1/+ da2-1/+* у насінних оболонках *da1-ko1/+ da2-1/+*. Автори даного винаходу додатково вимірювали розмір окремих насінин від рослин *da1-ko1/+ da2-1/+*, обпиливих пилком подвійного мутанта *da1-ko1 da2-1*, і генотипували мутації *da1-ko1* і *da2-1*. Отримані авторами даного винаходу результати показали, що мутації *da1-ko1* і *da2-1* не пов'язані з варіюванням розміру цього насіння (Фігура 6). Разом узяті ці аналізи вказують на те, що генотипи за *DA1* і *DA2* зародку й ендосперма не впливають на розмір насіння, і гени *DA1* і *DA2* необхідні в тканині спорофіта материнської рослини, щоб контролювати ріст насіння.

2.4 *DA2* діє синергетично з *DA1*, впливаючи на клітинну проліферацію в материнських інтегументах

Реципрокні схрещування показали, що гени *DA1* і *DA2* функціонують у материнському організмі, визначаючи розмір насіння (Фігура 6) (Li et al., 2008). Інтегументи, які оточують насінний зачаток, є материнськими тканинами, і утворюють насінну оболонку після запліднення, що може фізично обмежувати ріст насіння. Кілька досліджень показали, що розмір інтегументів насінних зачатків визначає розмір насіння (Schruff et al., 2006; Adamski et al., 2009). Таким чином, автори даного винаходу задалися питанням, чи діють гени *DA1* і *DA2* через материнські інтегументи при контролі розміру насіння. Для того, щоб перевірити це, автори даного винаходу вивчали зрілі насінні зачатки рослин дикого типу, *da1-1*, *da2-1* і *da1-1 da2-1* через 2 дні після кастрації. Розмір насінних зачатків *da1-1* був істотно більше, ніж у насінних зачатків дикого типу (Фігури 5 і 7), що узгоджується з нашими попередніми даними (Li et al., 2008).

Насінні зачатки *da2-1* також були більші, ніж насінні зачатки дикого типу (Фігури 5 і 7). Мутація *da2-1* синергетично підсилювала прояв фенотипу за розміром насінного зачатка *da1-1*, що узгоджується з їх синергетичними взаємодіями, відносно розміру насіння.

Автори даного винаходу досліджували число клітин зовнішніх інтегументів насіння, що розвивається, у дикого типу, *da1-1*, *da2-1* і *da1-1 da2-1* через 6 днів після запилення та через 8 днів після запилення. У насіння дикого типу число клітин зовнішніх інтегументів через 6 днів після запилення було схожим із числом клітин зовнішніх інтегументів через 8 днів після запилення (Фігура 7, середня діаграма), свідчачи про те, що клітини в зовнішніх інтегументах насіння дикого типу повністю припинили ділитися через 6 днів після запилення. Аналогічним чином клітини в зовнішніх інтегументах насіння *da1-1*, *da2-1* і *da1-1 da2-1* повністю припинили клітинну проліферацію через 6 днів після запилення. Число клітин зовнішніх інтегументів насіння *da1-1* і *da2-1* було значно вище у порівнянні з таким значенням у насіння дикого типу (Фігура 7). Мутація *da2-1* синергетично збільшувала число клітин зовнішнього інтегументу *da1-1*. Автори даного винаходу додатково досліджували довжину клітин зовнішніх інтегументів насіння дикого типу, *da1-1*, *da2-1* і *da1-1 da2-1* через 6 і 8 днів після запилення. Клітини в зовнішніх інтегументах *da1-1*, *da2-1* і *da1-1 da2-1* були значно коротші, ніж клітини в зовнішніх інтегументах рослин дикого типу (Фігура 7, права діаграма), свідчачи про існування компенсаційного механізму між проліферацією клітин і ростом клітин в інтегументах. Таким чином, дані результати показують, що *DA2* діє синергетично з *DA1* для обмеження клітинної проліферації в материнських інтегументах.

2.5 *DA2* кодує функціонуючу убіквітинлігазу E3

Мутацію *da2-1* ідентифікували за допомогою вставки Т-ДНК у сьомий екзон гена *At1g78420* (Фігура 8A). Сайт вбудовування Т-ДНК був додатково підтверджений за допомогою ПЛР із використанням Т-ДНК-специфічних і фланкуючих праймерів і секвенуванням продуктів ПЛР. У мутанта *da2-1* не могли визначити повнорозмірну мРНК гена *At1g78420* за допомогою напівкількісного ПЛР із зворотною транскрипцією. Автори даного винаходу експресували кодуєчу послідовність *At1g78420* під контролем її власного промотору в рослинах *da2-1* і виділених 62 трансгенних рослинах. Практично всі трансгенні лінії показали комплементарію фенотипів *da2-1* (Фігура 10), вказуючи на те, що *At1g78420* є геном *DA2*.

Для того, щоб додатково описати функцію *DA2*, зокрема придбання фенотипів залежно від цієї функції, автори даного винаходу експресували кодуєчу область *DA2* під контролем



промотору CaMV 35S у рослинах дикого типу й у виділених 77 трансгенних рослинах. Надекспресія DA2 викликала зниження розміру насіння, насінної продуктивності на рослину та кількості насіння на рослину (Фігури 1A, 1C і 1D). Крім того, більшість трансгенних рослин, які надекспресували DA2, мали малі квітки і листи, короткі стручки, зменшену висоту рослини, так само як зменшену кількість біомаси у порівнянні з диким типом (Фігури 1E, 2 і 15). Дані результати додатково підтверджують роль DA2 в обмеженні росту насіння й органів.

Ген DA2 приблизно кодує білок з 402 амінокислот, що містить один передбачений RING-домен (59-101 амінокислоти) (Фігура 8B; Таблиця 1). Для того, щоб досліджувати, чи має DA2 убіквітинлігазну (E3) активність, автори даного винаходу експресували DA2 в *Escherichia coli* як гібридний білок з мальтозозв'язуючим білком (МЗБ) і очищали МЗБ-DA2 з розчинної фракції. У присутності убіквітинактивуєного ферменту E1, убіквітинкон'югуючого ферменту E2, His-убіквітину і МЗБ-DA2 спостерігали сигнал поліубіквітинування за допомогою вестерн-блоттингу з використанням антитіл анти-His (Фігура 9, п'ята доріжка ліворуч). Блот-аналіз із анти-МЗБ також показав, що МЗБ-DA2 був убіквітинований (Фігура 9, п'ята доріжка ліворуч). Однак у відсутності будь-якого з білків E1, E2, His-убіквітину або МЗБ-DA2 поліубіквітинування не виявляли (Фігура 9, з першої по четверту доріжку ліворуч), що показує, що DA2 є функціонуючою убіквітинлігазою E3. Мотив RING є істотним для убіквітинлігазної (E3) активності білків із RING-доменом, що містить "цинкові пальці" (Xie et al., 2002). Таким чином, автори даного винаходу перевірили, чи потрібен інтактний RING-домен з "цинковими пальцями" для убіквітинлігазної (E3) активності DA2. За допомогою мутагенезу одержували алель з єдиною заміною амінокислоти цистеїну-59 на серин (C59S), тому що ця мутація приблизно порушує RING-домен (Таблиці 1 і 2). Аналіз убіквітинування *in vitro* показав, що в мутанта C59S білка DA2 пропадала убіквітинлігазна (E3) активність (Фігура 9, шоста доріжка ліворуч), вказуючи на те, що для убіквітинлігазної (E3) активності DA2 потрібен інтактний RING-домен. Автори даного винаходу додатково надекспресували DA2 C59S (35S:DA2C59S) у рослинах дикого типу Col-0 і виділених 69 трансгенних рослинах. Розмір насіння трансгенних рослин був порівняний з розміром насіння рослин дикого типу, хоча в трансгенних рослин були більш високі рівні експресії DA2 C59S, вказуючи на те, що мутація C59S в DA2 впливає на функцію DA2, що стосується росту насіння.

В арабідопсису описані три типи RING-доменів, RING-H2, RING-HCa і RING-HCb, і п'ять модифікованих типів RING-доменів, RING-C2, RING-v, RING-D, RING-S/T і RING-G (Stone et al., 2005). Був запропонований новий тип RING-домену (C5HC2), виявленого у білка GW2 рису (Song et al., 2007). Незважаючи на те, що розташування цистеїнів у передбаченому RING-домені DA2 було схожим з таким в RING-домені (C5HC2) білка GW2 рису, RING-домену DA2 не вистачало консервативного гістидинового залишку, що був замінений на аспарагіновий залишок (Asn-91) (Таблиці 1 і 2). Цю заміну амінокислотного залишку також спостерігали у передбаченому RING-домені гомологів DA2 у дводольних рослин, таких як соя і рапс (Таблиця 1). Таким чином, автори даного винаходу задалися питанням, чи є аспарагіновий залишок (Asn-91) критичним для убіквітинлігазної (E3) активності. За допомогою мутагенезу одержували алель з єдиною заміною амінокислоти аспарагіну-91 на лейцин (N91L). Аналіз убіквітинування *in vitro* показав, що мутант N91L білка DA2 має убіквітинлігазну (E3) активність (Фігура 9, сьома доріжка ліворуч), яка припускає, що Asn-91 може не потребуватись для убіквітинлігазної (E3) активності DA2. Дані результати припускають, що RING-домен DA2 може бути варіантом RING-домену, знайденого в GW2. Автори даного винаходу додатково надекспресували DA2 N91L (35S:DA2N91L) у рослинах дикого типу та виділених 26 трансгенних рослинах. Насіння трансгенних рослин було менше насіння дикого типу, що припускає, що DA2 N91L міг обмежити ріст насіння.

#### 2.6 Гомологи DA2 арабідопсису

Білки, які мають значний ступінь гомології з DA2 поза RING-доменом, виявлені в арабідопсису та культурних рослин, включаючи рапс, сою, рис, кукурудзу і ячмінь (Таблиця 2). Один передбачений білок в арабідопсису має велику подібність за амінокислотним складом з DA2 і називається DA2-подібним білком (DA2L;

At1g17145). Як і рослини 35S:DA2, надекспресуючі DA2L лінії демонстрували малий розмір рослин й органів (Фігура 18), вказуючи на те, що DA2 і DA2L мають схожі функції. Схожі білки в інших видів рослин показують ідентичність амінокислотної послідовності з DA2 на 39.2 %–84.5 % (Таблиця 2). Гомолог у *Brassica napus* має найвищий відсоток ідентичності амінокислотної послідовності з DA2 (84.5 %) (Таблиця 2). Білок GW2 рису має 43.1 % ідентичності амінокислотної послідовності з білком DA2 арабідопсису (Таблиця 2). Оскільки надекспресія GW2 знижувала ширину зерен у рису (Song et al., 2007), автори даного винаходу задалися питанням, чи виконують DA2 і GW2 схожу функцію при контролі розміру насіння. Таким чином, автори даного винаходу надекспресували GW2 у рослин дикого типу. Подібно

трансгенним лініям 35S:DA2 і 35S:DA2L, трансгенні рослини арабідопсису, в яких надекспресували GW2, давали менше насіння й органи, ніж рослини дикого типу, вказуючи на консервативну функцію DA2 арабідопсису і GW2 рису в контролі росту насіння й органів.

#### 2.7 DA2 і DA1 показують схожі профілі експресії гена

Для визначення профілю експресії гена DA2 аналізували РНК з коріння, стебел, листів, сходів і суцвіть за допомогою кількісного аналізу ПЛР із зворотною транскрипцією. мРНК гена DA2 виявили у всіх перевірених органах рослини (Фігура 11А). Тканиноспецифічні профілі експресії гена DA2 досліджували за допомогою гістохімічного аналізу активності  $\beta$ -глюкуронідази (GUS) у трансгенних рослин, що містять гібридний білок промотор DA2:GUS (pDA2:GUS). Активність GUS визначали в коріннях, сім'ядолях, листах і суцвіттах (Фігури 11В і 11С). Відносно високу активність GUS виявили в листових бугорках і коріннях (Фігури 11В і 11С). Стосовно квіток, відносно сильнішу експресію DA2 спостерігали в молодих квіткових органах, ніж у зрілих квіткових органах (Фігури 11D-11L). Аналогічним чином більш високу активність GUS визначали у більш молодих насінних зачатків, ніж у старих (Фігури 11М і 11N). Ці дані показують, що експресія DA2 регулюється за часом і залежно від місця.

#### 2.8 DA1 взаємодіє з DA2 in vitro й in vivo

Генетичні аналізи авторів даного винаходу показали, що DA1 діє синергетично з DA2 для обмеження росту насіння й органів. Таким чином, автори даного винаходу вирішили оцінити, чи взаємодіє DA1 з DA2 (убіквітинлігазою E3), використовуючи взаємодію in vitro/експеримент із осадженням. DA1 експресували як гібридний білок із глутатіон-S-трансферазою (ГСТ), тоді як DA2 експресували як гібридний білок із МЗБ. Як показано на фігурі 12 (перша та друга доріжки ліворуч), ГСТ-DA1 зв'язався з МЗБ-DA2, тоді як ГСТ-DA1 не зв'язався з негативним контролем (МЗБ). Цей результат свідчить, що DA1 фізично взаємодіє з DA2 in vitro.

DA1 містить два взаємодіючих з убіквітином мотиви (UIM), один LIM-домен і висококонсервативну С-кінцеву область (Фігура 13) (Li et al., 2008). Автори даного винаходу додатково задалися питанням, який домен DA1 необхідний для взаємодії між DA1 і DA2. Серію похідних від білка DA1, що містять специфічні білкові домени, експресували в *Escherichia coli*: DA1-UIM, що містить тільки два UIM домени, DA1-LIM, що містить тільки LIM-домен, DA1-LIM+C, що містить тільки LIM-домен і С-кінцеву область, і DA1-C, що містить тільки С-кінцеву область, експресували як гібридні білки з ГСТ (Фігура 13).

DA2 експресували як гібридний білок із МЗБ і використали в експериментах з осадженням. Як показано на фігурі 12, ГСТ-DA1-LIM+C і ГСТ-DA1-C взаємодіяли з МЗБ-DA2, але ГСТ-DA1-UIM і ГСТ-DA1-LIM не зв'язувалися з МЗБ-DA2. Цей результат свідчить про те, консервативна С-кінцева область DA1 взаємодіє з DA2.

Враховуючи те, що мутантний білок (DA1R358K), кодований алелем da1-1, має мутацію в С-кінцевій області (Фігура 13) (Li et al., 2008), автори даного винаходу задалися питанням, чи впливає мутація в DA1R358K на взаємодію з DA2. Використовуючи гібридний білок ГСТ-DA1R358K в експериментах з осадженням із МЗБ-DA2, автори даного винаходу показали, що мутація в DA1R358K не впливає на взаємодію між DA1 і DA2 (Фігура 12, третя доріжка ліворуч).

Для додаткового дослідження можливого зв'язку між DA1 і DA2 у рослин автори даного винаходу застосовували коімунопреципітацію для виявлення їхніх взаємодій in vivo. Автори даного винаходу тимчасово коекспресували 35S:Мус-DA1 і 35S:GFP-DA2 у листах *Nicotiana benthamiana*. Тимчасову коекспресію 35S:GFP і 35S:Мус-DA1 у листах *Nicotiana benthamiana* використали як негативний контроль. Тотальний білок виділяли й інкубували з агарозними гранулами GFP-Trap-A, щоб провести імунопреципітацію ЗФБ-DA2 або ЗФБ. Преципітати виявляли за допомогою антитіл анти-ЗФБ й анти-Мус відповідно. Як показано на фігурі 14, Мус-DA1 виявили в імунопреципітованому комплексі ЗФБ-DA2, але не в негативному контролі (ЗФБ), що вказує на існування фізичного зв'язку між DA1 і DA2 у рослин. Оскільки С-кінцева область DA1 взаємодіяла з DA2 в аналізі з осадженням (Фігура 12), автори даного винаходу додатково задалися питанням, чи взаємодіє С-кінець білка DA1 з DA2 у рослин. Коімунопреципітація показала, що С-кінцева область DA1 (Мус-DA1-C) була виявлена в комплексі ЗФБ-DA2, але не в негативному контролі (PEX10-ЗФБ, RING-подібна убіквітинлігаза E3) (Platta et al., 2009; Kaur et al., 2013). Таким чином, дані результати показують, що С-кінцева область DA1 необхідна для взаємодії з DA2 in vitro й in vivo.

Розмір насіння у вищих рослин є вирішальним чинником еволюційної пристосованості, а також важливою агрономічною ознакою для окультурення рослин (Gomez, 2004; Orsi and Tanksley, 2009). Були ідентифіковані декілька факторів, які діють з материнської сторони для контролю розміру насіння, такі як ARF2/MNT, AP2, KLU/CYP78A5, EOD3/CYP78A6 і DA1. Однак генетичні та молекулярні механізми цих факторів при контролі розміру насіння практично

повністю невідомі. Автори даного винаходу раніше показували, що убіквітиновий рецептор DA1 діє синергетично з убіквітинлігазою E3 EOD1/BB при контролі розміру насіння (Li et al., 2008).

У даному дослідженні автори даного винаходу ідентифікували білок DA2 арабідопсису як ще одну убіквітинлігазу E3 з RING-доменом, що бере участь у контролі розміру насіння. Генетичні аналізи показали, що DA2 діє синергетично з DA1 при контролі кінцевого розміру насіння, але робить це незалежно від EOD1 (убіквітинлігази E3). Автори даного винаходу додатково з'ясували, що DA1 фізично взаємодіє з DA2. Результати, отримані авторами даного винаходу, позначили систему на основі убіквітину, що включає DA1, DA2 і EOD1, яка контролює кінцевий розмір насіння в арабідопсису.

2.9 DA2 діє в материнському організмі, контролюючи розмір насіння

Мутант, що втратив функцію, *da2-1* утворює велике насіння й органи, тоді як надекспресуючі DA2 рослини дають дрібні насіння й органи (Фігура 1A), показуючи, що DA2 є негативним чинником контролю розміру насіння й органів. Разюче, що DA2 арабідопсису був недавно запропонований як позитивний регулятор росту органів, хоча нічого невідомо про те, як DA2 контролює ріст насіння й органів (Van Daele et al., 2012). У даному дослідженні автори даного винаходу мають досить доказів, щоб довести, що DA2 діє як негативний фактор контролю росту насіння й органів. Мутант, що втратив функцію, *da2-1* утворював великі насіння й органи (Фігури 1-4). На підтвердження цього мутація *da2-1* синергетично підсилювала прояв фенотипів за розміром насіння й органів *da1-1* і *da1-ko1* (Фігури 1-4). Мутація *da2-1* також підсилювала прояв фенотипів за розміром насіння й органів *eod1-2*, додатково свідчаючи, що мутація *da2-1* сприяє росту насіння й органів. Мутант *da2-1* утворював великі насінні зачатки з більшою кількістю клітин в інтегументах, і мутація *da2-1* синергетично підсилювала прояв фенотипу за розміром насінних зачатків *da1-1* (Фігура 6).

Крім того, більшість трансгенних рослин, надекспресуючих DA2 і DA2L, були менші, ніж рослини дикого типу (Фігура 2; Фігура S9). Фенотипи за ростом органів цих трансгенних рослин корелювали з відповідними рівнями експресії їхніх генів (Фігури S4 і S9). Таким чином, дані авторів даного винаходу чітко демонструють, що DA2 виконує функцію негативного регулятора розміру органів і насіння. Декілька мутантів арабідопсису з великими органами також утворювали велике насіння (Krizek, 1999; Mizukami and Fischer, 2000; Schruoff et al., 2006; Li et al., 2008; Adamski et al., 2009), що припускає можливий зв'язок між розміром органів і ростом насіння. Навпроти, декілька інших мутантів із великими органами продемонстрували насіння нормального розміру (Hu et al., 2003; White, 2006; Xu and Li, 2011), вказуючи на те, що позитивний зв'язок між розміром органів і розміром насіння не завжди незмінна. Дані результати припускають, що насіння й органи мають як загальні, так і відмінні шляхи контролю своїх відповідних розмірів.

Експерименти з реципрокного схрещування показали, що DA2 діє в материнському організмі, впливаючи на ріст насіння, і генотипи за DA2 зародку й ендосперму не впливають на розмір насіння (діаграми на фігурі 6). Інтегументи, що оточують насінний зачаток, є материнськими тканинами й утворюють насінну оболонку після запліднення. Відомо, що зміни в розмірі материнських інтегументів, як ті, що спостерігають у насінних зачатках *arf2*, *da1-1* і *klu*, вносять вклад у зміни розмірів насіння (Schruoff et al., 2006; Li et al., 2008; Adamski et al., 2009). Зрілі насінні зачатки *da2-1* були крупніше, ніж зрілі насінні зачатки дикого типу (Фігури 5 і 7). Мутація *da2-1* також синергетично збільшувала розмір інтегументів насінних зачатків *da1-1*. Таким чином, головною думкою, що випливає з цих досліджень, є те, що контроль розміру материнських інтегументів є одним із провідних механізмів, що визначають кінцевий розмір насіння. Відповідно до цього подання, материнські фактори контролю розміру насіння (наприклад, KLU, ARF2 і DA1), виділені до теперішнього часу в рослин, впливають на розмір інтегументів (Schruoff et al., 2006; Li et al., 2008; Adamski et al., 2009).

Розмір інтегументу або насінної оболонки визначається клітинною проліферацією та ростом клітин, двома скоординованими процесами. Кількість клітин в інтегументах зрілого насінного зачатка встановлює потенціал росту насінної оболонки після запліднення. Наприклад, мутанти *arf2* утворювали великі насінні зачатки з більшою кількістю клітин, що призводило до утворення великого насіння (Schruoff et al. 2006), тоді як мутанти *klu* мали дрібні насінні зачатки з меншою кількістю клітин, що призводило в результаті до утворення дрібного насіння (Adamski et al., 2009). Результати, отримані авторами даного винаходу, показують, що інтегументи насіння *da1-1* і *da2-1* мають більше клітин, ніж інтегументи насіння дикого типу, і мутації *da1-1* і *da2-1* діють синергетично, сприяючи клітинній проліферації в інтегументах (Фігура 3I). Автори даного винаходу також спостерігали, що клітини в зовнішніх інтегументах насіння *da1-1*, *da2-1* і *da1-1 da2-1* були коротші, ніж клітини в інтегументах насіння дикого типу (Фігура 3J), що припускає існування можливого компенсаційного механізму між клітинною проліферацією та подовженням

клітин у материнському інтегументі. Таким чином, можливо, що материнський інтегумент або насінна оболонка, що діє як фізичне обмеження росту насіння, можуть встановлювати верхню границю кінцевого розміру насіння.

#### 2.10 Генетична модель для опосередкованого убівітином контролю розміру насіння

DA2 кодує білок, з одним передбаченим RING-доменом, який відрізняється від кожного з описаних раніше RING-доменів рослин. RING-домен DA2 мав саму більшу гомологічність з RING-доменом GW2 (C5HC2) рису, але йому не вистачало однієї консервативної амінокислоти, що діє як металевий ліганд (амінокислотного залишку гістидину), що була замінена на залишок аспарагіну (Song et al., 2007). Цілком можливо, що RING-домен DA2 може бути варіантом RING-домену, знайденого в GW2. Множина RING-подібних доменів знайдена в убівітинлігазі E3, які убівітинують субстрати, часто роблячи їхньою мішенню для наступної протеасомної деградації (Smalle and Vierstra, 2004). Автори даного винаходу перевіряли активність, як в E3, у рекомбінантного DA2 при убівітинлігазному аналізі *in vitro* й показали, що DA2 є функціонуючою убівітинлігазою E3 (Фігура 4C), що припускає, що DA2 може робити позитивні регулятори клітинної проліферації мішенями для убівітин-залежної деградації протеасомою 26S. Білки, які гомологічні DA2 поза RING-домену, знайдені в арабідопсису й інших видів рослин. В арабідопсису DA2-подібний білок (DA2L) має велику подібність за амінокислотним складом з DA2. Подібно рослинам 35S:DA2, надекспресуючі DA2L лінії демонстрували дрібний розмір рослин (Фігура 18), вказуючи на те, що DA2 і DA2L можуть виконувати схожі функції. Гомологом DA2 у рису є RING-подібний (C5HC2) білок GW2 (Song et al., 2007), що, як відомо, діє як негативний регулятор розміру насіння. Однак генетичні та молекулярні механізми дії GW2 при контролі розміру насіння рису зовсім практично невідомі.

Автори даного винаходу раніше ідентифікували DA1, убівітиновий рецептор з убівітинзв'язуючою активністю, як негативний регулятор розміру насіння (Li et al., 2008). За аналізом мутацій ідентифікували енхансер da1-1 (EOD1) (Li et al., 2008), що є алельним убівітинлігазі E3 BB (Disch et al., 2006). Аналіз подвійних мутантів eod1-2 da1-1 показав синергетично генетичні взаємодії між DA1 і EOD1 (Li et al., 2008), що припускає, що вони можуть контролювати ріст насіння шляхом модулювання активності загальної мети (цілей). Незважаючи на те, що генетичні взаємодії між da1-1 і eod1-2 також синергетично збільшують розмір насіння й органів, генетичні аналізи авторів даного винаходу показують, що DA2 діє незалежно від EOD1, впливаючи на ріст насіння, що припускає, що DA2 і EOD1 можуть робити мішенями для деградації різні стимулятори росту із загальною регуляцією через DA1. Таким чином, дані, отримані авторами даного винаходу, встановлюють модель для контролю розміру насіння й органів трьома зв'язаними з убівітином білками DA1, DA2 і EOD1. Крім того, автори даного винаходу спостерігали, що надекспресія GW2 обмежує ріст насіння й органів в арабідопсису, свідчаючи про можливо консервативну функцію в арабідопсису та рису. Було б цікаво досліджувати ефекти від комбінації GW2 і гомологів DA1 і EOD1 у рісі на розмір зерен рису.

#### 2.11 Можливий молекулярний механізм дії DA1 і DA2 при контролі розміру насіння

Результати, отримані авторами даного винаходу, показують, що DA2 (убівітинлігаза E3) взаємодіє з убівітиновим рецептором DA1 *in vitro* і *in vivo* (Фігури 12-14). Однак малоімовірно, що DA2 робить мішень з DA1 для протеасомної деградації, тому що мутант із вставкою Т-ДНК у ген DA1 (da1-ko1) синергетично підсилює прояв фенотипу за розміром насіння da2-1 (Фігури 3 і 4). Проте, багато інших видів убівітинової модифікації регулюють білки способом, незалежним від протеасом (Schnell and Hicke, 2003). Наприклад, моноубівітинування залучено в активацію сигнальних білків, ендоцитоз і модифікацію гістонів (Schnell and Hicke, 2003). У тварин моноубівітинування убівітинового рецептора eps15 залежить від взаємодії між eps15 і сімейством Nedd4 лігаз E3 (Woelk et al., 2006). З іншого боку, повідомлялося про моноубівітинування убівітинових рецепторів, незалежного від E3 (Hoeller et al., 2007). З огляду на, що DA1 взаємодіє з DA2, автори даного винаходу перевірили, чи може DA2 убівітинувати або моноубівітинувати DA1. У присутності E1, E2 й убівітину DA2-His має убівітинлігазну (E3) активність. Однак у присутності E1, E2, убівітину і DA2-His (E3) не було виявлено убівітинованого DA1-НА при умовах реакції, заданих авторами даного винаходу. Убівітинові рецептори можуть взаємодіяти з поліубівітинованими субстратами лігаз E3 за допомогою UIM-доменів і полегшувати їхню деградацію протеасомами (Verma et al., 2004). Автори даного винаходу раніше продемонстрували, що UIM-домени DA1 можуть зв'язувати убівітин (Li et al., 2008).

У сукупності з його взаємодією з DA2 через С-кінцеву область (Фігури 12 і 14) DA1 може бути залучений в опосередкування деградації убівітинованих DA2 субстратів протеасомою. Один механізм може включати взаємодію DA1 з DA2, що допомагає DA1 специфічно розпізнавати убівітинований DA2 субстрат (субстрати). DA1 може згодом зв'язувати поліубівітинові ланцюги

убіквітинованого субстрату (субстратів) через свій UIM-домен й опосередкувати деградацію  
убіквітинованого субстрату (субстратів). Поліпшення насінної продуктивності є важливою метою  
для селекціонерів культурних рослин в усьому світі, і розмір насіння є важливим компонентом  
загальної насінної продуктивності. Автори даного винаходу ідентифікували DA2 як важливий  
5 регулятор розміру насіння, що функціонує синергетично з DA1, впливаючи на розмір насіння.

DA1 також діє синергетично з EOD1, впливаючи на ріст насіння. Повідомлялося, що  
надекспресія домінантно-негативної мутації *da1-1* (*Zmda1-1*) збільшує масу насіння кукурудзи  
(Wang et al., 2012), вказуючи на можливість комбінування ефектів від DA1, DA2 і EOD1 з різних  
врожаїв насіння, щоб методами генної інженерії досягти великих розмірів насіння у цих  
10 врожаях.

Перелік посилальних документів

Adamski, N.M. et al (2009) PNAS USA 106, 20115-20120.

Alexandru, G. et al (2008) Cell 134, 804-816.

Alonso-Blanco, C. et al (1999).PNAS USA 96, 4710-4717.

15 Bandau, S. et al (2012) BMC Biol 10, 36.

Bednarek, J. et al J. Exp. Bot. (2012) 63 16 5945-5955

Curtis, M.D. et al (2003) Plant physiology 133,462-469.

Disch, S. et al (2006) Curr Biol 16, 272-279.

Fan, C. et al (2006) Theor Appl Genet 112, 1164-1171.

20 Fang, W. et al (2012) Plant J 70, 929-939.

Garcia, D. et al (2005) Plant Cell 17, 52-60.

Garcia, D. et al (2003) Plant Physiology 131, 1661-1670.

Gegas, V.C. et al (2010) Plant Cell 22, 1046-1056.

Gomez, J.M. (200) Int J Org Evol 58,71-80.

25 Hoeller, D. et al (2007) Mol Cell 26, 891-898.

Hu, Y. et al (2003) Plant Cell 15, 1951-1961.

Jofuku, K.D. et al. (2005) PNAS USA 102, 3117-3122.

Kaur, N. et al (2013). J Int Plant Biol 55, 108-120.

Krizek, B.A. (1999. Dev Genet 25, 224-236.

30 Lanctot, A.A. et al (2013). Developmental cell 25, 241-255.

Li, Y., et al (2008) Genes Dev 22,1331-1336.

Li, Y. et al (2006) Genome Res 16, 414-427.

Lopes, M.A. et al (1993) Plant Cell 5, 1383-1399.

Luo, M. et al (2005) PNAS USA 102, 17531-17536.

35 Mizukami, Y et al (2000) PNAS USA 97, 942-947.

Moles, A.T. et al (2005) Science 307, 576-580.

Ohto, M.A., et al (2005) PNAS USA 102, 3123-3128.

Ohto, M.A. et al (2009) Sex Plant Reprod 22, 277-289.

Orsi, C.H. et al (2009) PLo Genet 5, e1000347.

40 Perez-Perez, J.M. et al (2009) Trends Genet 25, 368-376.

Platta, H.W. et al (2009) Mol Cell Biol 29, 5505-5516.

Schnell, J.D. et al (2003) J Biol Chem 278, 35857-35860.

Schruff, M.C. et al (2006) Development 133, 251-261.

Seo, H.S. et al (2003) Nature 423, 995-999.

45 Shomura, A., et al (2008) Nat Genet 40, 1023-1028.

Smalle, J. et al (2004) Annual review of plant biology 55, 555-590.

Song, X.J. et al (2007) Nat Genet 39, 623-630.

Stone, S.L. et al. (2005) Plant physiology 137, 13-30.

Van Daele, I. et al. (2012) Plant Biotech J 10,488-500.

50 Verma, R. et al (2004) Cell 118, 99-110.

Voinnet, O. et al (2003) Plant J 33, 949-956.

Wang, A. et al (2010) Plant J.

Wang, et al (2012) African Journal of Biotechnology 11, 13387-13395.

Weng, J. et al (2008) Cell Res 18, 1199-1209.

55 Westoby, M. et al (2002) Ann. Rev. Ecol. System. 33, 125-159.

White, D.W. (2006) PNAS USA 103, 13238-13243.

Woelk, T. et al (2006) Nat Cell Biol 8, 1246-1254.

Xie, Q. et al (2002) Nature 419, 167-170.

Xu, R. et al (2011) Development 138, 4545-4554.

60 Zhou, Y. et al (2009) Plant Cell 21, 106-117.

Таблиця 1

Вирівнювання RING-доменів DA2 (послідовності SEQ ID NO:3-19)

Bd_Bradi3g09270	C	P	I	C	F	L	Y	P	S	L	N	R	S	K	C	C	S	K	G	I	C	T	E	C	F	L	Q	M	K	P	T	H	T	A	R	P	T	Q	C	P	F	C	
Hv_Yrg1	C	P	I	C	F	L	Y	P	S	L	N	R	S	K	C	C	S	K	G	I	C	T	E	C	F	L	Q	M	K	P	T	H	T	A	R	P	T	Q	C	P	F	C	
Zm_gij 220961719	C	P	I	C	F	L	Y	P	S	L	N	R	S	K	C	C	S	K	G	I	C	T	E	C	F	L	Q	M	K	P	T	H	T	A	R	P	T	Q	C	P	F	C	
Sb_gij 242064618	C	P	I	C	F	L	Y	P	S	L	N	R	S	K	C	C	S	K	G	I	C	T	E	C	F	L	Q	M	K	P	T	H	T	A	R	P	T	Q	C	P	F	C	
Os_GW2	C	P	I	C	F	L	Y	P	S	L	N	R	S	K	C	C	S	K	G	I	C	T	E	C	F	L	Q	M	K	P	T	H	T	A	Q	P	T	Q	C	P	F	C	
Pt_gij 224061326	C	P	I	C	F	L	Y	P	S	L	N	R	S	R	C	C	M	K	G	I	C	T	E	C	F	L	Q	M	K	N	P	N	S	T	R	P	T	Q	C	P	F	C	
Cp_evm.model.supercontig_77	C	P	I	C	F	L	Y	P	S	L	N	R	S	R	C	C	M	K	G	I	C	T	E	C	F	L	Q	M	K	N	P	N	S	T	R	P	T	Q	C	P	F	C	
Rc_gij 255578534	C	P	I	C	F	L	Y	P	S	L	N	R	S	R	C	C	M	K	G	I	C	T	E	C	F	L	Q	M	K	N	P	N	S	T	R	P	T	Q	C	P	F	C	
At_DA2	C	P	I	C	F	L	Y	P	S	L	N	R	S	R	C	C	M	K	S	I	C	T	E	C	F	L	Q	M	K	N	P	N	S	A	R	P	T	Q	C	P	F	C	
Bn_DA2	C	P	I	C	F	L	Y	P	S	L	N	R	S	R	C	C	M	K	S	I	C	T	E	C	F	L	Q	M	K	N	P	N	S	A	R	P	T	Q	C	P	F	C	
At_DA2L	C	P	I	C	F	L	Y	P	S	L	N	R	S	R	C	C	M	K	S	I	C	T	E	C	F	L	R	M	K	S	P	N	S	A	Q	P	T	Q	C	P	F	C	
Gm_Glyma13g33260.1	C	P	I	C	F	L	Y	P	S	L	N	R	S	R	C	C	T	K	S	I	C	T	E	C	F	L	Q	M	K	V	P	N	S	T	R	P	T	Q	C	P	F	C	
Sb_Sb10g003820	C	P	I	C	F	L	F	Y	P	S	L	N	R	S	K	C	C	A	K	G	I	C	T	E	C	F	L	Q	M	K	S	P	T	S	C	R	P	T	Q	C	P	Y	C
Bd_Bradi1g49080	C	P	I	C	F	L	F	Y	P	S	L	N	R	S	K	C	C	A	K	G	I	C	T	E	C	F	L	Q	M	K	S	P	T	S	C	R	P	T	Q	C	P	Y	C
Zm_gij 260935347	C	P	I	C	F	L	F	Y	P	S	L	N	R	S	K	C	C	A	K	G	I	C	T	E	C	F	L	Q	M	K	S	P	T	S	C	K	P	T	Q	C	P	Y	C
Os_gij 218197613	C	P	I	C	F	L	F	Y	P	S	L	N	R	S	K	C	C	A	K	G	I	C	T	E	C	F	L	Q	M	R	T	P	T	S	C	R	P	T	Q	C	P	Y	C
Vv_DA2	C	P	I	C	F	L	F	Y	P	S	L	N	R	S	R	C	C	T	K	G	I	C	T	E	C	F	L	Q	M	K	N	P	N	S	T	R	P	T	Q	C	P	Y	C
	↑			↑												↑			↑		↑									↑							↑			↑			
	C			C												C			C		C									H/N/T							C			C			



Таблица 2

Вирівнювання поліпептидів DA2 (послідовності SEQ ID NO: 20-35)

```

Pt_GI-224061326.pro  MGNNKLG---RRRQVVDERYTRPQGLYVHKDVDHKKLRKLIILESKLAPCFPGDEDSCHND-- 55
Rc_GI-255578534.pro  MGNNKLG---RRRQVVDERYTRPQGLYVHKDVDHKKLRKLIILESKLAPCFPGDEDFGND-- 55
Vv_GI-147817790.pro  MGNNKLG---RRRQVVDEKYTRPQGLYNHKKVDHKKLRKLIILESKLAPCFPGDEETAYD-- 55
Gm_GI-356549538.pro  MGNNKLG---RRRQVVDEKYTRPQGLYNHKKVDHKKLRKLIILESKLAPCFPGDEETAYD-- 55
At_GI-18411948.pro   MGNNKLG---RRRQVVDEKYTRPQGLYNHKKVDHKKLRKLIILESKLAPCFPGDEESCHD-- 55
Ta_GI-408743661.pro  MGNRIGG---RRKAGVEERYTRPQGLYEHRDIDQKKLRKLIILEAKLAPCFPGADDAAGG-- 56
Hv_GI-164371454.pro  MGNRIGG---RRKAGVEERYTRPQGLYEHRDIDQKKLRKLIILEAKLAPCFPGADDAAGA-- 56
Bd_GI-357140854.pro  MGNRIGG---RRKAGVEERYTRPQGLYEHRDIDQKKLRKLIILEAKLAPCFPGADDAAGG-- 56
Os_GI-115445269.pro  MGNRIGG---RRKAGVEERYTRPQGLYEHRDIDQKKLRKLIILEAKLAPCFMGADDAAGG-- 57
Sb_GI-242064618.pro  MGNRIGG---RRKAGVEERYTRPQGLYEHRDIDQKKLRKLIILEAKLAPCFMGADDAAGG-- 58
Zm_GI-220961719.pro  MGNRIGG---RRKAGVEERYTRPQGLYEHRDIDQKKLRKLIILEAKLAPCFMGADDAAGG-- 56
Ta_GI-408743658.pro  MGNRIGG---RRKAGVEERYTRPQGLYEHRDIDQKKLRKLIILEAKLAPCFMGADDAAGG-- 56
Bd_GI-357125256.pro  MGNRIGG---RRKAGVEERYTRPQGLYEHRDIDQKKLRKLIILEAKLAPCFMGADDAAGG-- 56
Os_GI-218197613.pro  MGNRIGG---RRKAGVEERYTRPQGLYEHRDIDQKKLRKLIILEAKLAPCFMGADDAAGG-- 56
Zm_GI-260935347.pro  MGNRIGG---RRKAGVEERYTRPQGLYEHRDIDQKKLRKLIILEAKLAPCFMGADDAAGG-- 56
Sb_GI-242092026.pro  MGNRIGG---RRKAGVEERYTRPQGLYEHRDIDQKKLRKLIILEAKLAPCFMGADDAAGG-- 56

***                               **** : * : * : * : * : * : * : * : * :

Pt_GI-224061326.pro  ---HEECPICFLYYPSLNRSRCCMKGICTECFLQMKNPNSTRTQCPCFKTSNAYAVEYRG 112
Rc_GI-255578534.pro  ---HEECPICFLYYPSLNRSRCCMKGICTECFLQMKNPNSTRTQCPCFKTNTNAYAVEYRG 112
Vv_GI-147817790.pro  ---FEECPICFLFYPSLNRSRCCCTKGICTECFLQMKNPNSTRTQCPCFKTNTNAYAVEYRG 112
Gm_GI-356549538.pro  ---REECPICFLYYPYSLNRSRCCCTKSICTECFLQMKNPNSTRTQCPCFKTNTNAYAVEYRG 112
At_GI-18411948.pro   ---LEECPICFLYYPYSLNRSRCCMKKSICTECFLQMKNPNSARPTQCPCFKTNTNAYAVEYRG 112
Ta_GI-408743661.pro  --DLEECPICFLYYPSLNRSKCCSKGICTECFLQMKPHTHTARPTQCPCFKTNTNAYAVEYRG 114
Hv_GI-164371454.pro  --DLEECPICFLYYPSLNRSKCCSKGICTECFLQMKPHTHTARPTQCPCFKTNTNAYAVEYRG 114
Bd_GI-357140854.pro  --DLEECPICFLYYPSLNRSKCCSKGICTECFLQMKPHTHTARPTQCPCFKTNTNAYAVEYRG 114
Os_GI-115445269.pro  --DLEECPICFLYYPSLNRSKCCSKGICTECFLQMKPHTHTARPTQCPCFKTNTNAYAVEYRG 115
Sb_GI-242064618.pro  --DLEECPICFLYYPSLNRSKCCSKGICTECFLQMKPHTHTARPTQCPCFKTNTNAYAVEYRG 116
Zm_GI-220961719.pro  DLDLEECPICFLYYPSLNRSKCCSKGICTECFLQMKPHTHTARPTQCPCFKTNTNAYAVEYRG 118
Ta_GI-408743658.pro  --DLEECPICFLYYPSLNRSKCCSKGICTECFLQMKPHTHTARPTQCPCFKTNTNAYAVEYRG 114
Bd_GI-357125256.pro  ---LDECPICFLFYPSLNRSKCCAKGICTECFLQMKSPTSCTPTQCPCFKMLNAYAVEYRG 96
Os_GI-218197613.pro  ---LEECPICFLYYPSLNRSKCCAKGICTECFLQMKSPTSCTPTQCPCFKMLNAYAVEYRG 115
Zm_GI-260935347.pro  ---LDECPICFLFYPSLNRSKCCAKGICTECFLQMKSPTSCTPTQCPCFKMLNAYAVEYRG 115
Sb_GI-242092026.pro  ---LDECPICFLFYPSLNRSKCCAKGICTECFLQMKSPTSCTPTQCPCFKMLNAYAVEYRG 115

:*****:*****:*** *,*****: . : :*****:*** ,*****

Pt_GI-224061326.pro  VKTKEEGLEQIEEQRVIEAKIRMRQQLQDEEERMQRRLDVSSSSANIEPG-ELECGPT 171
Rc_GI-255578534.pro  VKTKEEGMEQIEEQRVIEAKIRMRQQLQDEEERMQRRLDSSSSSIAPG-EVECGSA 171
Vv_GI-147817790.pro  VKTKEEGMEQIEEQRVIEAKIRMRQQLQDEEERMQRRLDSSSSSIAPG-EVEYSTT 171
Gm_GI-356549538.pro  VKSKEEGLEQIEEQRVIEAKIRMRQQLQDEEERMQRRLDSSSSSIAPG-EVEYSTT 171
At_GI-18411948.pro   VKSKEEGLEQIEEQRVIEAKIRMRQQLQDEEERMQRRLDSSSSSIAPG-EVEYSTT 171
Ta_GI-408743661.pro  VKTKEERSIEQFEEQKVIEAQMRMRQQLQDEEDKMKRQQRSCSSSRTIAPTTEVEYRDI 174
Hv_GI-164371454.pro  VKTKEERSIEQFEEQKVIEAQMRMRQQLQDEEDKMKRQQRSCSSSRTIAPTTEVEYRDI 174
Bd_GI-357140854.pro  VKTKEERSIEQFEEQKVIEAQMRMRQQLQDEEDKMKRQQRSCSSSRTIAPTTEVEYRDI 174
Os_GI-115445269.pro  VKTKEERSIEQFEEQKVIEAQMRMRQQLQDEEDKMKRQQRSCSSSRTIAPTTEVEYRDI 175
Sb_GI-242064618.pro  VKTKEERSIEQFEEQKVIEAQMRMRQQLQDEEDKMKRQQRSCSSSRTIAPTTEVEYRDI 176
Zm_GI-220961719.pro  VKTKEERSIEQFEEQKVIEAQMRMRQQLQDEEDKMKRQQRSCSSSRTIAPTTEVEYRDI 178
Ta_GI-408743658.pro  VKTKEERSIEQFEEQKVIEAQMRMRQQLQDEEDKMKRQQRSCSSSRTIAPTTEVEYRDI 173
Bd_GI-357125256.pro  VKTKEEGVEQLEEQRVIEAQIRMRQQLQDAERLKNKQ--TATLSDVITTPQVECEA 154
Os_GI-218197613.pro  VKTKEEGVEQLEEQRVIEAQIRMRQQLQDAERLKNKQ--TATLSDVITTPQVECEA 154
Zm_GI-260935347.pro  VKTKEEGVEQLEEQRVIEAQIRMRQQLQDAERLKNKQ--TATLSDVITTPQVECEA 154
Sb_GI-242092026.pro  VKTKEEGVEQLEEQRVIEAQIRMRQQLQDAERLKNKQ--TATLSDVITTPQVECEA 154

** : * : * : * : * : * : * : * : * :

Pt_GI-224061326.pro  TVPS-DTTPVE-----SGEIVSSQYS-----SRPPHAGANRDDEFDLDLEDIMVMEA 218
Rc_GI-255578534.pro  AVQS-FRSPLE-----AEGSIPSQFS-----IRPPHYRANRDDEFDLDLEDIMVMEA 218
Vv_GI-147817790.pro  AVPS-FRSPVE-----GDEIDSSQDPRASMIQTLPQRNRDEEFDLDLEDIMVMEA 223
Gm_GI-356549538.pro  AVSSSSSVVE-----NDEIVSSQDSCATSVVRANATRTNRNDEEFDLDLEDIMVMEA 224
At_GI-18411948.pro   SAIS-YNLSMD-----DGEIAPSONAS-----VVRQHSRPRGNREDEVDVDLEELMVMEA 222

```

```

Ta_GI-408743661.pro  CSTS-YSVPSY--QCTEQETECSSSEPSCSAQANMRSFHSRHRTRDDNIDMNIEDMMVMEA 231
Hv_GI-164371454.pro  CSTS-YSAPPY--RCTEQETECSSSEPSCSAQANMRSFHSRHRTRDGNIDMNIEDMMVMEA 231
Bd_GI-357140854.pro  CSTS-YSVPSY--QCTEQEAECSSSEPSCSAQSNMRPFVHSRHRNRDDNIGMNIEEMMVMEA 231
Os_GI-115445269.pro  CSTS-FSVPSY--RCAEQETECSSSEPSCSAQTSMRPFHSRHRNRDDNIDMNIEDMMVMEA 232
Sb_GI-242064618.pro  CSTS-FSVPSY--QCTEQGNECCSSEPSCSSQANMRPFHSRHRNRDDNVDVNLNEDMMVMEA 233
Zm_GI-220961719.pro  CSTS-FSVPSY--QRTEQGNECCSSEPSCSSQANMRPFHSRHRNRDDNVDNLEDMMVME 235
Ta_GI-408743658.pro  KTKEERSIEQFEEQKVIEAQMRVROQALQDEEDKMKRKQSRCS--SSMDMNIEDMMVMEA 231
Bd_GI-357125256.pro  GGTSTPAASSA-----QGNDALLSQVQHSELLLLKNSERLQKMRNNFVDVLEEVMLEA 208
Os_GI-218197613.pro  GGASTTVKSSG-----QGSDDLSSQVQHAEELLKTSERLQKMRNNNFMDPDDEVMLVEA 227
Zm_GI-260935347.pro  DGASTAVANSP-----RGNDVLSSEVQHSSELISRNSEAFQKMRGNNFVDVLEEVMLEA 227
Sb_GI-242092026.pro  DGASTGAASSP-----QGSDAISSEVQHSSELILRNSEAFQKMRGNNFVDVLEEVMLEA 227
. . . . .

Pt_GI-224061326.pro  IWLSIQ-ENGRQKNPLCGDAAP-----PAQYTMEARYVTP----AMAPPLAGSSSSPSGG 268
Rc_GI-255578534.pro  IWLSIQ-ENGRQKNPIYTDAA-----SENAYVQGHYALQ----AMPP-VTESSSSPSGG 267
Vv_GI-147817790.pro  IWLSIQ-DNGRHRNPLYGDTT-----AEQYVTEEHYVLP----AMAP-QVSSSSPSGG 272
Gm_GI-356549538.pro  IWLSIQ-ENGRRRNLSFVDATSGHYVADGRYVSSVSSVSS----VMGP-PTGSSSSPSGG 278
At_GI-18411948.pro  IWLSVQ-ETGTQRNSASGEITS-----SRQYVTDNHSYVSSPPRVTPIVEPATPSSSSGG 274
Ta_GI-408743661.pro  IWRSIQ-EQGSIGNPACGSFMP-----FEQP-TCERQ-----AFVAAPLEIPHP-GG 276
Hv_GI-164371454.pro  IWRSIQ-EQGSIGNPACGSFMP-----FEQP-TRERQ-----AFVAAPLEIPHP-GG 276
Bd_GI-357140854.pro  IWRSIQ-EQGSIGNPACGSFMP-----VIEPPSRERQ-----AFVPAP-LEIPHP-GG 276
Os_GI-115445269.pro  IWRSIQ---GSIGNPVCNPFMP-----VTEPPSRERQ-----PFVPAASLEIPHP-GG 276
Sb_GI-242064618.pro  IWRSIQ-EQGHVLNVPVCGSYFP-----VIEPPSRERQ-----AFVPAAPLEIPHP-GG 279
Zm_GI-220961719.pro  IWRSIQEQGHVLNVPVCGSYFP-----VIEPPSRERQ-----AFVPAAPLEIPHP-GG 282
Ta_GI-408743658.pro  IWRSIQ-EQGSIGNPACGSFMP-----FEQP-TRERQ-----AFVAAPLEIPHP-GG 276
Bd_GI-357125256.pro  IWLSVQ-D--ASGNPGITGAAP-----PTIPPRSYP-----TSVTASAEAPSG-G 250
Os_GI-218197613.pro  LWLSIQ-DQEASGNPTCGNTVS-----SVHPPRSFE-----GSMTIPAEAASSSSA 272
Zm_GI-260935347.pro  IWLSIQ-DQEALGNPGCVSTTP-----SSIPSRPFDD-----GDMTTTAEAASSG-G 272
Sb_GI-242092026.pro  IWLSIQ-DQEALGNPGCVSTTP-----SSIPSRPFDD-----GAMTTTAEAASSG-G 271
* * * * *

Pt_GI-224061326.pro  LACAIAALAEQQQTGGES--IVHNSGNMPSFNMLPST--SSFYNRLQDADNYSAPQSSSN 325
Rc_GI-255578534.pro  LACAIAALAEQQQTGGES--FAHNNEVNAACNMLPGG--SSFYNRMDQDAENYSAPQSSNN 324
Vv_GI-147817790.pro  LACAIAALAEQQQMGGES--STNYNGNMPAFNMPPGS--SRFSNRVEQYPENYPIESSMD 329
Gm_GI-356549538.pro  LACAIAALAEQQQMAGESS--MSLTNENMPSFNMLPGS--RRFYNRLGRDMANYPGPNLNE 336
At_GI-18411948.pro  LSCAISALAEQQMVGESSSHNHNHNHNVNVSYSMLPGN--CDSYDIEQEVGDIDNHHHHR- 332
Ta_GI-408743661.pro  FSCAVAAMAEHQ--PSSMDFSYMTGSSAFFVDFMFRFP--CNIAGGSMCAVE--SSPDSSWSGI 333
Hv_GI-164371454.pro  FSCAVAAMAEHQ--PSSMDFSYMTGSSAFFVDFMFRFP--CNIAGGSLRAVE--SSLDSSWSGI 333
Bd_GI-357140854.pro  FSCAVAAMAEHQ--PSSMDFSYMAGSSAFFVDFMFRFP--CNIAGGSMCNLE--SSPESWSGI 333
Os_GI-115445269.pro  FSCAVAAMAEHQ--PSSMDFSYMAGSSAFFVDFMFRFP--CNIAGGSMCNLE--SSPESWSGI 333
Sb_GI-242064618.pro  YSCAVAALAEHQ--PASMDFSYMGSSSTYPVDFMIRRP--CNMSSGSLCGVENSLDTSWSGI 337
Zm_GI-220961719.pro  YSCAVAALAEHQ--APSMDFSYMGSSSTYPVDFMIRRP--CNMSSGSPCGAENSLDTSWSGI 340
Ta_GI-408743658.pro  MDMNIEDMMVME-AIWRSIQEQ--GSIGNPSCGSFMPF--EQPTRERQAFVAAPLEIPHPG 333
Bd_GI-357125256.pro  FACAVAALAEQQHMLVGS--SIPATCQASKHDTLSRSDRSFTEDLSIAGSSSSGTRVDES 308
Os_GI-218197613.pro  FACAVAALAEQQQMYGEA--SSTATCHTSRCDILSRSDRSFTEDLSINGSGSSGARSEEP 330
Zm_GI-260935347.pro  FACAVAALAEQQHMHGES--SSASPCQTIRFGTILSRPDRSTTQDLSVAGSSSSDSRVEEP 330
Sb_GI-242092026.pro  FAFAVAALAEQQHMHGES--SSASACQTPRFDILSRSDRSSTEDLSVVGSSSSDSRVEEP 329
: : :

Pt_GI-224061326.pro  VLPDCRMIVTRDDGEWGDGRGSDAAEAGTSYASSETAEDAGGISSLLPPP--PPTDEIGG 383
Rc_GI-255578534.pro  MLSDCRMA--RDDVQWVADRGSDAEAGTSYASSETTEDSDGISVVLPPPPLPPPDEIVG 382
Vv_GI-147817790.pro  ALPDGGLAVTKDDGEWGVDRGSEVAAEAGTSYASSDATDEAGGVAA-----LPPTDEAEG 383
Gm_GI-356549538.pro  EPLDEAVTMRSHGEWMDHGTQLTETATSYTNSVAAEDRGELSS-----LPRSDDNDG 390
At_GI-18411948.pro  -----HHYEMGETGSSNSYVSSYMTGEGFHN-----FPPPP----- 363
Ta_GI-408743661.pro  ASSCSRREVVRREEGECSTDHWESEGAEGTSYAGSDIVVDAGTTPP-----LPVTDN--- 384
Hv_GI-164371454.pro  APSGTRREMVRREEGECSDHWESEGAEGTSYAGSDIMADAGTMPP-----LPFADN--- 384
Bd_GI-357140854.pro  PPSCSR-EMIREEGECSTDHWESEGAEGTSYAGSDIVADAGTMQP-----LPFAEN--- 383
Os_GI-115445269.pro  APSCSR-EVVREEGECSDHWESEGAEGTSYAGSDIVADAGTMQP-----LPFAEN--- 383
Sb_GI-242064618.pro  APSCSR-EVVREEGECSTDHWESEGAEGTSYAGSDIMADTGTMPQ-----LPFAEN--- 387
Zm_GI-220961719.pro  APSCSR-EVVRDEGECSDHWESEGAEGTSYAGSDIMADAGAMQP-----LPFAEN--- 390
Ta_GI-408743658.pro  GPSCSRREVVRREEGECSTDHLESEGAEGTSYAGSDIVVDAGTMPL-----LPFADN--- 384

```



```

Bd_GI-357125256.pro SINRTRQTREGAEHSNN-DRWSEVADASTSCAGSDITREAGAANL-----VASDG--- 357
Os_GI-218197613.pro SSNMHQTREGMEYSN--ERWSEMAEASSSTGSDLTTEAGAAN-----SGG--- 375
Zm_GI-260935347.pro PTSNTHRTIEAAEYSNSNVQWSEVAEAGTSIAESDGTVEAGVDNS-----STSAG--- 380
Sb_GI-242092026.pro SSSSTHRTIEGSEYSNSNGRWSEVAEAGTSIAEADVIVEAGVGNS-----STSVG--- 379

```

```

: : :*: :

```

```

Pt_GI-224061326.pro SFQNVSGPIP-ESFEEQMMMLAMAVSLAEARAMTSG--PQSAWQ 423
Rc_GI-255578534.pro S--DSGMIVP-ESFEEQMMMLAMAVSLAEQAAMTGG--AGSAWQ 420
Vv_GI-147817790.pro SFQNVGGPIVPESFEEQMMMLAMAVSLAEARARTS---TQGVWQ 423
Gm_GI-356549538.pro SLQSATEPIVPESFEEQMMMLAMAVSLAEARAMSSG--QSASWQ 431
At_GI-18411948.pro ----PLVIVIPESFEEQMMAMAVSMAEVHATTTCAPTEVTWQ 401
Ta_GI-408743661.pro -YSMVASHFRPESIEEQMMYSMAVSLAEA-HGRTHT-QGLAWL 424
Hv_GI-164371454.pro -YSMAASHFRPESIEEQMMYSMAVSLAEA-HGRTHT-QGLTWL 424
Bd_GI-357140854.pro -YNMAPSHFRPESIEEQMMYSMTVSLAEA-HGRTHS-QGLAWL 423
Os_GI-115445269.pro -FAMAPSHFRPESIEEQMMFSLADG-HGRTHS-QGLAWL 423
Sb_GI-242064618.pro -FTMAPSHFRPESIEEQMMFMAVSLAEAHHGRTQA-QGLAWL 428
Zm_GI-220961719.pro -FAMGPSHFRPESVVEEQMMFMAVSLAEAHHGRTQA-QGLAWL 431
Ta_GI-408743658.pro -YSMVASHFRPESIEEQMMYSMAVSLAEA-HGRTHS-QGLAWL 424
Bd_GI-357125256.pro --SSIGSGNIPDSFEEQMMMLAISLVLVDARAMASSPGPGLTWQ 398
Os_GI-218197613.pro --SDTGAGSIPDSFEEQMMMLAMALSLADARAKASSPG--LTWR 414
Zm_GI-260935347.pro --SNIDSVSPDSFEEQMMMLAMALSLVDARARAGSPG--LAWR 419
Sb_GI-242092026.pro --SNIGSSSVSPDSFEEQMMMLAMALSLVDARSRAGSPG--LAWR 418

```

```

*:*:*** :*:*: :

```

```

*
```

\* означає однакові амінокислотні залишки

: означає консервативні амінокислотні залишки

. означає напівконсервативні амінокислотні залишки

RING-домен і перший і другий консенсусний домен обведені рамкою.

Таблиця 3

## Вирівнювання білків DA1 (послідовності SEQ ID NO: 41-64)

```

Si_GI-514815267.pro -----
Bd_GI-357157184.pro -----
Br DA1b.pro -----
Br DA1a.pro -----
At_GI-15221983.pro -----
Tc_GI-508722773.pro -----
Gm_GI-356564241.pro -----
Gm_GI-356552145.pro -----
Vv_GI-302142429.pro -----
Vv_GI-359492104.pro -----
Sl_GI-460385048.pro -----
Os_GI-218197709.pro -----
Os_GI-115466772.pro -----
Bd_GI-357160893.pro -----
Bd_GI-357164660.pro -----
Sb_GI-242092232.pro -----
Zm_GI-212275448.pro -----
At_GI-240256211.pro -----
At_GI-145360806.pro -----
At_GI-22326876.pro MEPPAARVTPSIKADCSHVNICEETVLHSLVSHLSAALRREGISVFDACGLQETKFF 60

At_GI-30698242.pro -----
At_GI-30698240.pro -----
At_GI-15240018.pro -----
At_GI-334188680.pro -----

Si_GI-514815267.pro -----
Bd_GI-357157184.pro -----
Br DA1b.pro -----
Br DA1a.pro -----
At_GI-15221983.pro -----
Tc_GI-508722773.pro -----
Gm_GI-356564241.pro -----
Gm_GI-356552145.pro -----
Vv_GI-302142429.pro -----
Vv_GI-359492104.pro -----

```

Sl GI-460385048.pro	-----
Os GI-218197709.pro	-----
Os GI-115466772.pro	-----
Bd GI-357160893.pro	-----
Bd GI-357164660.pro	-----
Sb GI-242092232.pro	-----
Zm GI-212275448.pro	-----
At GI-240256211.pro	-----
At GI-145360806.pro	-----
At GI-22326876.pro	SIKQNPPLTDGARVLVVVISDEVEFYDPWFPKFLKVIQGWQNNGHVVVPVFGVDSLTRV 120
At GI-30698242.pro	-----
At GI-30698240.pro	-----
At GI-15240018.pro	-----
At GI-334188680.pro	-----

Si GI-514815267.pro	-----
Bd GI-357157184.pro	-----
Br DA1b.pro	-----
Br DA1a.pro	-----
At GI-15221983.pro	-----
Tc GI-508722773.pro	-----
Gm GI-356564241.pro	-----
Gm GI-356552145.pro	-----
Vv GI-302142429.pro	-----
Vv GI-359492104.pro	-----
Sl GI-460385048.pro	-----
Os GI-218197709.pro	-----
Os GI-115466772.pro	-----
Bd GI-357160893.pro	-----
Bd GI-357164660.pro	-----
Sb GI-242092232.pro	-----
Zm GI-212275448.pro	-----
At GI-240256211.pro	-----
At GI-145360806.pro	-----
At GI-22326876.pro	YGWANSWLEAEKLTSHQSKILSNNVLTDSSELVEEIVRDVYGYKLYPAERVGIYARLLEIEK 180
At GI-30698242.pro	-----
At GI-30698240.pro	-----
At GI-15240018.pro	-----
At GI-334188680.pro	-----

Si GI-514815267.pro	-----
Bd GI-357157184.pro	-----
Br DA1b.pro	-----
Br DA1a.pro	-----
At GI-15221983.pro	-----
Tc GI-508722773.pro	-----
Gm GI-356564241.pro	-----
Gm GI-356552145.pro	-----
Vv GI-302142429.pro	-----
Vv GI-359492104.pro	-----
Sl GI-460385048.pro	-----
Os GI-218197709.pro	-----
Os GI-115466772.pro	-----
Bd GI-357160893.pro	-----
Bd GI-357164660.pro	-----
Sb GI-242092232.pro	-----
Zm GI-212275448.pro	-----
At GI-240256211.pro	-----
At GI-145360806.pro	-----
At GI-22326876.pro	LLYQHRDIRSIGIWGMPGIGKTTLAKAVFNHMSTDYDASCFIENFDEAFHKEGLHRLK 240
At GI-30698242.pro	-----
At GI-30698240.pro	-----
At GI-15240018.pro	-----
At GI-334188680.pro	-----

Si GI-514815267.pro	-----
Bd GI-357157184.pro	-----
Br DA1b.pro	-----
Br DA1a.pro	-----
At GI-15221983.pro	-----
Tc GI-508722773.pro	-----
Gm GI-356564241.pro	-----
Gm GI-356552145.pro	-----
Vv GI-302142429.pro	-----
Vv GI-359492104.pro	-----
Sl GI-460385048.pro	-----
Os GI-218197709.pro	-----
Os GI-115466772.pro	-----

```

Bd GI-357160893.pro -----
Bd GI-357164660.pro -----
Sb GI-242092232.pro -----
Zm GI-212275448.pro -----
At GI-240256211.pro -----
At GI-145360806.pro -----
At GI-22326876.pro ERIGKILKDEFDIESSYIMRPTLHRDKLYDKRILVVLDDVRDSLAAESFLKRLDWFGSGS 300
At GI-30698242.pro -----
At GI-30698240.pro -----
At GI-15240018.pro -----
At GI-334188680.pro -----

```

```

Si GI-514815267.pro -----
Bd GI-357157184.pro -----
Br DA1b.pro -----
Br DA1a.pro -----
At GI-15221983.pro -----
Tc GI-508722773.pro -----
Gm GI-356564241.pro -----
Gm GI-356552145.pro -----
Vv GI-302142429.pro -----
Vv GI-359492104.pro -----
Sl GI-460385048.pro -----
Os GI-218197709.pro -----
Os GI-115466772.pro -----
Bd GI-357160893.pro -----
Bd GI-357164660.pro -----
Sb GI-242092232.pro -----
Zm GI-212275448.pro -----
At GI-240256211.pro -----
At GI-145360806.pro -----
At GI-22326876.pro LIIITSVDKQVFQFCQINQIYTVQGLNVHEALQLFSQSVFGINEPEQNDRLSMKVIDYV 360
At GI-30698242.pro -----
At GI-30698240.pro -----
At GI-15240018.pro -----
At GI-334188680.pro -----

```

```

Si GI-514815267.pro -----
Bd GI-357157184.pro -----
Br DA1b.pro -----
Br DA1a.pro -----
At GI-15221983.pro -----
Tc GI-508722773.pro -----
Gm GI-356564241.pro -----
Gm GI-356552145.pro -----
Vv GI-302142429.pro -----
Vv GI-359492104.pro -----
Sl GI-460385048.pro -----
Os GI-218197709.pro -----
Os GI-115466772.pro -----
Bd GI-357160893.pro -----
Bd GI-357164660.pro -----
Sb GI-242092232.pro -----
Zm GI-212275448.pro -----
At GI-240256211.pro -----
At GI-145360806.pro -----
At GI-22326876.pro NGNPLALSIYGRELMGKKSEMETAFPELKHCPPLKIQDVLKNAYSALSNDNEKNIVLDIAF 420
At GI-30698242.pro -----
At GI-30698240.pro -----
At GI-15240018.pro -----
At GI-334188680.pro -----

```

```

Si GI-514815267.pro -----
Bd GI-357157184.pro -----
Br DA1b.pro -----
Br DA1a.pro -----
At GI-15221983.pro -----
Tc GI-508722773.pro -----
Gm GI-356564241.pro -----
Gm GI-356552145.pro -----
Vv GI-302142429.pro -----
Vv GI-359492104.pro -----
Sl GI-460385048.pro -----

```

```

Os GI-218197709.pro -----
Os GI-115466772.pro -----
Bd GI-357160893.pro -----
Bd GI-357164660.pro -----
Sb GI-242092232.pro -----
Zm GI-212275448.pro -----
At GI-240256211.pro -----
At GI-145360806.pro -----
At GI-22326876.pro FFKGETVNYVMQLLEESHYPRLAIDVLVDKCVLTISENTVQMNLIQDTCQEIFNGEIE 480
At GI-30698242.pro -----
At GI-30698240.pro -----
At GI-15240018.pro -----
At GI-334188680.pro -----

```

```

Si GI-514815267.pro -----
Bd GI-357157184.pro -----
Br DA1b.pro -----
Br DA1a.pro -----
At GI-15221983.pro -----
Tc GI-508722773.pro -----
Gm GI-356564241.pro -----
Gm GI-356552145.pro -----
Vv GI-302142429.pro -----
Vv GI-359492104.pro -----
Sl GI-460385048.pro -----
Os GI-218197709.pro -----
Os GI-115466772.pro -----
Bd GI-357160893.pro -----
Bd GI-357164660.pro -----
Sb GI-242092232.pro -----
Zm GI-212275448.pro -----
At GI-240256211.pro -----
At GI-145360806.pro -----

```

```

At GI-22326876.pro TCTRMWEPSRIRYLLEYDELEGSGETKAMPKSGLVAEHIESIFLDTSNVKFDVKHDAFKN 540
At GI-30698242.pro -----
At GI-30698240.pro -----
At GI-15240018.pro -----
At GI-334188680.pro -----

```

```

Si GI-514815267.pro -----
Bd GI-357157184.pro -----
Br DA1b.pro -----
Br DA1a.pro -----
At GI-15221983.pro -----
Tc GI-508722773.pro -----
Gm GI-356564241.pro -----
Gm GI-356552145.pro -----
Vv GI-302142429.pro -----
Vv GI-359492104.pro -----
Sl GI-460385048.pro -----
Os GI-218197709.pro -----
Os GI-115466772.pro -----
Bd GI-357160893.pro -----
Bd GI-357164660.pro -----
Sb GI-242092232.pro -----
Zm GI-212275448.pro -----
At GI-240256211.pro -----
At GI-145360806.pro -----
At GI-22326876.pro MFNLKFLKTIYNSCSKYISGLNFPKGLDSLPEYELRLHWHENYPLQSLPQDFDFGHLVKLSM 600
At GI-30698242.pro -----
At GI-30698240.pro -----
At GI-15240018.pro -----
At GI-334188680.pro -----

```

```

Si GI-514815267.pro -----
Bd GI-357157184.pro -----
Br DA1b.pro -----
Br DA1a.pro -----
At GI-15221983.pro -----
Tc GI-508722773.pro -----
Gm GI-356564241.pro -----
Gm GI-356552145.pro -----
Vv GI-302142429.pro -----
Vv GI-359492104.pro -----
Sl GI-460385048.pro -----

```



Os GI-218197709.pro -----  
 Os GI-115466772.pro -----  
 Bd GI-357160893.pro -----  
 Bd GI-357164660.pro -----  
 Sb GI-242092232.pro -----  
 Zm GI-212275448.pro -----  
 At GI-240256211.pro -----  
 At GI-145360806.pro -----  
 At GI-22326876.pro PYSQLHKLGTRVKDLVMLKRLILSHSLQLVECDILIYAQNIELIDLOGCTGLQRFPDTSQ 660  
 At GI-30698242.pro -----  
 At GI-30698240.pro -----  
 At GI-15240018.pro -----  
 At GI-334188680.pro -----

Si GI-514815267.pro -----  
 Bd GI-357157184.pro -----  
 Br DA1b.pro -----  
 Br DA1a.pro -----  
 At GI-15221983.pro -----  
 Tc GI-508722773.pro -----  
 Gm GI-356564241.pro -----  
 Gm GI-356552145.pro -----  
 Vv GI-302142429.pro -----  
 Vv GI-359492104.pro -----  
 Sl GI-460385048.pro -----  
 Os GI-218197709.pro -----MGDRP 5  
 Os GI-115466772.pro -----  
 Bd GI-357160893.pro -----  
 Bd GI-357164660.pro -----  
 Sb GI-242092232.pro -----  
 Zm GI-212275448.pro -----  
 At GI-240256211.pro -----  
 At GI-145360806.pro -----  
 At GI-22326876.pro LQNLRVVNLSGCTEIKCFSGVPPNIEELHLQGTREIPIFNATHPPKVLDKRLWNLL 720  
 At GI-30698242.pro -----  
 At GI-30698240.pro -----  
 At GI-15240018.pro -----  
 At GI-334188680.pro -----

Si GI-514815267.pro -----  
 Bd GI-357157184.pro -----  
 Br DA1b.pro -----  
 Br DA1a.pro -----  
 At GI-15221983.pro -----  
 Tc GI-508722773.pro -----  
 Gm GI-356564241.pro -----  
 Gm GI-356552145.pro -----  
 Vv GI-302142429.pro -----  
 Vv GI-359492104.pro -----  
 Sl GI-460385048.pro -----  
 Os GI-218197709.pro DMGAGVALRFSHNDWTLEEDSKALHFLQPDVLFTGDYGNENVQLVKSISDLQLPKAAIL 65  
 Os GI-115466772.pro -----

Bd GI-357160893.pro -----  
 Bd GI-357164660.pro -----  
 Sb GI-242092232.pro -----  
 Zm GI-212275448.pro -----  
 At GI-240256211.pro -----  
 At GI-145360806.pro -----  
 At GI-22326876.pro ENFSDVEHIDLECVTNLATVTSSNNHVMGKLVCLNMKYCSNLRGLPDMVSLESCLKVLYLSG 780  
 At GI-30698242.pro -----  
 At GI-30698240.pro -----  
 At GI-15240018.pro -----  
 At GI-334188680.pro -----

Si GI-514815267.pro -----  
 Bd GI-357157184.pro -----  
 Br DA1b.pro -----  
 Br DA1a.pro -----  
 At GI-15221983.pro -----  
 Tc GI-508722773.pro -----  
 Gm GI-356564241.pro -----  
 Gm GI-356552145.pro -----  
 Vv GI-302142429.pro -----  
 Vv GI-359492104.pro -----  
 Sl GI-460385048.pro -----

```

Os GI-218197709.pro GNHDCWHTYQFSEKKVDRVQLQLESLGEQHVGYKCLDFPTIKLSVVGGRPFSCGGNRIFR 125
Os GI-115466772.pro -----
Bd GI-357160893.pro -----
Bd GI-357164660.pro -----
Sb GI-242092232.pro -----
Zm GI-212275448.pro -----
At GI-240256211.pro -----
At GI-145360806.pro -----
At GI-22326876.pro CSELEKIMGFPRNLKKLYVGGTAIRELPQLPNSLEFLNAHGCKHLKSINLDFEQLPRHFI 840
At GI-30698242.pro -----
At GI-30698240.pro -----
At GI-15240018.pro -----
At GI-334188680.pro -----

Si GI-514815267.pro -----
Bd GI-357157184.pro -----
Br DA1b.pro -----
Br DA1a.pro -----
At GI-15221983.pro -----
Tc GI-508722773.pro -----
Gm GI-356564241.pro -----
Gm GI-356552145.pro -----
Vv GI-302142429.pro -----
Vv GI-359492104.pro -----
Sl GI-460385048.pro -----
Os GI-218197709.pro PKLLSKWYGVNDMAESAKRIYDAATNAPKEHAVILLAHNGPTGLGSRMEDICGRDWWAGG 185
Os GI-115466772.pro -----
Bd GI-357160893.pro -----
Bd GI-357164660.pro -----
Sb GI-242092232.pro -----
Zm GI-212275448.pro -----
At GI-240256211.pro -----
At GI-145360806.pro -----
At GI-22326876.pro FSNCFYRFSSQVIAEFVEKGLVASLARAKQEELIKAPEVIICIPMDTRQRSSFRLLQAGRNA 900
At GI-30698242.pro -----
At GI-30698240.pro -----MPISDVASLVGGAALGAPLSE 21
At GI-15240018.pro -----MASDYYSSDDEGFGEKVGLIG 21
At GI-334188680.pro -----MWCLSCFKPSTKHDP 15

Si GI-514815267.pro -----
Bd GI-357157184.pro -----
Br DA1b.pro -----
Br DA1a.pro -----
At GI-15221983.pro -----
Tc GI-508722773.pro -----
Gm GI-356564241.pro -----
Gm GI-356552145.pro -----
Vv GI-302142429.pro -----
Vv GI-359492104.pro -----
Sl GI-460385048.pro -----
Os GI-218197709.pro GDHGDPDLEQAISDLQRETGVSIPLVVFHMHKSLAYGRGLRKMIAFGANRTIYLNNAV 245
Os GI-115466772.pro -----
Bd GI-357160893.pro -----
Bd GI-357164660.pro -----
Sb GI-242092232.pro -----
Zm GI-212275448.pro -----
At GI-240256211.pro -----
At GI-145360806.pro -----
At GI-22326876.pro MTDLPVPMQKPISGFSMSVVVSFQDDYHNDVGLRIRCVGTWKTWNNQPDRIEVRFFQCWA 960
At GI-30698242.pro -----
At GI-30698240.pro IFKLVEEAKKVKDFKP-----L 39
At GI-15240018.pro EKDRFEAETIHVIEVSQ-----H 39
At GI-334188680.pro SEDRFEETNIVTGIS-----31

Si GI-514815267.pro -----
Bd GI-357157184.pro -----
Br DA1b.pro -----
Br DA1a.pro -----
At GI-15221983.pro -----
Tc GI-508722773.pro -----
Gm GI-356564241.pro -----
Gm GI-356552145.pro -----
Vv GI-302142429.pro -----
Vv GI-359492104.pro -----
Sl GI-460385048.pro -----

```

```

Os GI-218197709.pro PRVNHAQSSRQPAISTSEKTGLEGLTGLMVPTSTRAFTIVDLFEGAVEKISEVWVTVGDAR 305
Os GI-115466772.pro -----
Bd GI-357160893.pro -----
Bd GI-357164660.pro -----
Sb GI-242092232.pro -----
Zm GI-212275448.pro -----
At GI-240256211.pro -----
At GI-145360806.pro -----MDSSSSSSSSSPSSSYGVARVS 22
At GI-22326876.pro PTRAPKVVADHIFVLYDTKMHPSDSEENHISMWAHEVKFEFHTVSGENNPLGASCKVTEC 1020
At GI-30698242.pro -----
At GI-30698240.pro SQDLASTMERLVPFIPEIDMMQOGSNRGTSELKVLTTETMERAGEMVHKCSRIQWYSIAKK 99
At GI-15240018.pro EADIQKAKQKSLATHEAEKLDLATHEAEQLDLAIQEFSSRQEEEEERRRTRELENDQIAN 99
At GI-334188680.pro -----LYEDVILRQRSEADQIEWAIQDSFNPQE---TSRCRQREEDDQIAR 75

Si GI-514815267.pro -----MGWLSKIFKGSVN-RVSRGHYNGNSHE----GYS 29
Bd GI-357157184.pro -----MGWLNKIFKGSVN-RVSRGNYDGNWHD----GNS 29
Br DA1b.pro -----MGWLNKIFKGSNQ-RHPLGNEHYHHNGGYYENYP 33
Br DA1a.pro -----MGWFNKFIFKGSQ-RFRLGNDHDHN--GYYSYP 31
At GI-15221983.pro -----MGWFNKFIFKGSNQ-RLRVGNKHNHN-VYYDNP 32
Tc GI-508722773.pro -----MDWIKKIFKGSQ-KFSEG---HHHG---NYV 25
Gm GI-356564241.pro -----MGWLSRIFKGSNDHKLSEGHYYKEDA----GY 29
Gm GI-356552145.pro -----MGWLSRIFKGSNDHKLSEGHYYKEDA----GY 29
Vv GI-302142429.pro -----MGWLNKIFKGSQ-KISEGNYHGRYQ----GDT 28
Vv GI-359492104.pro -----MGWLNKIFKGSQ-KISEGNYHGRYQ----GDT 28
Sl GI-460385048.pro -----MGWLNKIFKGSQ-KISEGQYDWRCE----GHT 28
Os GI-218197709.pro TELEQELVLYKQPHKSVPSNIAIWSTMGWLTKEFFRGSTH-KISEGQYHSPAEETIWNGP 364
Os GI-115466772.pro -----MGWLTKEFFRGSTH-KISEGQYHSPAEETIWNGP 33
Bd GI-357160893.pro -----MGWLTKEFFRGSTH-KISEGQYHSPAEETIWNGP 33
Bd GI-357164660.pro -----MGWLTKEFFRGSTH-KISEGQYHSPAEETIWNGP 33
Sb GI-302142429.pro -----MGWLTKEFFRGSTH-KISEGQYHSPAEETIWNGP 33
Zm GI-212275448.pro -----MGWLTKEFFRGSTH-KISEGQYHSPAEETIWNGP 33
At GI-240256211.pro -----MGWLTKEFFRGSTH-KISEGQYHSPAEETIWNGP 33
At GI-145360806.pro HISNPCIFGEVGSSSSTYRDKKWKLMKWSKLFKSGSGGGSGAHTNHHPPQFQEDENM 82
At GI-22326876.pro GVEVITAATGDTSVSGIIRESETITIEKEDTIIDEEDTPLLRSKPEETNRSRSSLQK 1080
At GI-30698242.pro -----
At GI-30698240.pro ALYTREIKA--INQDFLKFCQIELQLIQRNQLQYMRSMGMAVSTKADLLSDIGNEFSK 157
At GI-15240018.pro VLQHEERE-----RLINKTALEDEDELLARTLEESLKENNRKMFEEQVKNDEQ 150
At GI-334188680.pro GLQYVEET-----ELDKSVVDEED-----QQ 96

Si GI-514815267.pro TOHTKSY----- 36
Bd GI-357157184.pro SENIR----- 34
Br DA1b.pro -HEHS-----EPSAETDA-----DHT 48
Br DA1a.pro -HDEPSADTDPPDPPDPE-----THT 52
At GI-15221983.pro TASHDEPSAADTDADNDP-----HHT 55
Tc GI-508722773.pro EDPHP-----QF 32
Gm GI-356564241.pro LPSTS----- 34
Gm GI-356552145.pro LPSTS----- 34
Vv GI-302142429.pro VQNEP----- 33
Vv GI-359492104.pro VQNEP----- 33
Sl GI-460385048.pro EEDDP----- 33
Os GI-218197709.pro SNSAVVTMVYPLESTFGQLDLLLATDLRLQLVIDDVCCKLRQQAQPVHLHMYSQLQLLQ 424
Os GI-115466772.pro SNSAVVT----- 40
Bd GI-357160893.pro SSSTVVT----- 40
Bd GI-357164660.pro SSSTAVN----- 40
Sb GI-242092232.pro SSSPVVT----- 40
Zm GI-212275448.pro SSSPVVT----- 40
At GI-240256211.pro RYSAEGSDFDKEIECAIALSL-----EQEHVIPQDDKGKKIIE 73
At GI-145360806.pro VFPLPS----- 89
At GI-22326876.pro LSSTSSKVRSGNVFWKWLGCFF-----LQPKNLRSRRTTAALEEA 1122
At GI-30698242.pro -----
At GI-30698240.pro LCLVAQPEVVTKEFWLKRPLMELKMLFEDGV-----VTVVVSAPYALGKTTLVTK 207
At GI-15240018.pro LALIVQESLNMEEYPIR-LEFYK-----SISRRAPLDVDEQ-FAKA 189
At GI-334188680.pro LSKIVEESLKE----- 107

Si GI-514815267.pro -----GAHGNEDE-----DMDHAIALSLSEQDQRKGAIDTEHLD--ED 74
Bd GI-357157184.pro -----GAYDESDNE-----DIDRAIALSLAEDPNKGAIDPPYS----- 70
Br DA1b.pro QEPSTSEETWNGKENE-----EVDRAIALSILEE-ENQRPETNTG----- 88
Br DA1a.pro QEPSTSEEDTS-QGENE-----DIDRAIALSLIENSQGTNTCAAN----- 93
At GI-15221983.pro QEPSTSEDNTSNDQENE-----DIDRAIALSLLEE--NQEQTSISG----- 94
Tc GI-508722773.pro NAPSVS-GDAWQELNE-----DVDRAIALSLLGE--SQKGRKVID----- 70
Gm GI-356564241.pro GVTN-----NONENE-----DIDRAIALSLVEESRRANNVNGER----- 69
Gm GI-356552145.pro GVTNDAWNQSQNQENENE-----DIDRAIALSLVEETQKANNVN----- 73
Vv GI-302142429.pro ----SCSGDVWAETENE-----DIDRAIALSLSEE--EQKGGKVID----- 68
Vv GI-359492104.pro ----SCSGDVWAETENE-----DIDRAIALSLSEE--EQKGGKVID----- 69
Sl GI-460385048.pro ----STAEDSWSEIE-----EIDRAIALSLSEE--EQKGGKVID----- 66
Os GI-218197709.pro TSHAHQHGDVPSEFDNE-----DIARAISSLLEEEQKAKAIEKD----- 465

```



```

Os GI-115466772.pro -----DVPSEFDNE-----DIARAISSLLEEEQRKAKAIEKD----- 73
Bd GI-357160893.pro -----DVLSEFDNE-----DIDRAIALSLSEE-QRKSGTGKD----- 72
Bd GI-357164660.pro -----YALSEFDNE-----DIDRAIALSLSEEEQRKSGTGKD----- 73
Sb GI-242092232.pro -----DIFSEFNE-----DIDRAIALSLSEEEQRKAKTIDKD----- 73
Zm GI-212275448.pro -----DILSEFNE-----DIDRAIALSLSEEEQRKEKAIDKD----- 73
At GI-240256211.pro YKSETEEDDDDDDEDEEYFMRQALEAAEEERRVAQAQIEEEERKRAEAQLEETEKLAK 133
At GI-145360806.pro -----SLDDRSRGARDKE-----ELDRSISLSLADN-TKRPHGYGWS----- 125
At GI-22326876.pro LEEALKEREKLEDREL-----QIALIESKKIKKIQADERDQIKHADER----- 1167
At GI-30698242.pro -----MVRKRQEEDEKI-----EIERVKEESLKLAKQAEERKRLEESKEQ----- 41
At GI-30698240.pro LCHDADVKEKFKQIFFI-----SVSKFPNVRLIGHKLEHIGCKANEYEN----- 252
At GI-15240018.pro VKESLKNKGKQKQFEDE-----QVKKDEQLALIVQESLNMVESPPRLEEN----- 234
At GI-334188680.pro -----KGKSKQFEDD-----QVENDEQQALMVQESLYMVLSAQLEED----- 145

Si GI-514815267.pro EQLARALQENTSPITLDEDEQLAR-----ALQESMNDHEP 108
Bd GI-357157184.pro -----LEEDEQLAR-----ALHESLNTGSP 90
Br DA1b.pro -----AWKHAM-MDDDEQLAR-----AIQESMIARN- 113
Br DA1a.pro -----AGKYAM-VDEDEQLAR-----AIQESMVVGNT 119
At GI-15221983.pro -----KYSMPVDEDEQLAR-----ALQESMVVGNS 119
Tc GI-508722773.pro -----DEYQLEDEQLAR-----ALQESLNFEP 94
Gm GI-356564241.pro -----ILSLQTLLEDEQLAR-----AIEQSLNLESP 96
Gm GI-356552145.pro -----DYRSQLEDEQLAR-----AIEQSLNLESP 98
Vv GI-302142429.pro -----NEFQLEDEQLAR-----AIQESLNIESP 92
Vv GI-359492104.pro -----L-DNEFQLEDEQLAR-----AIQESLNIESP 95
Sl GI-460385048.pro -----SESQKLEDEQLAR-----ALQESLNIVESP 90
Os GI-218197709.pro -----MHLEDEQLAR-----AIQESLNIVESP 487
Os GI-115466772.pro -----MHLEDEQLAR-----AIQESLNIVESP 95
Bd GI-357160893.pro -----LHLEDEQLAR-----AIHESLNIVESP 94
Bd GI-357164660.pro -----QHLDEDEQLAR-----AIQESLNIVESP 95
Sb GI-242092232.pro -----MHLEDEQLAR-----AIQESLNIVESP 95
Zm GI-212275448.pro -----MHLEDEQLAR-----AIQESLNIVESP 95
At GI-240256211.pro ARLEEEEMRRSQAQLEEDELLAK-----ALQESMNVGSP 167
At GI-145360806.pro -----MDNNRDFPR-----PFHGGLNPSSP 145
At GI-22326876.pro -----EQRKHSKDHEEEIEESNEKEERRHSDYVIEELVLKGGKGRKQLDDDKADEKEQ 1221
At GI-30698242.pro -----GKRIQVDDD-----QLAKTTSKDKGQ 622
At GI-30698240.pro -----DLDALYIQLQLKQLGRNGSILLVLDV-----WAEESLQKFL 292
At GI-15240018.pro -----NNISTRAPVDEDEQLAK-----AVEESLKGKGQ 262
At GI-334188680.pro -----KNISTIPPLNEDAQLQK-----VIWESAKGKGQ 173

Si GI-514815267.pro PR-----QHIPIEDVHSESAPASSLPYVFPPTNGSRVCA 142
Bd GI-357157184.pro PH-----QNVFVVDVPSERVPTREPPPVFLSSGFRACA 124
Br DA1b.pro -----GTT-----YDFGNAY-----GNHMHGGGNVYDNGDIYYPRPIAFSMDFRICA 156
Br DA1a.pro PRQKHGSS-----YDIGNAYGAGDVYGNHMHGGGNVYANGDIYYPRPTAFPMDFRICA 173
At GI-15221983.pro PRHKS GST-----YDNGNAYGAGDLYGNHMYGGGNVYANGDIYYPRPITFQDFRICA 173
Tc GI-508722773.pro P-----QYENANMYQPMFVHFPMPGYRICA 118
Gm GI-356564241.pro P-----RYGNENMYQPPFIQYFPLG--ICA 118
Gm GI-356552145.pro P-----RYGNENMYQPPFIQYFPMGSRICA 122
Vv GI-302142429.pro PQ-----HGNGN-----GNGNIYQPIPPYSTGFRICA 120
Vv GI-359492104.pro PQ-----HGNGN-----GNGNIYQPIPPYSTGFRICA 123
Sl GI-460385048.pro PQ-----HVSRRNDHGGGNVYGNNGFYHVPVFPYSASFRVCA 126
Os GI-218197709.pro -----PRARENGNANGGNMYQLPFPFSSGFRTCA 517
Os GI-115466772.pro -----PRARENGNANGGNMYQLPFPFSSGFRTCA 125
Bd GI-357160893.pro PCARDNGSPPH---ARDNSSPPHARENSSHPARENGIANGGNSIQHSPFMSGFRICA 151
Bd GI-357164660.pro -----PRAREKSSHPARENGSANGGNSYQL-PLMFSSGFRTCA 133
Sb GI-242092232.pro P-----PSRENGSANGGNAYHPLPFPFSSGFRACA 125
Zm GI-212275448.pro PRRNGSAN-----GGTMYHPPRETGNAYQPPRENGSANGGNAYHPLPFPFSSGFRACA 148
At GI-240256211.pro P-----RYDPGNILQPPYFPLIPSSHRICV 191
At GI-145360806.pro IP-----PYEPSYQYRRRQICG 163
At GI-22326876.pro IKH-----SKDHVEE-----EVNPPLSKCK 1241
At GI-30698242.pro INH-----SKDVVEE-----DVNPPPS--I 80
At GI-30698240.pro IQLPDYKILVTSRFETFSFGPTFHLKPLIDDEVECRDEIEENEKLP---EVNPPLSMCG 348
At GI-15240018.pro IKQ-----SKDEVEGDGMLL-----ELNPPPSLCG 287
At GI-334188680.pro IEH-----FKDPVEEDGNLPRVDLNVNHPHSICD 202

Si GI-514815267.pro GCKTPIGQGRFLSCMDSVWHQPCFRFCYCDIPISEYEFVHE---DHAYHRSCYKERF-H 198
Bd GI-357157184.pro GCNNPIGNRFLSCMDSVWHQPCFRFCACNKPISSEYEFAMHE---NQPYHKSCYKDFH-H 180
Br DA1b.pro GCNMEIGHGRFLNCLNALWHPQCFRCYGCSPHPISEYEFSTSG---NYPFHKACYRERF-H 212
Br DA1a.pro GCNMEIGHGRFLNCLNALWHPQCFRCYGCSPHPISEYEFSTSG---NYPFHKACYRERY-H 229
At GI-15221983.pro GCNMEIGHGRFLNCLNSLWHPQCFRCYGCSPHPISEYEFSTSG---NYPFHKACYRERY-H 229
Tc GI-508722773.pro GCNTEIGHGRFLNCLNAFWHPECFRCHACNLPISDYEFMSG---NYRPHKSCYKERY-H 174
Gm GI-356564241.pro GCYTEIGFGRFLNCLNAFWHPECFRCHACNLPISDYEFSTSG---NYPYHKSCYKESY-H 174
Gm GI-356552145.pro GCYTEIGYGRFLNCLNAFWHPECFRCHACNLPISDYEFSTSG---NYPYHKSCYKESY-H 178
Vv GI-302142429.pro GCNTEIGHGRFLSCMGAVWHPECFRCHGCGYPISDYEYSMNG---NYPYHKSCYKEHY-H 176
Vv GI-359492104.pro GCNTEIGHGRFLSCMGAVWHPECFRCHGCGYPISDYEYSMNG---NYPYHKSCYKEHY-H 179
Sl GI-460385048.pro GCSTEIGHGRFLSCMGAVWHPECFRCHACNQPISDYEFMSG---NYPYHKTCYKEHY-H 182
Os GI-218197709.pro GCHSEIGHGRFLSCMGAVWHPECFRCHACNQPIYDYEFMSG---NHPYHKTCYKERF-H 573
Os GI-115466772.pro GCHSEIGHGRFLSCMGAVWHPECFRCHACNQPIYDYEFMSG---NHPYHKTCYKERF-H 181

```



Bd GI-357160893.pro GCHSEIGHGRFLSCMGAVVHPECFCHACSQPIYDYEFMSG---NHPYHKTCYKERF-H 207  
 Bd GI-357164660.pro GCHSEIGHGRFLSCMGAVVHPECFCHGCSQPIYDYEFMSG---NHPYHKTCYKERF-H 189  
 Sb GI-242092232.pro GCHREIGHGRFLSCMGAVVHPECFCHACSQPIYDYEFMSG---NHPYHKTCYKEQF-H 181  
 Zm GI-212275448.pro GCHREIGHGRFLSCMGAVVHPECFCHACSQPIYDYEFMSG---NHPYHKTCYKEQF-H 204  
 At GI-240256211.pro GCQAEIGHGRFLSCMGVWHPECFCCNACDKPIIDYEFMSG---NRPHYKLCYKEQH-H 247  
 At GI-145360806.pro GCNSDIGSGNYLGCMTGFHPECFCHSCGYAITEHEFSLSG---TKPHYKLCFKELT-H 219  
 At GI-22326876.pro DCKSAIEDGISINAYGSVWHPECFCLRCREPIAMNEISDLR---GMYHKPCYKELR-H 1296  
 At GI-30698242.pro DGKSEIGDGTSVN-----PRCLCFCHRRPFVMEILK----GKFHIDCYKEYRN 128  
 At GI-30698240.pro GCNSAVKHEESVNILGVLWHPGCFCCRSCKPIAHELENHVSNSRGKFKHSCYER---- 404  
 At GI-15240018.pro GCNFAVEHGGSVNILGVLWHPGCFCCRACHKPIAHDIEHVSNSRGKFKHSCYER---- 343  
 At GI-334188680.pro GCKSAIEYGRSVHALGVNWHPECFCCRYCDKPIAMHEFS----NTKGRCCHITCYERSH-- 256  
 . : : \* \* \* \* . : : \* \* .

Si GI-514815267.pro PKCDVCSNFIPITNKNGLIEYRAHPFWMQKYCPSHENDGTPRCCSCERMEPKHSQYITLDD 258  
 Bd GI-357157184.pro PKCDVCKDFIPTNKDGLIEYRAHPFWMQKYCPSHEDDGTTPRCCSCERMEPTD1KYIRLDD 240  
 Br DA1b.pro PKCDVCSLFIPTNAGLIEYRAHPFWMQKYCPSHEDATTPRCCSCERMEPRNTGYFELND 272  
 Br DA1a.pro PKCDVCSLFIPTNAGLIGYRAHPFWMQKYCPSHEDATTPRCCSCERMEPRNTGYVELND 289  
 At GI-15221983.pro PKCDVCSHFIPITNAGLIEYRAHPFWMQKYCPSHEDATTPRCCSCERMEPRNTRYVELND 289  
 Tc GI-508722773.pro PKCDVCNDFIPTNPAGLIEYRAHPFWMQKYCPSHEDSTPRCCSCERMEPQDTGYVALND 234  
 Gm GI-356564241.pro PKCDVCKHFIPTNPAGLIEYRAHPFWMQKYCPTHEHDGTPRCCSCERMEPQDTGYVALND 234  
 Gm GI-356552145.pro PKCDVCKHFIPTNPAGLIEYRAHPFWMQKYCPTHEHDGTPRCCSCERMEPQDTGYVALND 238  
 Vv GI-302142429.pro PKCDVCKHFIPTNPAGLIEYRAHPFWMQKYCPSHEDRTTPRCCSCERMEPRDTRYVALND 236  
 Vv GI-359492104.pro PKCDVCKHFIPTNPAGLIEYRAHPFWMQKYCPSHEDRTTPRCCSCERMEPRDTRYVALND 239  
 Sl GI-460385048.pro PKCDVCKHFIPTNAGLIEYRAHPFWSQKYCPEHEDGTPRCCSCERMEPRDTRYIALDD 242  
 Os GI-218197709.pro PKCDVCKQFIPTNMNGLIEYRAHPFWMQKYCPSHEVDGTPRCCSCERMEPRESRYVLLDD 633  
 Os GI-115466772.pro PKCDVCKQFIPTNMNGLIEYRAHPFWMQKYCPSHEVDGTPRCCSCERMEPRESRYVLLDD 241  
 Bd GI-357160893.pro PKCDVCKQFIPTNMNGLIEYRAHPFWMQKYCPSHEVDGTPRCCSCERMEPRESRYVLLDD 267  
 Bd GI-357164660.pro PKCDVCKQFIPTNTNGLIEYRAHPFWMQKYCPSHEVDGTPRCCSCERMEPRESRYVLLDD 249  
 Sb GI-242092232.pro PKCDVCKQFIPTNMNGLIEYRAHPFWMQKYCPSHEVDGTPRCCSCERMEPRESRYVLLDD 241  
 Zm GI-115466772.pro PKCDVCKQFIPTNMNGLIEYRAHPFWMQKYCPSHEMDGTPRCCSCERMEPRESRYVLLDD 264  
 At GI-240256211.pro PKCDVCHNFIPTNPAGLIEYRAHPFWMQKYCPSHERDGTTPRCCSCERMEPKD1KYILDD 307  
 At GI-145360806.pro PKCEVCHHFIPTNDAGLIEYRCHPFWMQKYCPSHEYD1TARCCSCERLESWDVRYTLED 279  
 At GI-22326876.pro PNCYVCEKKIPRTAEG1-KYHEHPFWMETCYPSHDG1GTPKCCSCERLEHCGTQYVMLAD 1355  
 At GI-30698242.pro RNCYVCCQKIPVNAEGLIRKFSHEHPFWMQKYCPIHEDG1TAKCCSCERLEHCGTQYVMLAD 188  
 At GI-30698240.pro -YCYVCEKK-----MKTYNHHPFWEERYCPVHEADGTPKCCSCERLEHCGTQYVMLAD 457  
 At GI-15240018.pro -YCYVCEKK-----MKTYNHHPFWEERYCPVHEADGTPKCCSCERLEHCGTQYVMLAD 396  
 At GI-334188680.pro PNCHVCKKKFP-----GRKYKEHPFWMQKYCPEHEDGTPKCCSCERLEHCGTQYVMLAD 311  
 \* \* \* : \* \* \* \* : \* \* \* : \* \* \* : \* \* \* : \* \* \*

Si GI-514815267.pro GRKLCLECLHTA1MDTNECQPLYIDIQEFYEGMNMKVEQVPLLLVERQALNEAMEAEKI 318  
 Bd GI-357157184.pro GRKLCLECLTSATMDSPECQHL1MDIQEFYEGMNMKVEQVPLLLVERQALNEALEAEKS 300  
 Br DA1b.pro GRKLCLECLDSSVMDTFQCQPLYLQIQEFYEGMNMKVEQVPLLLVERQALNEAREGERN 332  
 Br DA1a.pro GRKLCLECLDSSVMDTFQCQPLYLQIQEFYEGMNMKVEQVPLLLVERQALNEAREGEKN 349  
 At GI-15221983.pro GRKLCLECLDSSVMDTFQCQPLYLQIQEFYEGMNMKVEQVPLLLVERQALNEAREGEKN 349  
 Tc GI-508722773.pro GRKLCLECLDSSVMDTFQCQPLYLQIQEFYEGMNMKVEQVPLLLVERQALNEAREGEKN 294  
 Gm GI-356564241.pro GRKLCLECLDSSVMDTFQCQPLYLQIQEFYEGMNMKVEQVPLLLVERQALNEAREGEKN 294  
 Gm GI-356552145.pro GRKLCLECLDSSVMDTFQCQPLYLQIQEFYEGMNMKVEQVPLLLVERQALNEAREGEKN 298  
 Vv GI-302142429.pro GRKLCLECLDSSVMDTFQCQPLYLQIQEFYEGMNMKVEQVPLLLVERQALNEAREGEKS 296  
 Vv GI-359492104.pro GRKLCLECLDSSVMDTFQCQPLYLQIQEFYEGMNMKVEQVPLLLVERQALNEAREGEKS 299  
 Sl GI-460385048.pro GRKLCLECLDSSVMDTFQCQPLYLQIQEFYEGMNMKVEQVPLLLVERQALNEAREGERH 302  
 Os GI-218197709.pro GRKLCLECLDSSVMDTFQCQPLYLQIQEFYEGMNMKVEQVPLLLVERQALNEAREGEKT 693  
 Os GI-115466772.pro GRKLCLECLDSSVMDTFQCQPLYLQIQEFYEGMNMKVEQVPLLLVERQALNEAREGEKT 301  
 Bd GI-357160893.pro GRKLCLECLDSSVMDTFQCQPLYLQIQEFYEGMNMKVEQVPLLLVERQALNEAREGEKT 327  
 Bd GI-357164660.pro GRKLCLECLDSSVMDTFQCQPLYLQIQEFYEGMNMKVEQVPLLLVERQALNEAREGEKT 309  
 Sb GI-242092232.pro GRKLCLECLDSSVMDTFQCQPLYLQIQEFYEGMNMKVEQVPLLLVERQALNEAREGEKA 301  
 Zm GI-212275448.pro GRKLCLECLDSSVMDTFQCQPLYLQIQEFYEGMNMKVEQVPLLLVERQALNEAREGEKA 324  
 At GI-240256211.pro GRKLCLECLDSSVMDTFQCQPLYLQIQEFYEGMNMKVEQVPLLLVERQALNEAREGEKH 367  
 At GI-145360806.pro GRKLCLECLDSSVMDTFQCQPLYLQIQEFYEGMNMKVEQVPLLLVERQALNEAREGEKH 339  
 At GI-22326876.pro FRWLCRECMDSVMDTNECQPLHFEIREFFEGFLKVDKEFALLLVEKQALNKAEEEEKI 1415  
 At GI-30698242.pro FRWLCRECMDSVMDTNECQPLHFEIREFFEGFLKVDKEFALLLVEKQALNKAEEEEKI 248  
 At GI-30698240.pro GRWLCLECG-KSAMDSDECQPLHFEIREFFEGFLKVDKEFALLLVEKQALNKAEEEEKI 514  
 At GI-15240018.pro GRWLCLECMNSVMDTNECQPLHFEIREFFEGFLKVDKEFALLLVEKQALNKAEEEEKI 456  
 At GI-334188680.pro NRWLCVCKMECAVMDTYECQPLHFEIREFFEGFLKVDKEFALLLVEKQALNKAEEEEKI 371  
 \* \* \* : \* \* \* : \* \* \* : \* \* \* : \* \* \* : \* \* \*



Si GI-514815267.pro G-HHLP---ETRGLCLSEEQIVRTILRRPII-GPGNRIIDMITGPYKLVRRCEVTAILIL 373  
 Bd GI-357157184.pro G-HHLP---ETRGLCLSEEQIVRTILRRPTI-GPGNRIIDMITGPYKLVRRCEVTAILIL 355  
 Br DA1b.pro GHYHMP---ETRGLCLSEEQIVRTILRRSK-----GNWSGNMITEBQKLTTRCEVTAILIL 385  
 Br DA1a.pro GHYHMP---ETRGLCLSEEQIVSTVRKRSKH-GTGNWAGNMITEBQKLTTRCEVTAILIL 405  
 At GI-15221983.pro GHYHMP---ETRGLCLSEEQIVSTVRKRSKH-GTGNWAGN-ITEBQKLTTRCEVTAILIL 404  
 Tc GI-508722773.pro GHYHMP---ETRGLCLSEEQIVSTILRQPRF-GTGNRAMDMITEBQKLTTRCEVTAILIL 350  
 Gm GI-356564241.pro GHYHMP---ETRGLCLSEE--LSTFSRRPRL-G---TAMDMAQPYRPTTRCDVTAILVL 345  
 Gm GI-356552145.pro GHYHMP---ETRGLCLSEE--LSTFSRRPRL-G---TAMDMAQPYRPTTRCDVTAILIL 349  
 Vv GI-302142429.pro GHHHMP---ETRGLCLSEEQIVSTILRRPKI-GTGNRVNMNITEBQKLTTRCDVTAILIL 352



SI	GI-359492104.pro	GHHHMP---ETRGCLCSEEQTVSTILRRPKI-GTGNRVMMNITEPCKLTRRCVDTAVLIL	355
S1	GI-460385048.pro	GYHHMP---ETRGCLCSEEQTISTIQRRPRI-GAGNRVMDMRTEPYKLTTRRCEVTAILIL	358
Os	GI-218197709.pro	GHHHLPL---ETRGCLCSEEQTVSTILRRPRM-AGN-KVMEMITEPYRLTRRCEVTAILIL	748
Os	GI-115466772.pro	GHHHLPL---ETRGCLCSEEQTVSTILRRPRM-AGN-KVMEMITEPYRLTRRCEVTAILIL	356
Bd	GI-357160893.pro	GHHHLPL---ETRGCLCSEEQTVSTILRRPRM-TGN-KIMEMITEPYRLTRRCEVTAILIL	382
Bd	GI-357164660.pro	GHHHLPL---ETRGCLCSEEQTVSTILRRPRM-AGN-KIMEMITEPYRLTRRCEVTAILIL	364
Sb	GI-242092232.pro	GHHHLPL---ETRGCLCSEEQTVSTILRRPRM-AGN-KIMGMITTEPYRLTRRCEVTAILIL	356
Zm	GI-212275448.pro	GHHHLPL---ETRGCLCSEEQTVSTILRRPRM-AGN-KIMGMITTEPYRLTRRCEVTAILIL	378
At	GI-240256211.pro	GHHHLPL---ETRGCLCSEEQTVTTVLRRPRI-GAGYKLIDMITEPCRLIRRCCEVTAILIL	423
At	GI-145360806.pro	GYHHMP---ETRGCLCSEEQTVTTSVLRPRPRL-G-AHRLVGMRTPQQRILTRKCEVTAILVL	394
At	GI-22326876.pro	DKQGDCQLMVVRGICLSEEQIVTSVSQGVRR-MLNKQILDVTESQVRVKCEVTAILIL	1474
At	GI-30698242.pro	DYHR---AAVTRGLCMSEEQIVPSIIKGPRMGPDNLITDIVTESQVRV-GFEVTGILII	304
At	GI-30698240.pro	DNHY---EVLIRAYCMSEQIKMTYVSEEPRT-GQNKQLIDMDTEPQGVVHECKVTAILIL	570
At	GI-15240018.pro	DYQY---EVVTRGICLSEEQIVDSVSQRPVR-GPNKNLVGMATESQKVTRRECEVTAILIL	512
At	GI-334188680.pro	DNQH---GVVTRGICLSEEQIVNSVFKKPTM-GPNELVSLGTPEQKVGGCEVTAILIL	427
		. * . : * : * : . . . :	
Si	GI-514815267.pro	YGLPRLTLGSILAHEMMHAYLRLK-----GYRTLSPVEP	406
Bd	GI-357157184.pro	YGLPRLQTGSILAHEMMHAYLRLK-----GYRSLSPQV	388
Br	DA1b.pro	FGLPRLTLGSILAHEMMHAWMLRK-----GFRPLSQDV	418
Br	DA1a.pro	FGLPRLTLGSILAHEMMHAWMLRK-----GFRTLSDQV	438
At	GI-15221983.pro	FGLPRLTLGSILAHEMMHAWMLRK-----GFRTLSDQV	437
Tc	GI-508722773.pro	YGLPRLTLGSILAHEMMHAWMLRLQ-----GFRTLSDQV	383
Gm	GI-356564241.pro	YGLPRLTLGSILAHEMMHAWMLRLK-----GYRTLSDQV	378
Gm	GI-356552145.pro	YGLPRLTLGSILAHEMMHAWMLRLK-----GYRTLSDQV	382
Vv	GI-302142429.pro	YGLPRLTLGSILAHEMMHAWMLRLN-----GYRTLAQDV	385
Vv	GI-359492104.pro	YGLPRLTLGSILAHEMMHAWMLRLN-----GYRTLAQDV	388
S1	GI-460385048.pro	YGLPRLTLGSILAHEMMHAWMLRLR-----GYRTLSDQV	391
Os	GI-218197709.pro	YGLPRLTLGSILAHEMMHAWMLRLK-----GYRTLSPDV	781
Os	GI-115466772.pro	YGLPRLTLGSILAHEMMHAWMLRLK-----GYRTLSPDV	389
Bd	GI-357160893.pro	YGLPRLTLGSILAHEMMHAWMLRLK-----GYRTLSPDI	415
Bd	GI-357164660.pro	YGLPRLTLGSILAHEMMHAWMLRLK-----GYRTLSPDI	397
Sb	GI-242092232.pro	YGLPRLTLGSILAHEMMHAWMLRLK-----GYRTLSPDV	389
Zm	GI-212275448.pro	YGLPRLTLGSILAHEMMHAWMLRLK-----GYRTLSPDV	411
At	GI-240256211.pro	YGLPRLTLGSILAHEMMHAWMLRLN-----GYPNLRPEV	456
At	GI-145360806.pro	YGLPRLTLGA1LAHELMHGWLRLN-----GFRNLNPEV	427
At	GI-22326876.pro	YGLPRLTLGYILAHEMMHAYLRLN-----GYRNLMVL	1507
At	GI-30698242.pro	YGLPRLTLGYILAHEMMHAWMLRLN-----GYKNLNKLE	337
At	GI-30698240.pro	YGLPRLTLGYILAHEMMHAWMLRLN-----GHMNLNIL	603
At	GI-15240018.pro	YGLPRLTLGYILAHEMMHAYLRLN-----GHRNLNNIL	545
At	GI-334188680.pro	YGLPRLTLGYILAHEMMHAWMLRLNGTTSTQFVFANQYGESSQLKVLFLGITGYRNLLLE	487
		:**** * * *****:***:***:	
Si	GI-514815267.pro	EEGICQVLAHMWLESEITSGSGSMATSSAASSS-----SSTS-----SSSKKA-KTEFEKRL	458
Bd	GI-357157184.pro	EEGICQVLSHMWLESEIIAGASGMTATSVSPSS-----SSAP-----TSSKKA-KTEFEKRL	440
Br	DA1b.pro	EEGICQVMAHKWLEAEALAGSRNSNAASSSSSSS-----Y-----GGVKKGP-RSQYERKL	467
Br	DA1a.pro	EEGICQVMAHKWLEAEALAGSRNSNVASSSSS-----RGVKKGP-RSQYERKL	485
At	GI-15221983.pro	EEGICQVMAHKWLDAAELAGSTNSNAASSSSSSS-----OGLKKGP-RSQYERKL	485
Tc	GI-508722773.pro	EEGICQVLAHMWLLTQLEYAS-SSNVASASSSA-----S-----SRLQKGP-RPOFEKRL	431
Gm	GI-356564241.pro	EEGICQVLAHMWLESELSSASGSNFVSASSSSA-----S-----HTSRKGP-RPOFEKRL	427
Gm	GI-356552145.pro	EEGICQVLSHMWLESELSSASGSNFVSASSSSA-----S-----HTSRKGP-RPOFEKRL	431
Vv	GI-302142429.pro	EEGICQVLAYMWLDAELTSGSGR-----SQCERKL	415
Vv	GI-359492104.pro	EEGICQVLAYMWLDAELTSGSGSNV-PSTSSAS-----TSSKKA-GSCERKL	435
S1	GI-460385048.pro	EEGICQVLAHMWLETQIASISSSNGASTSSGM-----SSSKQGI-RSPFERKL	439
Os	GI-218197709.pro	EEGICQVLAHMWIESEIIAGSGSNGASTSSSSS-----AS-----TSSKGG-RSQFERKL	831
Os	GI-115466772.pro	EEGICQVLAHMWIESEIIAGSGSNGASTSSSSS-----AS-----TSSKGG-RSQFERKL	439
Bd	GI-357160893.pro	EEGICQVLAHMWIESEIMAGSSSNAASTSSSSS-----SS-----ISSKGG-RSQFERKL	465
Bd	GI-357164660.pro	EEGICQVLAHMWIESEITAGSGSNAASTSSSST-----S-----SKKGG-RSQFERKL	444
Sb	GI-242092232.pro	EEGICQVLAHMWIESEIMAGSGSNAASSSSSGSS-----SS-----MSSKAG-RSQFEHL	439
Zm	GI-212275448.pro	EEGICQVLAHMWIESEIMAGSGSNAASSSSSGSS-----SS-----TSSKGG-RSQFEHL	461
At	GI-240256211.pro	EEGICQVLAHMWLESETYAGSTLVDIASSSSSA-----VVS-----ASSKGE-RSDFEKRL	507
At	GI-145360806.pro	EEGICQVLSYMWLESEVLSDPSTRNLPSTSSVA-----TSSSSFSNKKGG-KSNVEKRL	481
At	GI-22326876.pro	EGLCQVLGYMWLECOQTYFVD-----TATIASSS-----SSRTPPLSTTTSSKVD-PDFEKRL	1560
At	GI-30698242.pro	EGLCQVALGRWLESQTFASTDAAAAAASSSSSFSTAPPAAITSKKSDDWSIFEKRL	397
At	GI-30698240.pro	EEGICQVLGHLWLESQTYATADTTADAASASSS-----SSRTPPAASASKKE-WSDFDKRL	659
At			

Sl GI-460385048.pro	GDFFKHQIESDTSPIYGNNGFRAGNQAVLQYG--LERTLDHIRMTGTFFPY----	486
Os GI-218197709.pro	GDFFKHQIESDTS MAYGDGFRAGNRAVLQYG--LKRTLEHIRLTGTFFPF----	878
Os GI-115466772.pro	GDFFKHQIESDTS MAYGDGFRAGNRAVLQYG--LKRTLEHIRLTGTFFPF----	486
Bd GI-357160893.pro	GDFFKHQIESDTSVAYGNNGFRSGNQAVLQYG--LKRTLEHIWLTGTWPF----	512
Bd GI-357164660.pro	GDFFKHQIESDTSVAYGDGFRAGNQAVLQYG--LKRTLEHIRLTGTLPF----	491
Sb GI-242092232.pro	GDFFKHQIETDTS MAYGEGFRAGNRAVLQYG--LKRTLEHIRLTGTFFPF----	486
Zm GI-212275448.pro	GDFFKHQIETDTS MAYGDGFRAGNRAVLHYG--LKRTLEHIRLTGTFFPF----	508
At GI-240256211.pro	GEFFKHQIESDSSSAYGDGFRQGNQAVLKHG--LRRTLDHIRLTGTFFP-----	553
At GI-145360806.pro	GEFFKHQIAHDASPAYGGGFRAANAAACKYG--LRRTLDHIRLTGTFFPL----	528
At GI-22326876.pro	VNFCKHQIETDESPFFGDGFRKVNKMMASNNHSLKDTLKEIISISKTPQYSKL	1613
At GI-30698242.pro	VEFCMNQIKEDDSPVYGLGFKQVYEMMVSNYNIKDTLKDIVSASNATPDSTV	450
At GI-30698240.pro	VEFCKNQIETDESPVYGLGFRTVNEMVTNS--SLQETLKEILRRR-----	702
At GI-15240018.pro	VEFCKNQIETDDSPVYGLGFRTVNEMVTNS--SLQETLKEILRQR-----	644
At GI-334188680.pro	VEFCKDQIETDDSPVYGVGFRKVNQMVSDS--SLHKILKSIQHWTKPDSNL--	587
	* .** * * :* **; : * . :	



Таблиця 4

Вирівнювання білків EOD1 (послідовності SEQ ID NO: 74-90)

Zm_GI-223973923.pro	-----MNSS--RQELHYINTGFPYTITESFMDFFEGLTYAHA	36
Sb_GI-242042045.pro	-----MNSS--RQELHYINTGFPYTITESFMDFFEGLTYAHA	36
Zm_GI-226496789.pro	-----MTSS--RQELHYINTGFPYTITESFMDFFEGLTYAHA	36
Os_GI-222624282.pro	MTESHERDTEVTRWQVHDPEGMNGS--RQELHYINTGFPYTITESFMDFFEGLTYAHA	58
Os_GI-115451045.pro	-----MNGS--RQELHYINTGFPYTITESFMDFFEGLTYAHA	36
Bd_GI-357113826.pro	-----MNGS--RQELHYINTGFPYTITESFMDFFEGLTYAHA	36
Sl_GI-460410949.pro	-----MNWN--QQTETIYYTNGAMPYNSIGSFMDFFGGVTYDHFV	36
Rc_GI-255582236.pro	-----MEVHYINTGFPYTVTESFLDFFEGLSHVFPV	30
Pt_GI-224059640.pro	-----MEVHYMNTDFPYTTTESFMDFFEGLTHAPV	30
Gm_GI-356548935.pro	-----MNDG--RQMGVHYVDAGFPYAVNDFVDFQGFTHVPV	36
Gm_GI-356544176.pro	-----MNDG--RQMGVNYVDAGFPYAVNDFVDFQGFTHVPV	36
Vv_GI-359487286.pro	-----MNGN--RQMEVHYINTGFPYTITESFMDFFEGLGHVFPV	36
Tc_GI-508704801.pro	-----MNGN--RQMEVHYIDTGFPYTATESFMDFFEGLTHVFPV	36
Pp_GI-462414664.pro	-----MNGN--GQMDVHYIDTFPYTPTESFMDFFGGVTHVPM	36
Cr_GI-482561003.pro	-----MNGD--RPVEDAHYTEAEFPYAASGSYIDFYGGAPQGPL	37
At_GI-22331928.pro	-----MNGDNRPVEDAHYTETGFPYAATGSYIDFYGGAQGPL	38
Sl_GI-460370551.pro	-----MSGD--QHMEAMHYMNMGFYPYVNPESFPFGFLDVSQLAPI	37
	* : : ** : . * *	
Zm_GI-223973923.pro	DFALTDGFQDQ--GNPYWAMMHTNSYKYGYSGPG--NYYSYAHVYDIDDMRRADGGRRRI	92
Sb_GI-242042045.pro	DFALMDGFQDQ--GNPYWAMMHTNSYKYGYSGPG--NYTYAHVYDIDDMHRADGGRRV	92
Zm_GI-226496789.pro	DFALMDGFQDQ--GNPYWTMMHTNSYKYGYSGSG--NYYSYAHAYDIDDMHRTDGGRRRT	92
Os_GI-222624282.pro	DFAIADAFHDQ--ANPYWAMMHTNSYKYGYSGAG--NYYSYGHVYDMNDYMHADGGRRRI	114
Os_GI-115451045.pro	DFAIADAFHDQ--ANPYWAMMHTNSYKYGYSGAG--NYYSYGHVYDMNDYMHADGGRRRI	92
Bd_GI-357113826.pro	DFALADAFQDQ--ANPYWTMMQTNNSYKYGYSGAS--NYYSYGHVYDMNDYMHADGGRRRI	92
Sl_GI-460410949.pro	NYIFADPPYQAQ--ES-LYPSISTNPYKFGYSEAGSFSSYYDYDREYVVDHVSIGIEEHRH	93
Rc_GI-255582236.pro	HYAHTGQVLDQ--VQENAYWSMNMNAYKFGFSGPGST--YYDP---YEVNDNLPRMDVSRST	85
Pt_GI-224059640.pro	NYAHNGPMHD---QDNAYWSMNMNAYKFGFSGPGSTSYSP---YEVNDNLPRMDVSRMA	84
Gm_GI-356548935.pro	NYAFAGSIPDQ---ESVYWSMNMNYPKFGLSGPGSTSYSS---YEVNGHLPRMEIDRAE	90
Gm_GI-356544176.pro	NYAFAGSIPDQ---ESVYWSMNMNYPKFGLSGPGSTSYSS---YEVNGHLPRMEIDRAE	90
Vv_GI-359487286.pro	NYAQAEAMHNQSIQENFYWTMMNNSYKFGFSGPGST--YYGP---YDVNEHVPFGIEVSRRP	92
Tc_GI-508704801.pro	NYTHTVPMQDQ---ENIYWSMNMNAYKFGFSGPEST--FYSP---YEVSDHLPRMDVSRRT	89
Pp_GI-462414664.pro	NYGHAMPMDQ---ETAYWSMNMHSYKFGFSGPGSNSYGYNY---YEVNDHLPRMDVSRRT	91
Cr_GI-482561003.pro	NYAHAGTM-----DNLYWTMNTNAYKFGFSGSDNPSFYNS---YDMTDHLSRMSIGRTN	88
At_GI-22331928.pro	NYDHAATMHPQ---DNLYWTMNTNAYKFGFSGSDNASFYGS---YDMNDHLSRMSIGRTN	92
Sl_GI-460370551.pro	IQYHNNPVQIQ--DQENAYWSMNMMSYKYEHNSLESTSYHSY---ETGNNHVSRRPDFSERP	93
	. : : ** : * : :	
Zm_GI-223973923.pro	WDNTTPVNNVD SANVVLQGG-EAPHTTTNTINKECIQQ-VHQSPGSPQVWQDNIDPDNM	150
Sb_GI-242042045.pro	WDNTTPANNVD SANVVLQGS-EAPRTTANTTTEECIQQ-VHQSPGSPHVWQDNIDPDNM	150
Zm_GI-226496789.pro	WDNTTPVNNVD SANVVLQGG-EAPRTTANTTSED CIQQ-VHQSPGSPQVWQDNIDPDNM	150
Os_GI-222624282.pro	WDNATPVNNTESPNVVLQGG-ETPHANTSSTTEECIQQVHQNSSSPQVIWQDNIDPDNM	173
Os_GI-115451045.pro	WDNATPVNNTESPNVVLQGG-ETPHANTSSTTEECIQQVHQNSSSPQVIWQDNIDPDNM	151
Bd_GI-357113826.pro	WDNPTPASNTDSPNVVLQGAAPHPRASSTTEECIQQPVHQNSSSPQVWQDNVDPDNM	152
Sl_GI-460410949.pro	LENPSTTTVNVAANVHRE---EISGSNSLTNSVECPRG--QINTRDSEVVWQDNIDPDNM	148
Rc_GI-255582236.pro	WEYPSVVMEEA-TTDTQSEGDAVVGVHASPEECIPN-HT-SGDSPOQVWQDDVDPDNM	142
Pt_GI-224059640.pro	WEYPSVV-----IKALWQDDVDPD TM	105
Gm_GI-356548935.pro	WEYPTITTVEEPATDTPPRRDGVTSMQTIPEECSPN-HHESNSSSQVIWQDNIDPDNM	149
Gm_GI-356544176.pro	WEYPTITTVEEPATDTPPRRDGVTNMQTIPEECSPN-HHESNSSSQVIWQDNIDPDNM	149
Vv_GI-359487286.pro	WEYPSM-IVEEPTTIETQPTGNEVMNVHAIPEECSPN-HY-SATSSQAIWQDNVDPDNM	149
Tc_GI-508704801.pro	WDYPSTL-NSEEPATIDMQPGGEAVVGIIHAIPEECITN-HQ-SNSNSQVWQDNIDPDNM	146
Pp_GI-462414664.pro	WEHPSVM-NSEEPANIDSHPEEEDAVA-EAAPEECIQN-QQ-NTNTSQVWQEDIDPDNM	147
Cr_GI-482561003.pro	WEYHPMVNVDD-PDITLARSVQIGDSDEHSEAEDCIAN--EHDPSPOQVSWQDDIDPD TM	145
At_GI-22331928.pro	WDYHPMVNVADDPENTVARSVQIGDTEHSEAEECIAN--EHDPSPOQVSWQDDIDPD TM	150
Sl_GI-460370551.pro	WEYAVPMNVHEG-VSTDVIYEENTVPVEDVGTEECVLS--NQDDSNHQDILEDEIDLDM	150
	: . : : : * *	
Zm_GI-223973923.pro	TYEELLDLGEAVGTQSRGLSQRERISLPVTKYKCG-FFSRKKTTRRERCVICQMEYRRGNL	209
Sb_GI-242042045.pro	TYEELLDLGEVVGVTQSRGLSQRERISLPVTKYKCG-FFSRKKTTRRERCVICQMEYRRGNL	209
Zm_GI-226496789.pro	TYEELLDLGEAVGTQSRGLSQECISLLPITKYKCG-FFSRKKTTRRERCVICQMEYRRGNL	209

Zm_GI-223973923.pro	QMTLPCKHVYHASCVTRWLGINVKVPCVCAEVPGEDPEAMSQQL	253
Sb_GI-242042045.pro	QMTLPCKHVYHASCVTRWLSINKVCPVCAEVPGEDPEKRQ----	249
Zm_GI-226496789.pro	QITLPCKHVYHASCVTRWLSINKVCPVCAEVPGEDSLRQ----	249
Os_GI-222624282.pro	QMTLPCKHVYHASCVTRWLSINKVCPVCAEVPGEDPEKRQ----	272
Os_GI-115451045.pro	QMTLPCKHVYHASCVTRWLSINKVCPVCAEVPGEDPEKRQ----	250
Bd_GI-357113826.pro	QMALPCKHVYHASCVTRWLSINKVCPVCAEVPSEEPSRQ----	251
Sl_GI-460410949.pro	QVTLPCCKHVYHAGCGSRWLSINKACPICTEVVINTSKR-----	246
Rc_GI-255582236.pro	QMKLPCKHVYHSECISKWLGINVKVPCVNNEVFGEDSRH----	240
Pt_GI-224059640.pro	QIKLLCKHAYHSECITKWLGINVKVPCVNDEVFGEESRN-----	203
Gm_GI-356548935.pro	QMKLPCHSVYHGECITKWLSSINKKCPVCNTEVFGEESTH-----	247
Gm_GI-356544176.pro	QMKLPCHSVYHGECITKWLSSINKKCPVCNTEVFGEESTH-----	247
Vv_GI-359487286.pro	QIKLPCKHVYHTDCGTKWLTINKVCPVCNIEVFGEESRH-----	247
Tc_GI-508704801.pro	QMKLPCKHVYHSQCITKWLSSINKICPVCNNEVFGEESRH-----	242
Pp_GI-462414664.pro	QINLPCKHVYHSECISKWLGINVKVPCVNLEVSGEESRH-----	245
Cr_GI-482561003.pro	QMNLPCKHVYHSECISKWLSSINKVCPVCNTEVFGDPSIH-----	243
At_GI-22331928.pro	QMNLPCKHVYHSECISKWLSSINKVCPVCNTEVFGDPSIH-----	248
Sl_GI-460370551.pro	QINFPCCKHIYHTECGSKWLSINKRCSLMNEVVQW-----	243

ПЕРЕЛІК ПОСЛІДОВНОСТЕЙ

- <110> Інститут генетики та біології розвитку  
Plant Bioscience Limited
- <120> Способи модулювання розміру насіння й органів у рослин
- <130> NRS/LP6997530
- <140> PCT/EP2014/066427
- <141> 2014-07-30
- <150> PCT/CN2013/081457
- <151> 2013-08-14
- <160> 91
- <170> PatentIn версія 3.3
- <210> 1
- <211> 43
- <212> PRT
- <213> Штучна послідовність
- <220>
- <223> Синтетична послідовність: RING-домен
- <220>
- <221> ВАРІАНТ
- <222> (2)..(3)
- <223> Хаа - це будь-яка амінокислота
- <220>
- <221> ВАРІАНТ
- <222> (5)..(15)
- <223> Хаа - це будь-яка амінокислота
- <220>
- <221> ВАРІАНТ
- <222> (18)..(21)
- <223> Хаа - це будь-яка амінокислота
- <220>
- <221> ВАРІАНТ
- <222> (23)..(24)
- <223> Хаа - це будь-яка амінокислота
- <220>
- <221> ВАРІАНТ
- <222> (26)..(32)
- <223> Хаа - це будь-яка амінокислота
- <220>
- <221> ВАРІАНТ
- <222> (33)..(33)

<223> Хаа - це His, Asn або Thr

<220>

<221> ВАРИАНТ

<222> (34)..(39)

<223> Хаа - це будь-яка амінокислота

<220>

<221> ВАРИАНТ

<222> (41)..(42)

<223> Хаа - це будь-яка амінокислота

<400> 1

Cys	Хаа	Хаа	Cys	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Cys
1			5					10							15

Cys	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Cys	Хаа	Хаа	Cys	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа
			20					25					30		

Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Cys	Хаа	Хаа	Cys
			35				40			

<210> 2

<211> 43

<212> PRT

<213> Штучна послідовність

<220>

<223> Синтетична послідовність RING-домен

<220>

<221> ВАРИАНТ

<222> (7)..(7)

<223> Хаа - це Tyr або Phe

<220>

<221> ВАРИАНТ

<222> (15)..(15)

<223> Хаа це Lys або Arg

<220>

<221> ВАРИАНТ

<222> (18)..(18)

<223> Хаа - це Ser, Met, Thr або Ala

<220>

<221> ВАРИАНТ

<222> (20)..(20)

<223> Хаа - це Gly або Ser

```

<220>
<221> BAPIAHT
<222> (28)..(28)
<223> Xaa - це Gln a6o Arg

<220>
<221> BAPIAHT
<222> (31)..(31)
<223> Xaa - це Pro, Asn, Ser, Val, Thr a6o Asn

<220>
<221> BAPIAHT
<222> (32)..(32)
<223> Xaa - це Thr a6o Pro

<220>
<221> BAPIAHT
<222> (33)..(33)
<223> Xaa - це His, Asn a6o Thr

<220>
<221> BAPIAHT
<222> (34)..(34)
<223> Xaa - це Thr a6o Ser

<220>
<221> BAPIAHT
<222> (35)..(35)
<223> Xaa - це Ala, Thr a6o Cys

<220>
<221> BAPIAHT
<222> (36)..(36)
<223> Xaa - це Arg, Gln a6o Lys

<220>
<221> BAPIAHT
<222> (42)..(42)
<223> Xaa - це Phe a6o Tyr

```

<400> 2

Cys	Pro	Ile	Cys	Phe	Leu	Xaa	Tyr	Pro	Ser	Leu	Asn	Arg	Ser	Xaa	Cys
1				5					10					15	

Cys	Xaa	Lys	Xaa	Ile	Cys	Thr	Glu	Cys	Phe	Leu	Xaa	Met	Lys	Xaa	Xaa
			20					25					30		

Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Pro	Thr	Gln	Cys	Pro	Xaa	Cys
			35				40			



<210> 3  
 <211> 43  
 <212> PRT  
 <213> Brachypodium distachyon

<400> 3

Cys Pro Ile Cys Phe Leu Tyr Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Lys Cys  
 1 5 10 15

Cys Ser Lys Gly Ile Cys Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Lys Pro Thr  
 20 25 30

His Thr Ala Arg Pro Thr Gln Cys Pro Phe Cys  
 35 40

<210> 4  
 <211> 43  
 <212> PRT  
 <213> Hordeum vulgare

<400> 4

Cys Pro Ile Cys Phe Leu Tyr Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Lys Cys  
 1 5 10 15

Cys Ser Lys Gly Ile Cys Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Lys Pro Thr  
 20 25 30

His Thr Ala Arg Pro Thr Gln Cys Pro Phe Cys  
 35 40

<210> 5  
 <211> 43  
 <212> PRT  
 <213> Zea mays

<400> 5

Cys Pro Ile Cys Phe Leu Tyr Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Lys Cys  
 1 5 10 15

Cys Ser Lys Gly Ile Cys Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Lys Pro Thr  
 20 25 30

His Thr Ala Arg Pro Thr Gln Cys Pro Phe Cys  
35 40

<210> 6  
<211> 43  
<212> PRT  
<213> Sorghum bicolor

<400> 6

Cys Pro Ile Cys Phe Leu Tyr Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Lys Cys  
1 5 10 15

Cys Ser Lys Gly Ile Cys Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Lys Pro Thr  
20 25 30

His Thr Ala Arg Pro Thr Gln Cys Pro Phe Cys  
35 40

<210> 7  
<211> 43  
<212> PRT  
<213> Oryza sativa

<400> 7

Cys Pro Ile Cys Phe Leu Tyr Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Lys Cys  
1 5 10 15

Cys Ser Lys Gly Ile Cys Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Lys Pro Thr  
20 25 30

His Thr Ala Gln Pro Thr Gln Cys Pro Phe Cys  
35 40

<210> 8  
<211> 43  
<212> PRT  
<213> Populus trichocarpa

<400> 8

Cys Pro Ile Cys Phe Leu Tyr Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Arg Cys  
1 5 10 15

Cys Met Lys Gly Ile Cys Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Lys Asn Pro  
 20 25 30

Asn Ser Thr Arg Pro Thr Gln Cys Pro Phe Cys  
 35 40

<210> 9  
 <211> 43  
 <212> PRT  
 <213> Carica papaya

<400> 9

Cys Pro Ile Cys Phe Leu Tyr Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Arg Cys  
 1 5 10 15

Cys Met Lys Gly Ile Cys Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Lys Asn Pro  
 20 25 30

Asn Ser Thr Arg Pro Thr Gln Cys Pro Phe Cys  
 35 40

<210> 10  
 <211> 43  
 <212> PRT  
 <213> Ricinus communis

<400> 10

Cys Pro Ile Cys Phe Leu Tyr Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Arg Cys  
 1 5 10 15

Cys Met Lys Gly Ile Cys Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Lys Asn Pro  
 20 25 30

Asn Ser Thr Arg Pro Thr Gln Cys Pro Phe Cys  
 35 40

<210> 11  
 <211> 43  
 <212> PRT  
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 11

Cys Pro Ile Cys Phe Leu Tyr Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Arg Cys  
1 5 10 15

Cys Met Lys Ser Ile Cys Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Lys Asn Pro  
20 25 30

Asn Ser Ala Arg Pro Thr Gln Cys Pro Phe Cys  
35 40

<210> 12

<211> 43

<212> PRT

<213> Brassica napus

<400> 12

Cys Pro Ile Cys Phe Leu Tyr Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Arg Cys  
1 5 10 15

Cys Met Lys Ser Ile Cys Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Lys Asn Pro  
20 25 30

Asn Ser Ala Arg Pro Thr Gln Cys Pro Phe Cys  
35 40

<210> 13

<211> 43

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 13

Cys Pro Ile Cys Phe Leu Tyr Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Arg Cys  
1 5 10 15

Cys Met Lys Ser Ile Cys Thr Glu Cys Phe Leu Arg Met Lys Ser Pro  
20 25 30

Asn Ser Ala Gln Pro Thr Gln Cys Pro Phe Cys  
35 40

<210> 14

<211> 43  
 <212> PRT  
 <213> Glycine max

<400> 14

Cys Pro Ile Cys Phe Leu Tyr Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Arg Cys  
 1 5 10 15

Cys Thr Lys Ser Ile Cys Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Lys Val Pro  
 20 25 30

Asn Ser Thr Arg Pro Thr Gln Cys Pro Phe Cys  
 35 40

<210> 15  
 <211> 43  
 <212> PRT  
 <213> Sorghum bicolor

<400> 15

Cys Pro Ile Cys Phe Leu Phe Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Lys Cys  
 1 5 10 15

Cys Ala Lys Gly Ile Cys Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Lys Ser Pro  
 20 25 30

Thr Ser Cys Arg Pro Thr Gln Cys Pro Tyr Cys  
 35 40

<210> 16  
 <211> 43  
 <212> PRT  
 <213> Brachypodium distachyon

<400> 16

Cys Pro Ile Cys Phe Leu Phe Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Lys Cys  
 1 5 10 15

Cys Ala Lys Gly Ile Cys Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Lys Ser Pro  
 20 25 30

Thr Ser Cys Arg Pro Thr Gln Cys Pro Tyr Cys

35

40

<210> 17  
 <211> 43  
 <212> PRT  
 <213> Zea mays

<400> 17

Cys Pro Ile Cys Phe Leu Phe Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Lys Cys  
 1 5 10 15

Cys Ala Lys Gly Ile Cys Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Lys Ser Pro  
 20 25 30

Thr Ser Cys Lys Pro Thr Gln Cys Pro Tyr Cys  
 35 40

<210> 18  
 <211> 43  
 <212> PRT  
 <213> Oryza sativa

<400> 18

Cys Pro Ile Cys Phe Leu Phe Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Lys Cys  
 1 5 10 15

Cys Ala Lys Gly Ile Cys Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Arg Thr Pro  
 20 25 30

Thr Ser Cys Arg Pro Thr Gln Cys Pro Tyr Cys  
 35 40

<210> 19  
 <211> 43  
 <212> PRT  
 <213> Vitis vinifera

<400> 19

Cys Pro Ile Cys Phe Leu Phe Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Arg Cys  
 1 5 10 15

Cys Thr Lys Gly Ile Cys Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Lys Asn Pro

	20		25		30	
Asn Ser Thr Arg Pro Thr Gln Cys Pro Tyr Cys						
	35		40			
<210> 20						
<211> 423						
<212> PRT						
<213> Populus trichocarpa						
<400> 20						
Met Gly Asn Lys Leu Gly Arg Arg Arg Gln Val Val Asp Glu Arg Tyr						
1		5		10		15
Thr Arg Pro Gln Gly Leu Tyr Val His Lys Asp Val Asp His Lys Lys						
	20		25		30	
Leu Arg Lys Leu Ile Leu Glu Ser Lys Leu Ala Pro Cys Phe Pro Gly						
	35		40		45	
Asp Glu Asp Ser Cys Asn Asp His Glu Glu Cys Pro Ile Cys Phe Leu						
	50		55		60	
Tyr Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Arg Cys Cys Met Lys Gly Ile Cys						
65		70		75		80
Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Lys Asn Pro Asn Ser Thr Arg Pro Thr						
	85		90		95	
Gln Cys Pro Phe Cys Lys Thr Ser Asn Tyr Ala Val Glu Tyr Arg Gly						
	100		105		110	
Val Lys Thr Lys Glu Glu Lys Gly Leu Glu Gln Ile Glu Glu Gln Arg						
	115		120		125	
Val Ile Glu Ala Lys Ile Arg Met Arg Gln Gln Glu Leu Gln Asp Glu						
	130		135		140	
Glu Glu Arg Met Gln Lys Arg Leu Asp Val Ser Ser Ser Ser Ala Asn						
145		150		155		160

Ile Glu Pro Gly Glu Leu Glu Cys Gly Pro Thr Thr Val Pro Ser Asp  
165 170 175

Thr Thr Pro Val Glu Ser Gly Glu Ile Val Ser Ser Gln Tyr Ser Ser  
180 185 190

Arg Arg Pro Pro His Ala Gly Ala Asn Arg Asp Asp Glu Phe Asp Leu  
195 200 205

Asp Leu Glu Asp Ile Met Val Met Glu Ala Ile Trp Leu Ser Ile Gln  
210 215 220

Glu Asn Gly Arg Gln Lys Asn Pro Leu Cys Gly Asp Ala Ala Pro Pro  
225 230 235 240

Ala Gln Tyr Thr Met Glu Ala Arg Tyr Val Thr Pro Ala Met Ala Pro  
245 250 255

Pro Leu Ala Gly Ser Ser Ser Ser Pro Ser Gly Gly Leu Ala Cys Ala  
260 265 270

Ile Ala Ala Leu Ala Glu Arg Gln Gln Thr Gly Gly Glu Ser Ile Val  
275 280 285

His Asn Ser Gly Asn Met Pro Ser Phe Asn Met Leu Pro Ser Thr Ser  
290 295 300

Ser Phe Tyr Asn Arg Leu Glu Gln Asp Ala Asp Asn Tyr Ser Pro Ala  
305 310 315 320

Gln Ser Ser Ser Asn Val Leu Pro Asp Cys Arg Met Ile Val Thr Arg  
325 330 335

Asp Asp Gly Glu Trp Gly Ala Asp Arg Gly Ser Asp Ala Ala Glu Ala  
340 345 350

Gly Thr Ser Tyr Ala Ser Ser Glu Thr Ala Glu Asp Ala Gly Gly Ile  
355 360 365



Ser Ser Leu Leu Pro Pro Pro Pro Pro Thr Asp Glu Ile Gly Gly Ser  
370 375 380

Phe Gln Asn Val Ser Gly Pro Ile Pro Glu Ser Phe Glu Glu Gln Met  
385 390 395 400

Met Leu Ala Met Ala Val Ser Leu Ala Glu Ala Arg Ala Met Thr Ser  
405 410 415

Gly Pro Gln Ser Ala Trp Gln  
420

<210> 21

<211> 420

<212> PRT

<213> Ricinus communis

<400> 21

Met Gly Asn Lys Leu Gly Arg Arg Arg Gln Val Val Asp Glu Arg Tyr  
1 5 10 15

Thr Arg Pro Gln Gly Leu Tyr Val His Lys Asp Val Asp His Lys Lys  
20 25 30

Leu Arg Lys Leu Ile Leu Glu Ser Lys Leu Ala Pro Cys Tyr Pro Gly  
35 40 45

Asp Asp Glu Phe Gly Asn Asp His Glu Glu Cys Pro Ile Cys Phe Leu  
50 55 60

Tyr Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Arg Cys Cys Met Lys Gly Ile Cys  
65 70 75 80

Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Lys Asn Pro Asn Ser Thr Arg Pro Thr  
85 90 95

Gln Cys Pro Phe Cys Lys Thr Thr Asn Tyr Ala Val Glu Tyr Arg Gly  
100 105 110

Val Lys Thr Lys Glu Glu Lys Gly Met Glu Gln Ile Glu Glu Gln Arg  
115 120 125

Val Ile Glu Ala Lys Ile Arg Met Arg Gln Gln Glu Leu Gln Asp Glu  
130 135 140

Glu Glu Arg Met Gln Lys Arg Leu Glu Leu Ser Ser Ser Ser Ser Ser  
145 150 155 160

Ile Ala Pro Gly Glu Val Glu Cys Gly Ser Ala Ala Val Gln Ser Phe  
165 170 175

Arg Ser Pro Leu Glu Ala Glu Gly Ser Ile Pro Ser Gln Phe Ser Ile  
180 185 190

Arg His Pro Pro His Tyr Arg Ala Asn Arg Asp Asp Glu Phe Asp Leu  
195 200 205

Asp Leu Glu Asp Ile Met Val Met Glu Ala Ile Trp Leu Ser Ile Gln  
210 215 220

Glu Asn Gly Arg Gln Lys Asn Pro Ile Tyr Thr Asp Ala Ala Ser Ser  
225 230 235 240

Glu Asn Tyr Ala Val Gln Gly His Tyr Ala Leu Gln Ala Met Pro Pro  
245 250 255

Val Thr Glu Ser Ser Ser Ser Pro Ser Gly Gly Leu Ala Cys Ala Ile  
260 265 270

Ala Ala Leu Ala Glu Arg Gln Gln Thr Gly Gly Glu Ser Phe Ala His  
275 280 285

Asn Asn Glu Asn Val Ala Ala Cys Asn Met Leu Pro Gly Gly Ser Ser  
290 295 300

Phe Tyr Asn Arg Met Asp Gln Asp Ala Glu Asn Tyr Ser Pro Ala Gln  
305 310 315 320

Gly Ser Asn Asn Met Leu Ser Asp Cys Arg Met Ala Arg Asp Asp Val  
325 330 335

Gln Trp Val Ala Asp Arg Gly Ser Asp Ala Ala Glu Ala Gly Thr Ser  
340 345 350

Tyr Ala Ser Ser Glu Thr Thr Glu Asp Ser Asp Gly Ile Ser Val Val  
355 360 365

Leu Pro Pro Pro Pro Leu Pro Pro Pro Asp Glu Ile Val Gly Ser Asp  
370 375 380

Ser Gly Met Ile Val Pro Glu Ser Phe Glu Glu Gln Met Met Leu Ala  
385 390 395 400

Met Ala Val Ser Leu Ala Glu Ala Gln Ala Met Thr Gly Gly Ala Gly  
405 410 415

Ser Ala Trp Gln  
420

<210> 22  
<211> 423  
<212> PRT  
<213> Vitis vinifera

<400> 22

Met Gly Asn Lys Leu Gly Arg Arg Arg Gln Val Val Glu Asp Lys Tyr  
1 5 10 15

Thr Arg Pro Gln Gly Leu Tyr Gln His Lys Asp Val Asp His Lys Lys  
20 25 30

Leu Arg Lys Leu Ile Leu Asp Ser Lys Leu Ala Pro Cys Tyr Pro Gly  
35 40 45

Asp Glu Glu Ala Thr Asn Asp Phe Glu Glu Cys Pro Ile Cys Phe Leu  
50 55 60

Phe Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Arg Cys Cys Thr Lys Gly Ile Cys  
65 70 75 80

Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Lys Asn Pro Asn Ser Thr Arg Pro Thr

					85					90					95		
Gln	Cys	Pro	Tyr	Cys	Lys	Thr	Ala	Asn	Tyr	Ala	Val	Glu	Tyr	Arg	Gly		
			100					105					110				
Val	Lys	Thr	Lys	Glu	Glu	Lys	Gly	Met	Glu	Gln	Ile	Glu	Glu	Gln	Arg		
			115				120					125					
Val	Ile	Glu	Ala	Lys	Ile	Arg	Met	Arg	Gln	Lys	Glu	Ile	Gln	Asp	Glu		
	130					135					140						
Glu	Glu	Arg	Met	Gln	Lys	Arg	Gln	Glu	Ile	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Ile		
145					150					155					160		
Leu	Ala	Gln	Gly	Glu	Val	Glu	Tyr	Ser	Thr	Thr	Ala	Val	Pro	Ser	Phe		
				165					170					175			
Arg	Ser	Pro	Val	Glu	Gly	Asp	Glu	Ile	Asp	Ser	Ser	Gln	Asp	Pro	Arg		
			180					185					190				
Ala	Ala	Ser	Met	Ile	Ile	Gln	Thr	Leu	Pro	Pro	Arg	Gln	Asn	Arg	Asp		
			195				200					205					
Glu	Glu	Phe	Asp	Leu	Asp	Leu	Glu	Asp	Ile	Met	Val	Met	Glu	Ala	Ile		
	210					215					220						
Trp	Leu	Ser	Ile	Gln	Asp	Asn	Gly	Arg	His	Arg	Asn	Pro	Leu	Tyr	Gly		
225					230					235					240		
Asp	Thr	Thr	Thr	Ala	Glu	Gln	Tyr	Val	Thr	Glu	Glu	His	Tyr	Val	Leu		
				245					250					255			
Pro	Ala	Met	Ala	Pro	Gln	Val	Glu	Ser	Ser	Ser	Ser	Pro	Ser	Gly	Gly		
			260					265					270				
Leu	Ala	Cys	Ala	Ile	Ala	Ala	Leu	Ala	Glu	Arg	Gln	Gln	Met	Gly	Gly		
		275					280					285					
Glu	Ser	Ser	Thr	Asn	Tyr	Asn	Gly	Asn	Met	Pro	Ala	Phe	Asn	Met	Pro		
	290					295					300						

Pro Gly Ser Ser Arg Phe Ser Asn Arg Val Glu Gln Tyr Pro Glu Asn  
305 310 315 320

Tyr Pro Pro Ile Glu Ser Ser Met Asp Ala Leu Pro Asp Gly Gly Leu  
325 330 335

Ala Val Thr Lys Asp Asp Gly Glu Trp Gly Val Asp Arg Gly Ser Glu  
340 345 350

Val Ala Glu Ala Gly Thr Ser Tyr Ala Ser Ser Asp Ala Thr Asp Glu  
355 360 365

Ala Gly Gly Val Ala Ala Leu Pro Pro Thr Asp Glu Ala Glu Gly Ser  
370 375 380

Phe Gln Asn Val Gly Gly Pro Ile Val Pro Glu Ser Phe Glu Glu Gln  
385 390 395 400

Met Met Leu Ala Met Ala Val Ser Leu Ala Glu Ala Arg Ala Arg Thr  
405 410 415

Ser Thr Gln Gly Val Trp Gln  
420

<210> 23  
<211> 431  
<212> PRT  
<213> Glycine max

<400> 23

Met Gly Asn Lys Leu Gly Arg Arg Arg Gln Val Val Asp Glu Lys Tyr  
1 5 10 15

Thr Arg Pro Gln Gly Leu Tyr Asn His Lys Asp Val Asp His Lys Lys  
20 25 30

Leu Arg Lys Leu Ile Leu Glu Ser Lys Leu Ala Pro Cys Tyr Pro Gly  
35 40 45

Asp Glu Glu Thr Ala Tyr Asp Arg Glu Glu Cys Pro Ile Cys Phe Leu  
50 55 60

Tyr Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Arg Cys Cys Thr Lys Ser Ile Cys  
65 70 75 80

Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Lys Val Pro Asn Ser Thr Arg Pro Thr  
85 90 95

Gln Cys Pro Phe Cys Lys Thr Ala Asn Tyr Ala Val Glu Tyr Arg Gly  
100 105 110

Val Lys Ser Lys Glu Glu Lys Gly Leu Glu Gln Ile Glu Glu Gln Arg  
115 120 125

Val Ile Glu Ala Lys Ile Arg Met Arg Gln Gln Glu Leu Gln Asp Glu  
130 135 140

Glu Glu Arg Met His Lys Arg Leu Glu Met Ser Ser Ser Asn Val Asn  
145 150 155 160

Val Ala Val Ala Asp Val Glu Tyr Ser Ser Asn Ala Val Ser Ser Ser  
165 170 175

Ser Val Ser Val Val Glu Asn Asp Glu Ile Val Ser Ser Gln Asp Ser  
180 185 190

Cys Ala Thr Ser Val Val Arg Ala Asn Ala Thr Thr Arg Thr Asn Arg  
195 200 205

Asp Asp Glu Phe Asp Val Asp Leu Glu Asp Ile Met Val Met Glu Ala  
210 215 220

Ile Trp Leu Ser Ile Gln Glu Asn Gly Arg Arg Arg Asn Leu Ser Phe  
225 230 235 240

Val Asp Ala Thr Ser Gly His Tyr Val Ala Asp Gly Arg Tyr Val Ser  
245 250 255

Ser Val Ser Ser Val Ser Ser Val Met Gly Pro Pro Thr Gly Ser Ser

[illegible]

Thr	Lys	Pro	Gln	Gly	Leu	Tyr	Val	Asn	Lys	Asp	Val	Asp	Val	Lys	Lys			
			20					25					30					
Leu	Arg	Lys	Leu	Ile	Val	Glu	Ser	Lys	Leu	Ala	Pro	Cys	Tyr	Pro	Gly			
		35					40					45						
Asp	Asp	Glu	Ser	Cys	His	Asp	Leu	Glu	Glu	Cys	Pro	Ile	Cys	Phe	Leu			
	50					55					60							
Tyr	Tyr	Pro	Ser	Leu	Asn	Arg	Ser	Arg	Cys	Cys	Met	Lys	Ser	Ile	Cys			
65					70					75					80			
Thr	Glu	Cys	Phe	Leu	Gln	Met	Lys	Asn	Pro	Asn	Ser	Ala	Arg	Pro	Thr			
				85					90					95				
Gln	Cys	Pro	Phe	Cys	Lys	Thr	Pro	Asn	Tyr	Ala	Val	Glu	Tyr	Arg	Gly			
			100					105					110					
Val	Lys	Ser	Lys	Glu	Glu	Lys	Gly	Ile	Glu	Gln	Val	Glu	Glu	Gln	Arg			
		115					120					125						
Val	Ile	Glu	Ala	Lys	Ile	Arg	Met	Arg	Gln	Lys	Glu	Met	Gln	Asp	Asp			
	130					135					140							
Glu	Glu	Lys	Met	Gln	Lys	Arg	Leu	Glu	Ser	Cys	Ser	Ser	Ser	Thr	Ser			
145					150					155					160			
Ala	Met	Thr	Gly	Glu	Met	Glu	Tyr	Gly	Ser	Thr	Ser	Ala	Ile	Ser	Tyr			
				165				170						175				
Asn	Ser	Leu	Met	Asp	Asp	Gly	Glu	Ile	Ala	Pro	Ser	Gln	Asn	Ala	Ser			
			180				185						190					
Val	Val	Arg	Gln	His	Ser	Arg	Pro	Arg	Gly	Asn	Arg	Glu	Asp	Glu	Val			
		195					200					205						
Asp	Val	Asp	Leu	Glu	Glu	Leu	Met	Val	Met	Glu	Ala	Ile	Trp	Leu	Ser			
	210					215					220							



Val Gln Glu Thr Gly Thr Gln Arg Asn Ser Ala Ser Gly Glu Ile Thr  
225 230 235 240

Ser Ser Arg Gln Tyr Val Thr Asp Asn His Ser Tyr Val Ser Ser Pro  
245 250 255

Pro Arg Val Thr Pro Ile Val Glu Pro Ala Thr Pro Ser Ser Ser Ser  
260 265 270

Gly Gly Leu Ser Cys Ala Ile Ser Ala Leu Ala Glu Arg Gln Met Val  
275 280 285

Gly Glu Ser Ser Ser His Asn His Asn His Asn Val Asn Val Ser Ser  
290 295 300

Tyr Ser Met Leu Pro Gly Asn Cys Asp Ser Tyr Tyr Asp Ile Glu Gln  
305 310 315 320

Glu Val Asp Gly Ile Asp Asn His His His His Arg His His Tyr Glu  
325 330 335

Met Gly Glu Thr Gly Ser Ser Asn Ser Tyr Val Ser Ser Tyr Met Thr  
340 345 350

Gly Glu Gly Phe His Asn Phe Pro Pro Pro Pro Pro Leu Val Ile Val  
355 360 365

Pro Glu Ser Phe Glu Glu Gln Met Met Met Ala Met Ala Val Ser Met  
370 375 380

Ala Glu Val His Ala Thr Thr Thr Cys Ala Pro Thr Glu Val Thr Trp  
385 390 395 400

Gln

<210> 25

<211> 424

<212> PRT

<213> Triticum aestivum

<400> 25

Met Gly Asn Arg Ile Gly Gly Arg Arg Lys Ala Gly Val Glu Glu Arg  
1 5 10 15

Tyr Thr Arg Pro Gln Gly Leu Tyr Glu His Arg Asp Ile Asp Gln Lys  
20 25 30

Lys Leu Arg Lys Leu Ile Leu Glu Ala Lys Leu Ala Pro Cys Tyr Pro  
35 40 45

Gly Ala Asp Asp Ala Ala Gly Gly Asp Leu Glu Glu Cys Pro Ile Cys  
50 55 60

Phe Leu Tyr Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Lys Cys Cys Ser Lys Gly  
65 70 75 80

Ile Cys Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Lys Pro Thr His Thr Ala Arg  
85 90 95

Pro Thr Gln Cys Pro Phe Cys Lys Thr Pro Asn Tyr Ala Val Glu Tyr  
100 105 110

Arg Gly Val Lys Thr Lys Glu Glu Arg Ser Ile Glu Gln Phe Glu Glu  
115 120 125

Gln Lys Val Ile Glu Ala Gln Met Arg Met Arg Gln Gln Ala Leu Gln  
130 135 140

Asp Glu Glu Asp Lys Met Lys Arg Lys Gln Ser Arg Cys Ser Ser Ser  
145 150 155 160

Arg Thr Ile Ala Pro Thr Thr Glu Val Glu Tyr Arg Asp Ile Cys Ser  
165 170 175

Thr Ser Tyr Ser Val Pro Ser Tyr Gln Cys Thr Glu Gln Glu Thr Glu  
180 185 190

Cys Cys Ser Ser Glu Pro Ser Cys Ser Ala Gln Ala Asn Met Arg Ser  
195 200 205

Phe His Ser Arg His Thr Arg Asp Asp Asn Ile Asp Met Asn Ile Glu  
210 215 220

Asp Met Met Val Met Glu Ala Ile Trp Arg Ser Ile Gln Glu Gln Gly  
225 230 235 240

Ser Ile Gly Asn Pro Ala Cys Gly Ser Phe Met Pro Phe Glu Gln Pro  
245 250 255

Thr Cys Glu Arg Gln Ala Phe Val Ala Ala Pro Pro Leu Glu Ile Pro  
260 265 270

His Pro Gly Gly Phe Ser Cys Ala Val Ala Ala Met Ala Glu His Gln  
275 280 285

Pro Ser Ser Met Asp Phe Ser Tyr Met Thr Gly Ser Ser Ala Phe Pro  
290 295 300

Val Phe Asp Met Phe Arg Arg Pro Cys Asn Ile Ala Gly Gly Ser Met  
305 310 315 320

Cys Ala Val Glu Ser Ser Pro Asp Ser Trp Ser Gly Ile Ala Ser Ser  
325 330 335

Cys Ser Arg Arg Glu Val Val Arg Glu Glu Gly Glu Cys Ser Thr Asp  
340 345 350

His Trp Ser Glu Gly Ala Glu Ala Gly Thr Ser Tyr Ala Gly Ser Asp  
355 360 365

Ile Val Val Asp Ala Gly Thr Thr Pro Pro Leu Pro Val Thr Asp Asn  
370 375 380

Tyr Ser Met Val Ala Ser His Phe Arg Pro Glu Ser Ile Glu Glu Gln  
385 390 395 400

Met Met Tyr Ser Met Ala Val Ser Leu Ala Glu Ala His Gly Arg Thr  
405 410 415

His Thr Gln Gly Leu Ala Trp Leu  
420

<210> 26  
<211> 424  
<212> PRT  
<213> Hordeum vulgare

<400> 26

Met Gly Asn Arg Ile Gly Gly Arg Arg Lys Ala Gly Val Glu Glu Arg  
1 5 10 15

Tyr Thr Arg Pro Gln Gly Leu Tyr Glu His Arg Asp Ile Asp Gln Lys  
20 25 30

Lys Leu Arg Lys Leu Ile Leu Glu Thr Lys Leu Ala Pro Cys Tyr Pro  
35 40 45

Gly Ala Asp Asp Ala Ala Gly Ala Asp Leu Glu Glu Cys Pro Ile Cys  
50 55 60

Phe Leu Tyr Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Lys Cys Cys Ser Lys Gly  
65 70 75 80

Ile Cys Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Lys Pro Thr His Thr Ala Arg  
85 90 95

Pro Thr Gln Cys Pro Phe Cys Lys Thr Pro Asn Tyr Ala Val Glu Tyr  
100 105 110

Arg Gly Val Lys Thr Lys Glu Glu Arg Ser Ile Glu Gln Phe Glu Glu  
115 120 125

Gln Lys Val Ile Glu Ala Gln Met Arg Met Arg Gln Gln Ala Leu Gln  
130 135 140

Asp Glu Glu Asp Lys Met Arg Arg Lys Gln Ser Arg Cys Ser Ser Ser  
145 150 155 160

Arg Thr Ile Ala Pro Thr Thr Glu Val Glu Tyr Arg Asp Ile Cys Ser  
165 170 175

Thr Ser Tyr Ser Ala Pro Pro Tyr Arg Cys Thr Glu Gln Glu Thr Glu  
180 185 190

Cys Cys Ser Ser Glu Pro Ser Cys Ser Ala Gln Ala Asn Met Arg Ser  
195 200 205

Phe His Ser Arg His Thr Arg Asp Gly Asn Ile Asp Met Asn Ile Glu  
210 215 220

Asp Met Met Val Met Glu Ala Ile Trp Arg Ser Ile Gln Glu Gln Gly  
225 230 235 240

Ser Ile Gly Asn Pro Ala Cys Gly Ser Phe Met Pro Phe Glu Gln Pro  
245 250 255

Thr Arg Glu Arg Gln Ala Phe Val Ala Ala Ser Pro Leu Glu Ile Pro  
260 265 270

His Pro Gly Gly Phe Ser Cys Ala Val Ala Ala Met Thr Glu His Gln  
275 280 285

Pro Ser Ser Met Asp Phe Ser Tyr Met Thr Gly Ser Ser Ala Phe Pro  
290 295 300

Val Phe Asp Met Phe Arg Arg Pro Cys Asn Ile Ala Gly Gly Ser Leu  
305 310 315 320

Arg Ala Val Glu Ser Ser Leu Asp Ser Trp Ser Gly Ile Ala Pro Ser  
325 330 335

Gly Thr Arg Arg Glu Met Val Arg Glu Glu Gly Glu Cys Ser Ile Asp  
340 345 350

His Trp Ser Glu Gly Ala Glu Ala Gly Thr Ser Tyr Ala Gly Ser Asp  
355 360 365

Ile Met Ala Asp Ala Gly Thr Met Pro Pro Leu Pro Phe Ala Asp Asn  
370 375 380

Tyr Ser Met Ala Ala Ser His Phe Arg Pro Glu Ser Ile Glu Glu Gln  
385 390 395 400

Met Met Tyr Ser Met Ala Val Ser Leu Ala Glu Ala His Gly Arg Thr  
405 410 415

His Thr Gln Gly Leu Thr Trp Leu  
420

<210> 27

<211> 423

<212> PRT

<213> Brachypodium distachyon

<400> 27

Met Gly Asn Arg Ile Gly Gly Arg Arg Lys Ala Gly Val Glu Glu Arg  
1 5 10 15

Tyr Thr Arg Pro Gln Gly Leu Tyr Glu His Arg Asp Ile Asp Gln Lys  
20 25 30

Lys Leu Arg Lys Leu Ile Leu Glu Ala Lys Leu Ala Pro Cys Tyr Pro  
35 40 45

Gly Ala Asp Asp Ala Ala Gly Gly Asp Leu Glu Glu Cys Pro Ile Cys  
50 55 60

Phe Leu Tyr Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Lys Cys Cys Ser Lys Gly  
65 70 75 80

Ile Cys Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Lys Pro Thr His Thr Ala Arg  
85 90 95

Pro Thr Gln Cys Pro Phe Cys Lys Thr Pro Asn Tyr Ala Val Glu Tyr  
100 105 110

Arg Gly Val Lys Thr Lys Glu Glu Arg Ser Ile Glu Gln Leu Glu Glu  
115 120 125

Gln Lys Val Ile Glu Ala Gln Met Arg Met Arg Gln Gln Ala Leu Gln

130						135						140					
Asp	Glu	Glu	Asp	Lys	Met	Lys	Arg	Lys	Gln	Ser	Arg	Cys	Ser	Ser	Ser		
145					150					155					160		
Arg	Thr	Ile	Ala	Pro	Thr	Thr	Glu	Val	Glu	Tyr	Arg	Asp	Ile	Cys	Ser		
				165					170					175			
Thr	Ser	Tyr	Ser	Val	Pro	Ser	Tyr	Gln	Cys	Thr	Glu	Gln	Glu	Ala	Glu		
			180					185					190				
Cys	Cys	Ser	Ser	Glu	Pro	Ser	Cys	Ser	Ala	Gln	Ser	Asn	Met	Arg	Pro		
		195					200					205					
Val	His	Ser	Arg	His	Asn	Arg	Asp	Asp	Asn	Ile	Gly	Met	Asn	Ile	Glu		
	210					215					220						
Glu	Met	Met	Val	Met	Glu	Ala	Ile	Trp	Arg	Ser	Ile	Gln	Glu	Gln	Gly		
225					230					235					240		
Ser	Met	Gly	Asn	Pro	Val	Cys	Gly	Asn	Phe	Met	Pro	Val	Ile	Glu	Pro		
				245					250					255			
Pro	Ser	Arg	Glu	Arg	Gln	Ala	Phe	Val	Pro	Ala	Pro	Leu	Glu	Ile	Pro		
			260					265					270				
His	Pro	Gly	Gly	Phe	Ser	Cys	Ala	Val	Ala	Ser	Met	Ala	Glu	His	Gln		
		275					280					285					
Pro	Pro	Ser	Met	Asp	Phe	Ser	Tyr	Met	Ala	Gly	Asn	Ser	Ala	Phe	Pro		
	290					295					300						
Val	Phe	Asp	Met	Phe	Arg	Arg	Gln	Cys	Asn	Ile	Ser	Gly	Gly	Ser	Met		
305					310					315					320		
Cys	Ala	Val	Asp	Ser	Ser	Pro	Asp	Ser	Trp	Ser	Gly	Ile	Pro	Pro	Ser		
				325					330					335			
Cys	Ser	Arg	Glu	Met	Ile	Arg	Glu	Glu	Gly	Glu	Cys	Ser	Thr	Asp	His		
			340				345						350				



Trp Ser Glu Gly Ala Glu Ala Gly Thr Ser Tyr Ala Gly Ser Asp Ile  
355 360 365

Val Ala Asp Ala Gly Thr Met Gln Gln Leu Pro Phe Ala Glu Asn Tyr  
370 375 380

Asn Met Ala Pro Ser His Phe Arg Pro Glu Ser Ile Glu Glu Gln Met  
385 390 395 400

Met Tyr Ser Met Thr Val Ser Leu Ala Glu Ala His Gly Arg Thr His  
405 410 415

Ser Gln Gly Leu Ala Trp Leu  
420

<210> 28  
<211> 423  
<212> PRT  
<213> Oryza sativa

<400> 28

Met Gly Asn Arg Ile Gly Gly Arg Arg Lys Ala Gly Val Glu Glu Arg  
1 5 10 15

Tyr Thr Arg Pro Gln Gly Leu Tyr Glu His Arg Asp Ile Asp Gln Lys  
20 25 30

Lys Leu Arg Lys Leu Ile Leu Glu Ala Lys Leu Ala Pro Cys Tyr Met  
35 40 45

Gly Ala Asp Asp Ala Ala Ala Ala Ala Asp Leu Glu Glu Cys Pro Ile  
50 55 60

Cys Phe Leu Tyr Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Lys Cys Cys Ser Lys  
65 70 75 80

Gly Ile Cys Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Lys Pro Thr His Thr Ala  
85 90 95

Gln Pro Thr Gln Cys Pro Phe Cys Lys Thr Pro Ser Tyr Ala Val Glu  
100 105 110

Tyr Arg Gly Val Lys Thr Lys Glu Glu Arg Ser Ile Glu Gln Phe Glu  
115 120 125

Glu Gln Lys Val Ile Glu Ala Gln Met Arg Met Arg Gln Gln Ala Leu  
130 135 140

Gln Asp Glu Glu Asp Lys Met Lys Arg Lys Gln Asn Arg Cys Ser Ser  
145 150 155 160

Ser Arg Thr Ile Thr Pro Thr Lys Glu Val Glu Tyr Arg Asp Ile Cys  
165 170 175

Ser Thr Ser Phe Ser Val Pro Ser Tyr Arg Cys Ala Glu Gln Glu Thr  
180 185 190

Glu Cys Cys Ser Ser Glu Pro Ser Cys Ser Ala Gln Thr Ser Met Arg  
195 200 205

Pro Phe His Ser Arg His Asn Arg Asp Asp Asn Ile Asp Met Asn Ile  
210 215 220

Glu Asp Met Met Val Met Glu Ala Ile Trp Arg Ser Ile Gln Gly Ser  
225 230 235 240

Ile Gly Asn Pro Val Cys Gly Asn Phe Met Pro Val Thr Glu Pro Ser  
245 250 255

Pro Arg Glu Arg Gln Pro Phe Val Pro Ala Ala Ser Leu Glu Ile Pro  
260 265 270

His Gly Gly Gly Phe Ser Cys Ala Val Ala Ala Met Ala Glu His Gln  
275 280 285

Pro Pro Ser Met Asp Phe Ser Tyr Met Ala Gly Ser Ser Ala Phe Pro  
290 295 300

Val Phe Asp Met Phe Arg Arg Pro Cys Asn Ile Ala Gly Gly Ser Met

305 310 315 320

Cys Asn Leu Glu Ser Ser Pro Glu Ser Trp Ser Gly Ile Ala Pro Ser  
325 330 335

Cys Ser Arg Glu Val Val Arg Glu Glu Gly Glu Cys Ser Ala Asp His  
340 345 350

Trp Ser Glu Gly Ala Glu Ala Gly Thr Ser Tyr Ala Gly Ser Asp Ile  
355 360 365

Val Ala Asp Ala Gly Thr Met Pro Gln Leu Pro Phe Ala Glu Asn Phe  
370 375 380

Ala Met Ala Pro Ser His Phe Arg Pro Glu Ser Ile Glu Glu Gln Met  
385 390 395 400

Met Phe Ser Met Ala Leu Ser Leu Ala Asp Gly His Gly Arg Thr His  
405 410 415

Ser Gln Gly Leu Ala Trp Leu  
420

<210> 29  
<211> 428  
<212> PRT  
<213> Sorghum bicolor

<400> 29

Met Gly Asn Arg Lys Gly Gly Arg Pro Lys Ser Gly Gly Glu Lys Arg  
1 5 10 15

Phe Thr Pro Pro Gln Gly Leu Tyr Glu His Lys Asp Ile Asp Gln Lys  
20 25 30

Lys Leu Arg Lys Leu Ile Leu Glu Ala Lys Leu Ala Pro Cys Tyr Pro  
35 40 45

Gly Ala Asp Asp Ala Ala Ala Ala Gly Gly Asp Leu Glu Glu Cys Pro  
50 55 60

Ile Cys Phe Leu Tyr Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Lys Cys Cys Ser  
65 70 75 80

Lys Gly Ile Cys Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Lys Pro Thr His Thr  
85 90 95

Ala Arg Pro Thr Gln Cys Pro Phe Cys Lys Thr Pro Asn Tyr Ala Val  
100 105 110

Glu Tyr Arg Gly Val Lys Thr Lys Glu Glu Arg Ser Ile Glu Gln Phe  
115 120 125

Glu Glu Gln Lys Val Ile Glu Ala Gln Leu Arg Met Arg Gln Lys Glu  
130 135 140

Leu Gln Asp Glu Glu Ala Lys Met Lys Arg Lys Gln Ser Arg Cys Ser  
145 150 155 160

Ser Ser Arg Thr Val Thr Pro Thr Thr Glu Val Glu Tyr Arg Asp Ile  
165 170 175

Cys Ser Thr Ser Phe Ser Val Pro Ser Tyr Gln Cys Thr Glu Gln Gly  
180 185 190

Asn Glu Cys Cys Ser Ser Glu Pro Ser Cys Ser Ser Gln Ala Asn Met  
195 200 205

Arg Pro Phe His Ser Arg His Asn Arg Asp Asp Asn Val Asp Val Asn  
210 215 220

Leu Glu Asp Met Met Val Met Glu Ala Ile Trp Arg Ser Ile Gln Glu  
225 230 235 240

Gln Gly His Leu Val Asn Pro Val Cys Gly Ser Tyr Phe Pro Val Ile  
245 250 255

Glu Pro Pro Ser Arg Glu Arg Gln Ala Phe Leu Pro Ala Ala Pro Leu  
260 265 270

Glu Met Pro His Pro Gly Gly Tyr Ser Cys Ala Val Ala Ala Leu Ala  
275 280 285

Glu His Gln Pro Ala Ser Met Asp Phe Ser Tyr Met Ala Gly Ser Ser  
290 295 300

Thr Tyr Pro Val Phe Asp Met Ile Arg Arg Pro Cys Asn Met Ser Ser  
305 310 315 320

Gly Ser Leu Cys Gly Val Glu Asn Ser Ser Leu Asp Thr Trp Ser Gly  
325 330 335

Ile Ala Pro Ser Cys Ser Arg Glu Val Val Arg Glu Glu Gly Glu Cys  
340 345 350

Ser Thr Asp His Trp Ser Glu Gly Ala Glu Ala Gly Thr Ser Tyr Ala  
355 360 365

Gly Ser Asp Ile Met Ala Asp Thr Gly Thr Met Gln Pro Leu Pro Phe  
370 375 380

Ala Glu Asn Phe Thr Met Ala Pro Ser His Phe Arg Pro Glu Ser Ile  
385 390 395 400

Glu Glu Gln Met Met Phe Ser Met Ala Val Ser Leu Ala Glu Ala His  
405 410 415

His Gly Arg Thr Gln Ala Gln Gly Leu Ala Trp Leu  
420 425

<210> 30

<211> 431

<212> PRT

<213> Zea mays

<400> 30

Met Gly Asn Arg Ile Gly Gly Arg Arg Lys Pro Gly Val Glu Glu Arg  
1 5 10 15

Phe Thr Arg Pro Gln Gly Leu Tyr Glu His Lys Asp Ile Asp Gln Lys  
20 25 30

Lys Leu Arg Lys Leu Ile Leu Glu Ala Lys Leu Ala Pro Cys Tyr Pro  
35 40 45

Gly Ala Asp Asp Ala Ala Ala Gly Gly Gly Asp Leu Asp Leu Glu Glu  
50 55 60

Cys Pro Ile Cys Phe Leu Tyr Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Lys Cys  
65 70 75 80

Cys Ser Lys Gly Ile Cys Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Lys Pro Thr  
85 90 95

His Thr Ala Arg Pro Thr Gln Cys Pro Phe Cys Lys Thr Ala Asn Tyr  
100 105 110

Ala Val Glu Tyr Arg Gly Val Lys Thr Lys Glu Glu Arg Ser Ile Glu  
115 120 125

Gln Phe Glu Glu Gln Lys Val Ile Glu Ala Gln Leu Arg Met Arg Gln  
130 135 140

Lys Glu Leu Gln Asp Glu Glu Ala Lys Met Lys Arg Lys Gln Ser Arg  
145 150 155 160

Cys Ser Ser Ser Arg Thr Val Thr Pro Thr Thr Glu Val Glu Tyr Arg  
165 170 175

Asp Ile Cys Ser Thr Ser Phe Ser Val Pro Ser Tyr Gln Arg Thr Glu  
180 185 190

Gln Gly Asn Glu Cys Cys Ser Ser Glu Pro Ser Cys Ser Ser Gln Ala  
195 200 205

Asn Met Arg Pro Phe His Ser Arg His Asn Arg Asp Asp Asn Val Asp  
210 215 220

Met Asn Leu Glu Asp Met Met Val Met Glu Thr Ile Trp Arg Ser Ile  
225 230 235 240

Gln Gln Glu Gln Gly His Leu Val Asn Pro Val Cys Gly Ser Tyr Phe  
245 250 255

Pro Val Ile Glu Pro Pro Ser Arg Glu Arg Gln Ala Phe Val Pro Ala  
260 265 270

Ala Pro Leu Glu Met Pro His Pro Gly Gly Tyr Ser Cys Ala Val Ala  
275 280 285

Ala Leu Ala Glu His Gln Ala Pro Ser Met Asp Phe Ser Tyr Met Ser  
290 295 300

Gly Ser Ser Thr Tyr Pro Val Phe Asp Met Ile Arg Arg Pro Cys Asn  
305 310 315 320

Met Ser Ser Gly Ser Pro Cys Gly Ala Glu Asn Ser Ser Leu Asp Thr  
325 330 335

Trp Ser Gly Ile Ala Pro Ser Cys Ser Arg Glu Val Val Arg Asp Glu  
340 345 350

Gly Glu Cys Ser Ala Asp His Trp Ser Glu Gly Ala Glu Ala Gly Thr  
355 360 365

Ser Tyr Ala Gly Ser Asp Ile Met Ala Asp Ala Gly Ala Met Gln Pro  
370 375 380

Leu Pro Phe Ala Glu Asn Phe Ala Met Gly Pro Ser His Phe Arg Pro  
385 390 395 400

Glu Ser Val Glu Glu Gln Met Met Phe Ser Met Ala Val Ser Leu Ala  
405 410 415

Glu Ala His His Gly Arg Thr Gln Ala Gln Gly Leu Ala Trp Leu  
420 425 430

<210> 31  
<211> 424  
<212> PRT  
<213> Triticum aestivum



<400> 31

Met Gly Asn Arg Ile Gly Gly Arg Arg Lys Ala Gly Val Glu Glu Arg  
1 5 10 15

Tyr Thr Arg Pro Gln Gly Leu Tyr Glu His Arg Asp Ile Asp Gln Lys  
20 25 30

Lys Leu Arg Lys Leu Ile Leu Glu Ala Lys Leu Ala Pro Cys Tyr Pro  
35 40 45

Gly Ala Asp Asp Ala Ala Gly Gly Asp Leu Glu Glu Cys Pro Ile Cys  
50 55 60

Phe Leu Tyr Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Lys Cys Cys Ser Lys Gly  
65 70 75 80

Ile Cys Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Lys Pro Thr His Thr Ala Arg  
85 90 95

Pro Thr Gln Cys Pro Phe Cys Lys Thr Pro Asn Tyr Ala Val Glu Tyr  
100 105 110

Arg Gly Val Lys Thr Lys Glu Glu Arg Ser Ile Glu Gln Phe Glu Glu  
115 120 125

Gln Lys Val Ile Glu Ala Gln Met Arg Val Arg Gln Gln Ala Leu Gln  
130 135 140

Asp Glu Glu Asp Lys Met Lys Arg Lys Gln Ser Arg Cys Ser Ser Ser  
145 150 155 160

Cys Lys Thr Pro Asn Tyr Ala Val Glu Tyr Arg Gly Val Lys Thr Lys  
165 170 175

Glu Glu Arg Ser Ile Glu Gln Phe Glu Glu Gln Lys Val Ile Glu Ala  
180 185 190

Gln Met Arg Val Arg Gln Gln Ala Leu Gln Asp Glu Glu Asp Lys Met  
195 200 205

Lys Arg Lys Gln Ser Arg Cys Ser Ser Ser Met Asp Met Asn Ile Glu  
210 215 220

Asp Met Met Val Met Glu Ala Ile Trp Arg Ser Ile Gln Glu Gln Gly  
225 230 235 240

Ser Ile Gly Asn Pro Ser Cys Gly Ser Phe Met Pro Phe Glu Gln Pro  
245 250 255

Thr Arg Glu Arg Gln Ala Phe Val Ala Ala Pro Pro Leu Glu Met Pro  
260 265 270

His Pro Gly Gly Met Asp Met Asn Ile Glu Asp Met Met Val Met Glu  
275 280 285

Ala Ile Trp Arg Ser Ile Gln Glu Gln Gly Ser Ile Gly Asn Pro Ser  
290 295 300

Cys Gly Ser Phe Met Pro Phe Glu Gln Pro Thr Arg Glu Arg Gln Ala  
305 310 315 320

Phe Val Ala Ala Pro Pro Leu Glu Met Pro His Pro Gly Gly Pro Ser  
325 330 335

Cys Ser Arg Arg Glu Val Val Arg Glu Glu Gly Glu Cys Ser Thr Asp  
340 345 350

His Leu Ser Glu Gly Ala Glu Ala Gly Thr Ser Tyr Ala Gly Ser Asp  
355 360 365

Ile Val Val Asp Ala Gly Thr Met Leu Pro Leu Pro Phe Ala Asp Asn  
370 375 380

Tyr Ser Met Val Ala Ser His Phe Arg Pro Glu Ser Ile Glu Glu Gln  
385 390 395 400

Met Met Tyr Ser Met Ala Val Ser Leu Ala Glu Ala His Gly Arg Thr  
405 410 415

His Ser Gln Gly Leu Ala Trp Leu  
420

<210> 32

<211> 398

<212> PRT

<213> *Brachypodium distachyon*

<400> 32

Met Gly Asn Gln Gly Leu Tyr Pro His Pro Asp Ile Asp Leu Lys Lys  
1 5 10 15

Leu Arg Arg Leu Ile Val Glu Ala Lys Leu Ala Pro Cys His Pro Gly  
20 25 30

Ser Asp Asp Pro Arg Ala Asp Leu Asp Glu Cys Pro Ile Cys Phe Leu  
35 40 45

Phe Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Lys Cys Cys Ala Lys Gly Ile Cys  
50 55 60

Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Lys Ser Pro Thr Ser Cys Arg Pro Thr  
65 70 75 80

Gln Cys Pro Tyr Cys Lys Met Leu Asn Tyr Ala Val Glu Tyr Arg Gly  
85 90 95

Val Lys Thr Lys Glu Glu Lys Gly Val Glu Gln Leu Glu Glu Gln Arg  
100 105 110

Val Ile Glu Ala Gln Ile Arg Met Arg His Gln Glu Ile Lys Asp Asp  
115 120 125

Ala Glu Arg Leu Lys Asn Lys Gln Thr Ala Thr Leu Ser Asp Val Ile  
130 135 140

Thr Thr Pro Gln Val Glu Cys Cys Glu Ala Gly Gly Thr Ser Thr Pro  
145 150 155 160

Ala Ala Ser Ser Ala Gln Gly Asn Asp Ala Leu Leu Ser Gln Val Gln

165								170				175			
His	Ser	Glu	Leu	Leu	Leu	Lys	Asn	Ser	Glu	Arg	Leu	Lys	Gln	Met	Arg
			180						185				190		
Glu	Asn	Asn	Phe	Asp	Val	Asp	Leu	Glu	Glu	Val	Met	Leu	Met	Glu	Ala
		195						200				205			
Ile	Trp	Leu	Ser	Val	Gln	Asp	Ala	Ser	Gly	Asn	Pro	Gly	Ile	Thr	Gly
		210						215				220			
Ala	Ala	Pro	Pro	Thr	Ile	Pro	Pro	Arg	Ser	Tyr	Asp	Thr	Ser	Val	Thr
		225						230				235			
Ala	Ser	Ala	Glu	Ala	Ala	Pro	Ser	Gly	Gly	Phe	Ala	Cys	Ala	Val	Ala
			245						250				255		
Ala	Leu	Ala	Glu	Gln	Gln	His	Met	Leu	Val	Gly	Ser	Ser	Ile	Pro	Ala
			260						265				270		
Thr	Cys	Gln	Ala	Ser	Lys	His	Asp	Thr	Leu	Ser	Arg	Ser	Asp	Arg	Ser
		275						280				285			
Phe	Thr	Glu	Asp	Leu	Ser	Ile	Ala	Gly	Ser	Ser	Ser	Ser	Gly	Thr	Arg
		290						295				300			
Val	Asp	Glu	Ser	Ser	Ile	Asn	Arg	Thr	Arg	Gln	Thr	Arg	Glu	Gly	Ala
		305						310				315			
Glu	His	Ser	Asn	Asn	Asp	Arg	Trp	Ser	Glu	Val	Ala	Asp	Ala	Ser	Thr
			325						330				335		
Ser	Cys	Ala	Gly	Ser	Asp	Ile	Thr	Arg	Glu	Ala	Gly	Ala	Ala	Asn	Leu
			340						345				350		
Val	Ala	Ser	Asp	Gly	Ser	Ser	Ile	Gly	Ser	Gly	Asn	Ile	Pro	Asp	Ser
		355						360				365			
Phe	Glu	Asp	Gln	Met	Met	Leu	Ala	Ile	Ser	Leu	Ser	Leu	Val	Asp	Ala
		370						375				380			

Arg Ala Met Ala Ser Ser Pro Gly Pro Gly Leu Thr Trp Gln  
385 390 395

<210> 33  
<211> 414  
<212> PRT  
<213> Oryza sativa

<400> 33

Met Gly Asn Gln Val Gly Gly Arg Arg Arg Arg Arg Pro Ala Val Glu  
1 5 10 15

Glu Arg Tyr Thr Arg Pro Gln Gly Leu Tyr Pro His Pro Asp Ile Asp  
20 25 30

Leu Lys Lys Leu Arg Arg Leu Ile Val Glu Ala Lys Leu Ala Pro Cys  
35 40 45

Phe Pro Gly Ser Asp Asp Pro Arg Ala Asp Leu Glu Glu Cys Pro Ile  
50 55 60

Cys Phe Leu Phe Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Lys Cys Cys Ala Lys  
65 70 75 80

Gly Ile Cys Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Arg Thr Pro Thr Ser Cys  
85 90 95

Arg Pro Thr Gln Cys Pro Tyr Cys Lys Met Ala Ser Tyr Ala Val Glu  
100 105 110

Tyr Arg Gly Val Lys Thr Lys Glu Glu Lys Gly Thr Glu Gln Ile Glu  
115 120 125

Glu Gln Arg Val Ile Glu Ala Gln Ile Arg Met Arg Gln Gln Glu Leu  
130 135 140

Gln Asp Asp Ala Glu Arg Met Lys Lys Lys Gln Ala Ala Ala Leu Thr  
145 150 155 160

Asp Val Val Thr Thr Ala Gln Val Glu His Cys Asp Thr Gly Gly Ala  
165 170 175

Ser Thr Thr Val Lys Ser Ser Gly Gln Gly Ser Asp Met Leu Ser Ser  
180 185 190

Gln Val Gln His Ala Glu Leu Leu Leu Lys Thr Ser Glu Arg Leu Lys  
195 200 205

Gln Met Arg Asn Asn Asn Phe Asp Met Asp Pro Asp Glu Val Met Leu  
210 215 220

Val Glu Ala Leu Trp Leu Ser Leu Gln Asp Gln Glu Ala Ser Gly Asn  
225 230 235 240

Pro Thr Cys Gly Asn Thr Val Ser Ser Val His Pro Pro Arg Ser Phe  
245 250 255

Glu Gly Ser Met Thr Ile Pro Ala Glu Ala Ala Ser Ser Ser Ser Ala  
260 265 270

Phe Ala Cys Ala Val Ala Ala Leu Ala Glu Gln Gln Gln Met Tyr Gly  
275 280 285

Glu Ala Ser Ser Thr Ala Thr Cys His Thr Ser Arg Cys Asp Ile Leu  
290 295 300

Ser Arg Ser Asp Arg Ser Phe Thr Glu Asp Leu Ser Ile Asn Gly Ser  
305 310 315 320

Gly Ser Ser Gly Ala Arg Ser Glu Glu Pro Ser Ser Asn Lys Met His  
325 330 335

Gln Thr Arg Glu Gly Met Glu Tyr Ser Asn Glu Arg Trp Ser Glu Met  
340 345 350

Ala Glu Ala Ser Ser Ser Phe Thr Gly Ser Asp Leu Thr Thr Glu Ala  
355 360 365

Gly Ala Ala Asn Ser Gly Gly Ser Asp Thr Gly Ala Gly Ser Ile Pro

370 375 380

Asp Ser Phe Glu Glu Gln Met Met Leu Ala Met Ala Leu Ser Leu Ala  
385 390 395 400

Asp Ala Arg Ala Lys Ala Ser Ser Pro Gly Leu Thr Trp Arg  
405 410

<210> 34  
<211> 419  
<212> PRT  
<213> Zea mays

<400> 34

Met Gly Asn Gln Val Gly Gly Arg Arg Arg Arg Arg Pro Pro Val Asp  
1 5 10 15

Glu Arg Tyr Thr Arg Pro Gln Gly Leu Tyr Pro His Pro Asp Ile Asp  
20 25 30

Leu Arg Lys Leu Arg Arg Leu Ile Leu Glu Ala Lys Leu Ala Pro Cys  
35 40 45

His Pro Gly Ala Asp Asp Ala Arg Ala Asp Leu Asp Glu Cys Pro Ile  
50 55 60

Cys Phe Leu Phe Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Lys Cys Cys Ala Lys  
65 70 75 80

Gly Ile Cys Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Lys Ser Pro Thr Ser Cys  
85 90 95

Lys Pro Thr Gln Cys Pro Tyr Cys Lys Thr Leu Asn Tyr Ala Val Glu  
100 105 110

Tyr Arg Gly Val Lys Thr Lys Glu Glu Lys Gly Ile Glu Gln Leu Glu  
115 120 125

Glu Gln Arg Val Ile Glu Ala Gln Ile Arg Met Arg Gln Gln Glu Val  
130 135 140



Gln Asp Asp Ala Glu Arg Met Lys Asn Lys Arg Thr Ala Thr Leu Gly  
145 150 155 160

Asp Val Val Ala Ser Ala Gln Val Asp Ser Cys Asn Thr Asp Gly Ala  
165 170 175

Ser Thr Ala Val Ala Asn Ser Pro Arg Gly Asn Asp Val Leu Ser Ser  
180 185 190

Glu Val Gln His Ser Glu Leu Ile Ser Arg Asn Ser Glu Ala Phe Lys  
195 200 205

Gln Met Arg Gly Asn Asn Phe Glu Val Asp Leu Glu Glu Val Met Leu  
210 215 220

Met Glu Ala Ile Trp Leu Ser Ile Gln Asp Gln Glu Ala Leu Gly Asn  
225 230 235 240

Pro Gly Cys Val Ser Thr Thr Pro Ser Ser Ile Pro Ser Arg Pro Phe  
245 250 255

Asp Asp Gly Asp Met Thr Thr Thr Ala Glu Ala Ala Ser Ser Gly Gly  
260 265 270

Phe Ala Cys Ala Val Ala Ala Leu Ala Glu Gln Gln His Met His Gly  
275 280 285

Glu Ser Ser Ser Ala Ser Pro Cys Gln Thr Ile Arg Phe Gly Thr Leu  
290 295 300

Ser Arg Pro Asp Arg Ser Thr Thr Gln Asp Leu Ser Val Ala Gly Ser  
305 310 315 320

Ser Ser Ser Asp Ser Arg Val Glu Glu Pro Pro Thr Ser Asn Thr His  
325 330 335

Arg Thr Ile Glu Ala Ala Glu Tyr Ser Asn Ser Asn Val Gln Trp Ser  
340 345 350

Glu Val Ala Glu Ala Gly Thr Ser Ile Ala Glu Ser Asp Gly Thr Val  
355 360 365

Glu Ala Gly Val Asp Asn Ser Ser Thr Ser Ala Gly Ser Asn Ile Asp  
370 375 380

Ser Val Ser Val Pro Asp Ser Phe Glu Glu Gln Met Met Leu Ala Met  
385 390 395 400

Ala Leu Ser Leu Val Asp Ala Arg Ala Arg Ala Gly Ser Pro Gly Leu  
405 410 415

Ala Trp Arg

<210> 35  
<211> 418  
<212> PRT  
<213> Sorghum bicolor

<400> 35

Met Gly Asn Gln Val Gly Gly Arg Arg Arg Arg Arg Pro Ala Val Asp  
1 5 10 15

Glu Arg Tyr Thr Gln Pro Gln Gly Leu Tyr Pro His Pro Asp Ile Asp  
20 25 30

Leu Arg Lys Leu Arg Arg Leu Ile Leu Glu Ala Lys Leu Ala Pro Cys  
35 40 45

His Pro Gly Ala Asp Asp Ala Arg Ala Asp Leu Asp Glu Cys Pro Ile  
50 55 60

Cys Phe Leu Phe Tyr Pro Ser Leu Asn Arg Ser Lys Cys Cys Ala Lys  
65 70 75 80

Gly Ile Cys Thr Glu Cys Phe Leu Gln Met Lys Ser Pro Thr Ser Cys  
85 90 95

Arg Pro Thr Gln Cys Pro Tyr Cys Lys Thr Leu Asn Tyr Ala Val Glu  
100 105 110

Tyr Arg Gly Val Lys Thr Lys Glu Glu Lys Gly Ile Glu Gln Leu Glu  
115 120 125

Glu Gln Arg Val Ile Glu Ala Gln Ile Arg Met Arg Gln Lys Glu Leu  
130 135 140

Gln Asp Asp Ala Glu Arg Met Lys Asn Lys Gln Thr Ala Thr Leu Gly  
145 150 155 160

Asp Ile Val Ala Ser Ala Gln Val Asp Ser Cys Asn Thr Asp Gly Ala  
165 170 175

Ser Thr Gly Ala Ala Ser Ser Pro Gln Gly Ser Asp Ala Ile Ser Ser  
180 185 190

Glu Val Gln His Ser Glu Leu Ile Leu Arg Asn Ser Glu Ala Phe Lys  
195 200 205

Gln Met Arg Gly Asn Asn Phe Asp Val Asp Leu Glu Glu Val Met Leu  
210 215 220

Met Glu Ala Ile Trp Leu Ser Ile Gln Asp Gln Glu Ala Leu Gly Asn  
225 230 235 240

Ser Gly Cys Val Ser Thr Thr Pro Ser Ser Ile Pro Ser Arg Pro Phe  
245 250 255

Asp Gly Ala Met Thr Thr Thr Pro Glu Ala Ala Ser Ser Gly Gly Phe  
260 265 270

Ala Phe Ala Val Ala Ala Leu Ala Glu Gln Gln His Met His Gly Glu  
275 280 285

Ser Ser Ser Ala Ser Ala Cys Gln Thr Pro Arg Phe Asp Ile Leu Ser  
290 295 300

Arg Ser Asp Arg Ser Ser Thr Glu Asp Leu Ser Val Val Gly Ser Ser  
305 310 315 320

Ser Ser Asp Ser Arg Val Glu Glu Pro Ser Ser Ser Ser Thr His Arg  
325 330 335

Thr Ile Glu Gly Ser Glu Tyr Ser Asn Ser Asn Gly Arg Trp Ser Glu  
340 345 350

Val Ala Glu Ala Gly Thr Ser Ile Ala Glu Ala Asp Val Ile Val Glu  
355 360 365

Ala Gly Val Gly Asn Ser Ser Thr Ser Val Gly Ser Asn Ile Gly Ser  
370 375 380

Ser Ser Val Pro Asp Ser Phe Glu Glu Gln Met Met Leu Ala Met Ala  
385 390 395 400

Leu Ser Leu Val Asp Ala Arg Ser Arg Ala Gly Ser Pro Gly Leu Ala  
405 410 415

Trp Arg

<210> 36

<211> 27

<212> PRT

<213> Штучна послідовність

<220>

<223> Синтетична послідовність: перший консенсусний домен поліпептиду DA2

<220>

<221> ВАРИАНТ

<222> (2)..(2)

<223> Може бути присутнім або відсутнім; якщо присутній, Xaa - це Gln

<220>

<221> ВАРИАНТ

<222> (6)..(6)

<223> Xaa - це Pro, Met, Asn, Val, Gln, Leu, Val або Glu

<220>

<221> ВАРИАНТ

<222> (7)..(7)

<223> Xaa - це His, Ser або Asn

<220>

<221> BAPIAHT  
 <222> (8)..(8)  
 <223> Xaa - це Pro, Lys а6о Arg

<220>  
 <221> BAPIAHT  
 <222> (10)..(10)  
 <223> Xaa - це Ile а6о Val

<220>  
 <221> BAPIAHT  
 <222> (12)..(12)  
 <223> Xaa - це Leu, Ile, His, Val а6о Gln

<220>  
 <221> BAPIAHT  
 <222> (13)..(13)  
 <223> Xaa - це Lys а6о Arg

<220>  
 <221> BAPIAHT  
 <222> (16)..(16)  
 <223> Xaa - це Arg а6о Lys

<220>  
 <221> BAPIAHT  
 <222> (17)..(17)  
 <223> Xaa - це Arg а6о Lys

<220>  
 <221> BAPIAHT  
 <222> (20)..(20)  
 <223> Xaa - це Val а6о Leu

<220>  
 <221> BAPIAHT  
 <222> (21)..(21)  
 <223> Xaa - це Glu а6о Asp

<220>  
 <221> BAPIAHT  
 <222> (22)..(22)  
 <223> Xaa - це Ala, Ser а6о Thr

<400> 36

Gln Xaa Gly Leu Tyr Xaa Xaa Xaa Asp Xaa Asp Xaa Xaa Lys Leu Xaa  
 1 5 10 15

Xaa Leu Ile Xaa Xaa Xaa Lys Leu Ala Pro Cys  
 20 25

<210> 37  
 <211> 36  
 <212> PRT  
 <213> Штучна послідовність  
  
 <220>  
 <223> Синтетична послідовність: другий консенсусний домен поліпептиду DA2  
  
 <220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (1)..(1)  
 <223> Xaa - це Asn або Ser  
  
 <220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (9)..(9)  
 <223> Xaa - це Val або Gly  
  
 <220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (11)..(11)  
 <223> Xaa - це Thr або Ser  
  
 <220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (15)..(15)  
 <223> Xaa - це Lys або Arg  
  
 <220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (16)..(16)  
 <223> Xaa - це Gly або Ser  
  
 <220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (17)..(17)  
 <223> Xaa - це Val, Thr, Ile, Phe, Leu або Met  
  
 <220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (20)..(20)  
 <223> Xaa - це Leu, Ile, Val або Phe  
  
 <220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (24)..(24)  
 <223> Xaa - це Arg, Leu або Lys  
  
 <220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (29)..(29)  
 <223> Xaa - це Gln або Lys

<220>  
 <221> БАПІАНТ  
 <222> (30)..(30)  
 <223> Xaa - це Ile або Met

<220>  
 <221> БАПІАНТ  
 <222> (34)..(34)  
 <223> Xaa - це His або Gln

<220>  
 <221> БАПІАНТ  
 <222> (35)..(35)  
 <223> Xaa - це Lys або Gln

<220>  
 <221> БАПІАНТ  
 <222> (36)..(36)  
 <223> Xaa - це Glu або Ala

<400> 37

Xaa	Tyr	Ala	Val	Glu	Tyr	Arg	Gly	Xaa	Lys	Xaa	Lys	Glu	Glu	Xaa	Xaa
1				5				10						15	

Xaa	Glu	Gln	Xaa	Glu	Glu	Gln	Xaa	Val	Ile	Glu	Ala	Xaa	Xaa	Arg	Met
		20					25						30		

Arg	Xaa	Xaa	Xaa
			35

<210> 38  
 <211> 66  
 <212> PRT  
 <213> Штучна послідовність

<220>  
 <223> Синтетична послідовність: LIM-домен

<220>  
 <221> ВАРІАНТ  
 <222> (2)..(3)  
 <223> Xaa - це будь-яка амінокислота

<220>  
 <221> ВАРІАНТ  
 <222> (5)..(27)  
 <223> Xaa у положеннях з 5 по 27 - це будь-яка амінокислота та з них до семи можуть бути відсутніми; представляє ряд з 16-23 амінокислот.



<220>  
 <221> ВАРІАНТ  
 <222> (28)..(28)  
 <223> Хаа - це His або Cys

<220>  
 <221> ВАРІАНТ  
 <222> (29)..(32)  
 <223> Хаа у положеннях з 29 по 32 - це будь-яка амінокислота та з них до двох амінокислот можуть бути відсутніми; представляє лінію з 2 або 4 амінокислот.

<220>  
 <221> ВАРІАНТ  
 <222> (33)..(33)  
 <223> Хаа - це Cys, His або Glu

<220>  
 <221> ВАРІАНТ  
 <222> (34)..(35)  
 <223> Хаа - це будь-яка амінокислота

<220>  
 <221> ВАРІАНТ  
 <222> (37)..(38)  
 <223> Хаа - це будь-яка амінокислота

<220>  
 <221> ВАРІАНТ  
 <222> (40)..(60)  
 <223> Хаа у положеннях з 40 по 60 - це будь-яка амінокислота та з них до семи амінокислот можуть бути відсутніми; представляє ряд із 14-21 амінокислоти.

<220>  
 <221> ВАРІАНТ  
 <222> (61)..(61)  
 <223> Хаа - це Cys або His

<220>  
 <221> ВАРІАНТ  
 <222> (62)..(64)  
 <223> Хаа у положеннях з 62 по 64 - це будь-яка амінокислота та з них одна або дві амінокислоти можуть бути відсутніми; представляє нитку з 2 або 1 або 3 амінокислот.

<220>  
 <221> ВАРІАНТ  
 <222> (65)..(65)  
 <223> Хаа - це Cys, His, Asp або Glu

<220>  
 <221> ВАРІАНТ  
 <222> (66)..(66)

<223> Хаа - це будь-яка амінокислота

<400> 38

Cys	Хаа	Хаа	Cys	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа
1			5					10					15		

Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа
			20					25					30		

Хаа	Хаа	Хаа	Cys	Хаа	Хаа	Cys	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа
			35				40					45			

Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа
			50				55					60			

Хаа Хаа  
65

<210> 39

<211> 63

<212> PRT

<213> Штучна послідовність

<220>

<223> Синтетична послідовність: LIM-домен

<220>

<221> ВАРІАНТ

<222> (2)..(3)

<223> Хаа - це будь-яка амінокислота

<220>

<221> ВАРІАНТ

<222> (5)..(27)

<223> Хаа у положеннях з 5 по 27 - це будь-яка амінокислота та з них до семи амінокислот можуть бути відсутніми; представляючи ряд із 16 - 23 амінокислот.

<220>

<221> ВАРІАНТ

<222> (29)..(30)

<223> Хаа - це будь-яка амінокислота

<220>

<221> ВАРІАНТ

<222> (32)..(33)

<223> Хаа - це будь-яка амінокислота

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (35)..(36)  
 <223> Хаа - це будь-яка амінокислота

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (38)..(58)  
 <223> Хаа у положеннях з 38 по 58 - це будь-яка амінокислота та з них до семи амінокислот можуть бути відсутніми; представляючи ряд із 14 - 21 амінокислот.

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (60)..(61)  
 <223> Хаа - це будь-яка амінокислота

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (63)..(63)  
 <223> Хаа - це будь-яка амінокислота

<400> 39

Cys	Хаа	Хаа	Cys	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа
1				5					10					15	

Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	His	Хаа	Хаа	Cys	Хаа
			20					25						30		

Хаа	Cys	Хаа	Хаа	Cys	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа
		35					40						45			

Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	His	Хаа	Хаа	Cys	Хаа		
		50					55					60				

<210> 40  
 <211> 53  
 <212> PRT  
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 40

Cys	Ala	Gly	Cys	Asn	Met	Glu	Ile	Gly	His	Gly	Arg	Phe	Leu	Asn	Cys
1				5					10					15	

Leu	Asn	Ser	Leu	Trp	His	Pro	Glu	Cys	Phe	Arg	Cys	Tyr	Gly	Cys	Ser
			20					25					30		

Gln Pro Ile Ser Glu Tyr Glu Phe Ser Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Phe  
35 40 45

His Lys Ala Cys Tyr  
50

<210> 41  
<211> 504  
<212> PRT  
<213> *Setaria italica*

<400> 41

Met Gly Trp Leu Ser Lys Ile Phe Lys Gly Ser Val Asn Arg Val Ser  
1 5 10 15

Arg Gly His Tyr Asn Gly Asn Ser His Glu Gly Tyr Ser Thr Gln His  
20 25 30

Thr Lys Ser Tyr Gly Ala His Gly Asn Glu Asp Glu Asp Met Asp His  
35 40 45

Ala Ile Ala Leu Ser Leu Ser Glu Gln Asp Gln Arg Lys Gly Lys Ala  
50 55 60

Ile Asp Thr Glu His His Leu Asp Glu Asp Glu Gln Leu Ala Arg Ala  
65 70 75 80

Leu Gln Glu Asn Thr Ser Pro Thr Leu Asp Glu Asp Glu Gln Leu Ala  
85 90 95

Arg Ala Leu Gln Glu Ser Met Asn Asp Glu His Pro Pro Arg Gln His  
100 105 110

Ile Pro Ile Glu Asp Val His Ser Glu Ser Ala Pro Ala Ser Ser Leu  
115 120 125

Pro Pro Tyr Val Phe Pro Thr Asn Gly Ser Arg Val Cys Ala Gly Cys  
130 135 140

Lys Thr Pro Ile Gly Gln Gly Arg Phe Leu Ser Cys Met Asp Ser Val

145		150		155		160									
Trp	His	Pro	Gln	Cys	Phe	Arg	Cys	Tyr	Gly	Cys	Asp	Ile	Pro	Ile	Ser
				165					170					175	
Glu	Tyr	Glu	Phe	Ala	Val	His	Glu	Asp	His	Ala	Tyr	His	Arg	Ser	Cys
			180					185					190		
Tyr	Lys	Glu	Arg	Phe	His	Pro	Lys	Cys	Asp	Val	Cys	Asn	Ser	Phe	Ile
		195					200					205			
Pro	Thr	Asn	Lys	Asn	Gly	Leu	Ile	Glu	Tyr	Arg	Ala	His	Pro	Phe	Trp
	210					215					220				
Met	Gln	Lys	Tyr	Cys	Pro	Ser	His	Glu	Asn	Asp	Gly	Thr	Pro	Arg	Cys
225					230					235					240
Cys	Ser	Cys	Glu	Arg	Met	Glu	Pro	Lys	His	Ser	Gln	Tyr	Ile	Thr	Leu
				245					250					255	
Asp	Asp	Gly	Arg	Arg	Leu	Cys	Leu	Glu	Cys	Leu	His	Thr	Ala	Ile	Met
			260					265					270		
Asp	Thr	Asn	Glu	Cys	Gln	Pro	Leu	Tyr	Ile	Asp	Ile	Gln	Glu	Phe	Tyr
		275					280					285			
Glu	Gly	Met	Asn	Met	Lys	Val	Glu	Gln	Gln	Val	Pro	Leu	Leu	Leu	Val
	290					295					300				
Glu	Arg	Gln	Ala	Leu	Asn	Glu	Ala	Met	Glu	Ala	Glu	Lys	Ile	Gly	His
305					310					315					320
His	Leu	Pro	Glu	Thr	Arg	Gly	Leu	Cys	Leu	Ser	Glu	Glu	Gln	Ile	Val
				325					330					335	
Arg	Thr	Ile	Leu	Arg	Arg	Pro	Ile	Ile	Gly	Pro	Gly	Asn	Arg	Ile	Ile
			340					345					350		
Asp	Met	Ile	Thr	Gly	Pro	Tyr	Lys	Leu	Val	Arg	Arg	Cys	Glu	Val	Thr
		355					360					365			

Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Ser Ile  
370 375 380

Leu Ala His Glu Met Met His Ala Tyr Leu Arg Leu Lys Gly Tyr Arg  
385 390 395 400

Thr Leu Ser Pro Glu Val Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Leu Ala His  
405 410 415

Leu Trp Leu Glu Ser Glu Ile Thr Ser Gly Ser Gly Ser Met Ala Thr  
420 425 430

Thr Ser Ala Ala Ser Ser Ser Ser Ser Thr Ser Ser Ser Ser Lys Lys  
435 440 445

Gly Ala Lys Thr Glu Phe Glu Lys Arg Leu Gly Glu Phe Phe Lys His  
450 455 460

Gln Ile Glu Thr Asp Pro Ser Val Ala Tyr Gly Asp Gly Phe Arg Ala  
465 470 475 480

Gly Met Arg Ala Val Glu Arg Tyr Gly Leu Arg Ser Thr Leu Asp His  
485 490 495

Ile Lys Leu Thr Gly Ser Phe Pro  
500

<210> 42  
<211> 487  
<212> PRT  
<213> Brachypodium distachyon

<400> 42

Met Gly Trp Leu Asn Lys Ile Phe Lys Gly Ser Val Asn Arg Val Ser  
1 5 10 15

Arg Gly Asn Tyr Asp Gly Asn Trp His Asp Gly Asn Ser Ser Glu Asn  
20 25 30

Ile Arg Gly Ala Tyr Asp Glu Ser Asp Asn Glu Asp Ile Asp Arg Ala  
35 40 45

Ile Ala Leu Ser Leu Ala Glu Glu Asp Pro Asn Lys Gly Lys Ala Ile  
50 55 60

Ile Asp Pro Asp Tyr Ser Leu Glu Glu Asp Glu Gln Leu Ala Arg Ala  
65 70 75 80

Leu His Glu Ser Leu Asn Thr Gly Ser Pro Pro His Gln Asn Val Pro  
85 90 95

Val Val Asp Val Pro Ser Glu Arg Val Pro Thr Arg Glu Pro Pro Pro  
100 105 110

Pro Val Phe Leu Ser Ser Gly Phe Arg Ala Cys Ala Gly Cys Asn Asn  
115 120 125

Pro Ile Gly Asn Gly Arg Phe Leu Ser Cys Met Asp Ser Val Trp His  
130 135 140

Pro Gln Cys Phe Arg Cys Phe Ala Cys Asn Lys Pro Ile Ser Glu Tyr  
145 150 155 160

Glu Phe Ala Met His Glu Asn Gln Pro Tyr His Lys Ser Cys Tyr Lys  
165 170 175

Asp Phe Phe His Pro Lys Cys Asp Val Cys Lys Asp Phe Ile Pro Thr  
180 185 190

Asn Lys Asp Gly Leu Ile Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Met Gln  
195 200 205

Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu Asp Asp Gly Thr Pro Arg Cys Cys Ser  
210 215 220

Cys Glu Arg Met Glu Pro Thr Asp Ile Lys Tyr Ile Arg Leu Asp Asp  
225 230 235 240

Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Thr Ser Ala Thr Met Asp Ser



					245						250						255
Pro	Glu	Cys	Gln	His	Leu	Tyr	Met	Asp	Ile	Gln	Glu	Phe	Phe	Glu	Gly		
			260					265					270				
Leu	Asn	Met	Lys	Val	Glu	Gln	Gln	Val	Pro	Leu	Leu	Leu	Val	Glu	Arg		
		275					280					285					
Gln	Ala	Leu	Asn	Glu	Ala	Leu	Glu	Ala	Glu	Lys	Ser	Gly	His	His	Leu		
	290					295					300						
Pro	Glu	Thr	Arg	Gly	Leu	Cys	Leu	Ser	Glu	Glu	Gln	Ile	Val	Arg	Thr		
305					310					315					320		
Ile	Leu	Arg	Arg	Pro	Thr	Ile	Gly	Pro	Gly	Asn	Arg	Ile	Ile	Asp	Met		
				325					330					335			
Ile	Thr	Gly	Pro	Tyr	Lys	Leu	Val	Arg	Arg	Cys	Glu	Val	Thr	Ala	Ile		
			340					345					350				
Leu	Ile	Leu	Tyr	Gly	Leu	Pro	Arg	Leu	Gln	Thr	Gly	Ser	Ile	Leu	Ala		
		355					360					365					
His	Glu	Met	Met	His	Ala	Tyr	Leu	Arg	Leu	Lys	Gly	Tyr	Arg	Ser	Leu		
	370					375					380						
Ser	Pro	Gln	Val	Glu	Glu	Gly	Ile	Cys	Gln	Val	Leu	Ser	His	Met	Trp		
385					390					395					400		
Leu	Glu	Ser	Glu	Ile	Ile	Ala	Gly	Ala	Ser	Gly	Asn	Thr	Ala	Ser	Thr		
				405					410					415			
Ser	Val	Pro	Ser	Ser	Ser	Ser	Ala	Pro	Thr	Ser	Ser	Lys	Lys	Gly	Ala		
			420					425					430				
Lys	Thr	Glu	Phe	Glu	Lys	Arg	Leu	Gly	Ala	Phe	Ile	Lys	Asn	Gln	Ile		
		435					440					445					
Glu	Thr	Asp	Ser	Ser	Val	Glu	Tyr	Gly	Asp	Gly	Phe	Arg	Ala	Gly	Asn		
	450					455					460						

Arg Ala Val Glu Arg Tyr Gly Leu Arg Ser Thr Leu Asp His Met Lys  
465 470 475 480

Ile Thr Gly Ser Phe Pro Tyr  
485

<210> 43  
<211> 514  
<212> PRT  
<213> Brassica rapa

<400> 43

Met Gly Trp Leu Asn Lys Ile Phe Lys Gly Ser Asn Gln Arg His Pro  
1 5 10 15

Leu Gly Asn Glu His Tyr His His Asn Gly Gly Tyr Tyr Glu Asn Tyr  
20 25 30

Pro His Glu His Ser Glu Pro Ser Ala Glu Thr Asp Ala Asp His Thr  
35 40 45

Gln Glu Pro Ser Thr Ser Glu Glu Glu Thr Trp Asn Gly Lys Glu Asn  
50 55 60

Glu Glu Val Asp Arg Val Ile Ala Leu Ser Ile Leu Glu Glu Glu Asn  
65 70 75 80

Gln Arg Pro Glu Thr Asn Thr Gly Ala Trp Lys His Ala Met Met Asp  
85 90 95

Asp Asp Glu Gln Leu Ala Arg Ala Ile Gln Glu Ser Met Ile Ala Arg  
100 105 110

Asn Gly Thr Thr Tyr Asp Phe Gly Asn Ala Tyr Gly Asn Gly His Met  
115 120 125

His Gly Gly Gly Asn Val Tyr Asp Asn Gly Asp Ile Tyr Tyr Pro Arg  
130 135 140

Pro Ile Ala Phe Ser Met Asp Phe Arg Ile Cys Ala Gly Cys Asn Met  
145 150 155 160

Glu Ile Gly His Gly Arg Tyr Leu Asn Cys Leu Asn Ala Leu Trp His  
165 170 175

Pro Gln Cys Phe Arg Cys Tyr Gly Cys Ser His Pro Ile Ser Glu Tyr  
180 185 190

Glu Phe Ser Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Phe His Lys Ala Cys Tyr Arg  
195 200 205

Glu Arg Phe His Pro Lys Cys Asp Val Cys Ser Leu Phe Ile Ser Thr  
210 215 220

Asn His Ala Gly Leu Ile Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Val Gln  
225 230 235 240

Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu His Asp Ala Thr Pro Arg Cys Cys Ser  
245 250 255

Cys Glu Arg Met Glu Pro Arg Asn Thr Gly Tyr Phe Glu Leu Asn Asp  
260 265 270

Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ser Val Met Asp Thr  
275 280 285

Phe Gln Cys Gln Pro Leu Tyr Leu Gln Ile Gln Glu Phe Tyr Glu Gly  
290 295 300

Leu Asn Met Thr Val Glu Gln Glu Val Pro Leu Leu Leu Val Glu Arg  
305 310 315 320

Gln Ala Leu Asn Glu Ala Arg Glu Gly Glu Arg Asn Gly His Tyr His  
325 330 335

Met Pro Glu Thr Arg Gly Leu Cys Leu Ser Glu Glu Gln Thr Val Arg  
340 345 350

Thr Val Arg Lys Arg Ser Lys Gly Asn Trp Ser Gly Asn Met Ile Thr

	355		360		365												
Glu	Gln	Phe	Lys	Leu	Thr	Arg	Arg	Cys	Glu	Val	Thr	Ala	Ile	Leu	Ile		
	370					375					380						
Leu	Phe	Gly	Leu	Pro	Arg	Leu	Leu	Thr	Gly	Ser	Ile	Leu	Ala	His	Glu		
385					390					395					400		
Met	Met	His	Ala	Trp	Met	Arg	Leu	Lys	Gly	Phe	Arg	Pro	Leu	Ser	Gln		
				405					410					415			
Asp	Val	Glu	Glu	Gly	Ile	Cys	Gln	Val	Met	Ala	His	Lys	Trp	Leu	Glu		
			420					425					430				
Ala	Glu	Leu	Ala	Ala	Gly	Ser	Arg	Asn	Ser	Asn	Ala	Ala	Ser	Ser	Ser		
		435					440					445					
Ser	Ser	Ser	Tyr	Gly	Gly	Val	Lys	Lys	Gly	Pro	Arg	Ser	Gln	Tyr	Glu		
	450					455					460						
Arg	Lys	Leu	Gly	Glu	Phe	Phe	Lys	His	Gln	Ile	Glu	Ser	Asp	Ala	Ser		
465					470					475					480		
Pro	Val	Tyr	Gly	Asp	Gly	Phe	Arg	Ala	Gly	Arg	Leu	Ala	Val	Asn	Lys		
				485					490					495			
Tyr	Gly	Leu	Trp	Arg	Thr	Leu	Glu	His	Ile	Gln	Met	Thr	Gly	Arg	Phe		
			500					505					510				

Pro Val

<210> 44  
 <211> 532  
 <212> PRT  
 <213> Brassica rapa

<400> 44

Met	Gly	Trp	Phe	Asn	Lys	Ile	Phe	Lys	Gly	Ser	Thr	Gln	Arg	Phe	Arg
1				5					10					15	

Leu Gly Asn Asp His Asp His Asn Gly Tyr Tyr Gln Ser Tyr Pro His  
20 25 30

Asp Glu Pro Ser Ala Asp Thr Asp Pro Asp Pro Asp Pro Asp Pro Asp  
35 40 45

Glu Thr His Thr Gln Glu Pro Ser Thr Ser Glu Glu Asp Thr Ser Gly  
50 55 60

Gln Glu Asn Glu Asp Ile Asp Arg Ala Ile Ala Leu Ser Leu Ile Glu  
65 70 75 80

Asn Ser Gln Gly Gln Thr Asn Asn Thr Cys Ala Ala Asn Ala Gly Lys  
85 90 95

Tyr Ala Met Val Asp Glu Asp Glu Gln Leu Ala Arg Ala Ile Gln Glu  
100 105 110

Ser Met Val Val Gly Asn Thr Pro Arg Gln Lys His Gly Ser Ser Tyr  
115 120 125

Asp Ile Gly Asn Ala Tyr Gly Ala Gly Asp Val Tyr Gly Asn Gly His  
130 135 140

Met His Gly Gly Gly Asn Val Tyr Ala Asn Gly Asp Ile Tyr Tyr Pro  
145 150 155 160

Arg Pro Thr Ala Phe Pro Met Asp Phe Arg Ile Cys Ala Gly Cys Asn  
165 170 175

Met Glu Ile Gly His Gly Arg Tyr Leu Asn Cys Leu Asn Ala Leu Trp  
180 185 190

His Pro Glu Cys Phe Arg Cys Tyr Gly Cys Arg His Pro Ile Ser Glu  
195 200 205

Tyr Glu Phe Ser Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Phe His Lys Ala Cys Tyr  
210 215 220

Arg Glu Arg Tyr His Pro Lys Cys Asp Val Cys Ser Leu Phe Ile Pro  
225 230 235 240

Thr Asn His Ala Gly Leu Ile Gly Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Val  
245 250 255

Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu His Asp Ala Thr Pro Arg Cys Cys  
260 265 270

Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro Arg Asn Thr Gly Tyr Val Glu Leu Asn  
275 280 285

Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ala Val Met Asp  
290 295 300

Thr Phe Gln Cys Gln Pro Leu Tyr Leu Gln Ile Gln Glu Phe Tyr Glu  
305 310 315 320

Gly Leu Phe Met Lys Val Glu Gln Asp Val Pro Leu Leu Leu Val Glu  
325 330 335

Arg Gln Ala Leu Asn Glu Ala Arg Glu Gly Glu Lys Asn Gly His Tyr  
340 345 350

His Met Pro Glu Thr Arg Gly Leu Cys Leu Ser Glu Glu Gln Thr Val  
355 360 365

Ser Thr Val Arg Lys Arg Ser Lys His Gly Thr Gly Asn Trp Ala Gly  
370 375 380

Asn Met Ile Thr Glu Pro Tyr Lys Leu Thr Arg Gln Cys Glu Val Thr  
385 390 395 400

Ala Ile Leu Ile Leu Phe Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Ser Ile  
405 410 415

Leu Ala His Glu Met Met His Ala Trp Met Arg Leu Lys Gly Phe Arg  
420 425 430

Thr Leu Ser Gln Asp Val Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Met Ala His

```

435                                440                                445

Lys Trp Leu Glu Ala Glu Leu Ala Ala Gly Ser Arg Asn Ser Asn Val
450                                455                                460

Ala Ser Ser Ser Ser Ser Arg Gly Val Lys Lys Gly Pro Arg Ser Gln
465                                470                                475                                480

Tyr Glu Arg Lys Leu Gly Glu Phe Phe Lys His Gln Ile Glu Ser Asp
485                                490                                495

Ala Ser Pro Val Tyr Gly Asp Gly Phe Arg Ala Gly Arg Leu Ala Val
500                                505                                510

Asn Lys Tyr Gly Leu Pro Lys Thr Leu Glu His Ile Gln Met Thr Gly
515                                520                                525

Arg Phe Pro Val
530

<210> 45
<211> 532
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 45

Met Gly Trp Phe Asn Lys Ile Phe Lys Gly Ser Asn Gln Arg Leu Arg
1                                5                                10                                15

Val Gly Asn Asn Lys His Asn His Asn Val Tyr Tyr Asp Asn Tyr Pro
20                                25                                30

Thr Ala Ser His Asp Asp Glu Pro Ser Ala Ala Asp Thr Asp Ala Asp
35                                40                                45

Asn Asp Glu Pro His His Thr Gln Glu Pro Ser Thr Ser Glu Asp Asn
50                                55                                60

Thr Ser Asn Asp Gln Glu Asn Glu Asp Ile Asp Arg Ala Ile Ala Leu
65                                70                                75                                80

```

Ser Leu Leu Glu Glu Asn Gln Glu Gln Thr Ser Ile Ser Gly Lys Tyr  
85 90 95

Ser Met Pro Val Asp Glu Asp Glu Gln Leu Ala Arg Ala Leu Gln Glu  
100 105 110

Ser Met Val Val Gly Asn Ser Pro Arg His Lys Ser Gly Ser Thr Tyr  
115 120 125

Asp Asn Gly Asn Ala Tyr Gly Ala Gly Asp Leu Tyr Gly Asn Gly His  
130 135 140

Met Tyr Gly Gly Gly Asn Val Tyr Ala Asn Gly Asp Ile Tyr Tyr Pro  
145 150 155 160

Arg Pro Ile Thr Phe Gln Met Asp Phe Arg Ile Cys Ala Gly Cys Asn  
165 170 175

Met Glu Ile Gly His Gly Arg Phe Leu Asn Cys Leu Asn Ser Leu Trp  
180 185 190

His Pro Glu Cys Phe Arg Cys Tyr Gly Cys Ser Gln Pro Ile Ser Glu  
195 200 205

Tyr Glu Phe Ser Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Phe His Lys Ala Cys Tyr  
210 215 220

Arg Glu Arg Tyr His Pro Lys Cys Asp Val Cys Ser His Phe Ile Pro  
225 230 235 240

Thr Asn His Ala Gly Leu Ile Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Val  
245 250 255

Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu His Asp Ala Thr Pro Arg Cys Cys  
260 265 270

Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro Arg Asn Thr Arg Tyr Val Glu Leu Asn  
275 280 285



Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ala Val Met Asp  
290 295 300

Thr Met Gln Cys Gln Pro Leu Tyr Leu Gln Ile Gln Asn Phe Tyr Glu  
305 310 315 320

Gly Leu Asn Met Lys Val Glu Gln Glu Val Pro Leu Leu Leu Val Glu  
325 330 335

Arg Gln Ala Leu Asn Glu Ala Arg Glu Gly Glu Lys Asn Gly His Tyr  
340 345 350

His Met Pro Glu Thr Arg Gly Leu Cys Leu Ser Glu Glu Gln Thr Val  
355 360 365

Ser Thr Val Arg Lys Arg Ser Lys His Gly Thr Gly Lys Trp Ala Gly  
370 375 380

Asn Ile Thr Glu Pro Tyr Lys Leu Thr Arg Gln Cys Glu Val Thr Ala  
385 390 395 400

Ile Leu Ile Leu Phe Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Ser Ile Leu  
405 410 415

Ala His Glu Met Met His Ala Trp Met Arg Leu Lys Gly Phe Arg Thr  
420 425 430

Leu Ser Gln Asp Val Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Met Ala His Lys  
435 440 445

Trp Leu Asp Ala Glu Leu Ala Ala Gly Ser Thr Asn Ser Asn Ala Ala  
450 455 460

Ser Ser Ser Ser Ser Ser Gln Gly Leu Lys Lys Gly Pro Arg Ser Gln  
465 470 475 480

Tyr Glu Arg Lys Leu Gly Glu Phe Phe Lys His Gln Ile Glu Ser Asp  
485 490 495

Ala Ser Pro Val Tyr Gly Asp Gly Phe Arg Ala Gly Arg Leu Ala Val

	500		505		510														
His	Lys	Tyr	Gly	Leu	Arg	Lys	Thr	Leu	Glu	His	Ile	Gln	Met	Thr	Gly				
		515					520					525							
Arg	Phe	Pro	Val																
			530																
<210>	46																		
<211>	478																		
<212>	PRT																		
<213>	Theobroma cacao																		
<400>	46																		
Met	Asp	Trp	Ile	Lys	Lys	Ile	Phe	Lys	Gly	Cys	Ala	His	Lys	Phe	Ser				
1				5					10					15					
Glu	Gly	His	His	His	Gly	Asn	Tyr	Val	Glu	Asp	Pro	His	Pro	Gln	Phe				
			20					25					30						
Asn	Ala	Pro	Ser	Val	Ser	Gly	Asp	Ala	Trp	Gln	Glu	Leu	Glu	Asn	Glu				
		35					40					45							
Asp	Val	Asp	Arg	Ala	Ile	Ala	Leu	Ser	Leu	Leu	Gly	Glu	Ser	Gln	Lys				
	50					55					60								
Gly	Arg	Lys	Val	Ile	Asp	Asp	Glu	Tyr	Gln	Leu	Glu	Glu	Asp	Glu	Gln				
65					70					75					80				
Leu	Ala	Arg	Ala	Leu	Gln	Glu	Ser	Leu	Asn	Phe	Glu	Pro	Pro	Pro	Gln				
				85					90					95					
Tyr	Glu	Asn	Ala	Asn	Met	Tyr	Gln	Pro	Met	Pro	Val	His	Phe	Pro	Met				
			100					105					110						
Gly	Tyr	Arg	Ile	Cys	Ala	Gly	Cys	Asn	Thr	Glu	Ile	Gly	His	Gly	Arg				
		115					120					125							
Phe	Leu	Asn	Cys	Leu	Asn	Ala	Phe	Trp	His	Pro	Glu	Cys	Phe	Arg	Cys				
	130					135					140								

His Ala Cys Asn Leu Pro Ile Ser Asp Tyr Glu Phe Ser Met Ser Gly  
145 150 155 160

Asn Tyr Arg Phe His Lys Ser Cys Tyr Lys Glu Arg Tyr His Pro Lys  
165 170 175

Cys Asp Val Cys Asn Asp Phe Ile Pro Thr Asn Pro Ala Gly Leu Ile  
180 185 190

Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Ile Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His  
195 200 205

Glu His Asp Ser Thr Pro Arg Cys Cys Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro  
210 215 220

Gln Asp Thr Gly Tyr Val Ala Leu Asn Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu  
225 230 235 240

Glu Cys Leu Asp Ser Ala Val Met Asp Thr Lys Gln Cys Gln Pro Leu  
245 250 255

Tyr Leu Asp Ile Leu Glu Phe Tyr Glu Gly Leu Asn Met Lys Val Glu  
260 265 270

Gln Gln Val Pro Leu Leu Leu Val Glu Arg Gln Ala Leu Asn Glu Ala  
275 280 285

Arg Glu Gly Glu Lys Asn Gly His Tyr His Met Pro Glu Thr Arg Gly  
290 295 300

Leu Cys Leu Ser Glu Glu Gln Thr Val Ser Thr Ile Leu Arg Gln Pro  
305 310 315 320

Arg Phe Gly Thr Gly Asn Arg Ala Met Asp Met Ile Thr Glu Pro Cys  
325 330 335

Lys Leu Thr Arg Arg Cys Glu Val Thr Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly  
340 345 350

Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Ser Ile Leu Ala His Glu Met Met His  
355 360 365

Ala Trp Met Arg Leu Gln Gly Phe Arg Thr Leu Ser Gln Asp Val Glu  
370 375 380

Glu Gly Ile Cys Gln Val Leu Ala His Met Trp Leu Leu Thr Gln Leu  
385 390 395 400

Glu Tyr Ala Ser Ser Ser Asn Val Ala Ser Ala Ser Ser Ser Ala Ser  
405 410 415

Ser Arg Leu Gln Lys Gly Lys Arg Pro Gln Phe Glu Gly Lys Leu Gly  
420 425 430

Glu Phe Phe Lys His Gln Ile Glu Ser Asp Thr Ser Pro Val Tyr Gly  
435 440 445

Asp Gly Phe Arg Ala Gly His Gln Ala Val Tyr Lys Tyr Gly Leu Arg  
450 455 460

Arg Thr Leu Glu His Ile Arg Met Thr Gly Arg Phe Pro Tyr  
465 470 475

<210> 47  
<211> 474  
<212> PRT  
<213> Glycine max

<400> 47

Met Gly Trp Leu Ser Arg Ile Phe Lys Gly Ser Asp His Asn Lys Leu  
1 5 10 15

Ser Glu Gly His Tyr Tyr Lys Glu Asp Ala Gly Tyr Tyr Leu Pro Ser  
20 25 30

Thr Ser Gly Val Thr Asn Asn Gln Asn Glu Asn Glu Asp Ile Asp Arg  
35 40 45

Ala Ile Ala Leu Ser Leu Val Glu Glu Ser Arg Arg Ala Asn Asn Asn  
50 55 60

Val Asn Gly Glu Arg Ile Leu Ser Leu Gln Thr Leu Leu Glu Glu Asp  
65 70 75 80

Glu Gln Leu Ala Arg Ala Ile Glu Gln Ser Leu Asn Leu Glu Ser Pro  
85 90 95

Pro Arg Tyr Gly Asn Glu Asn Met Tyr Gln Pro Pro Ile Gln Tyr Phe  
100 105 110

Pro Leu Gly Ile Cys Ala Gly Cys Tyr Thr Glu Ile Gly Phe Gly Arg  
115 120 125

Tyr Leu Asn Cys Leu Asn Ala Phe Trp His Pro Glu Cys Phe Arg Cys  
130 135 140

Arg Ala Cys Asn Leu Pro Ile Ser Asp Tyr Glu Phe Ser Thr Ser Gly  
145 150 155 160

Asn Tyr Pro Tyr His Lys Ser Cys Tyr Lys Glu Ser Tyr His Pro Lys  
165 170 175

Cys Asp Val Cys Lys His Phe Ile Pro Thr Asn Pro Ala Gly Leu Ile  
180 185 190

Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Ile Gln Lys Tyr Cys Pro Thr His  
195 200 205

Glu His Asp Gly Thr Pro Arg Cys Cys Ser Cys Glu Arg Met Glu Ser  
210 215 220

Gln Glu Ala Gly Tyr Ile Ala Leu Lys Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu  
225 230 235 240

Glu Cys Leu Asp Ser Ser Ile Met Asp Thr Asn Glu Cys Gln Pro Leu  
245 250 255

His Ala Asp Ile Gln Arg Phe Tyr Asp Ser Leu Asn Met Lys Leu Asp  
260 265 270

Gln Gln Ile Pro Leu Leu Leu Val Glu Arg Gln Ala Leu Asn Glu Ala  
275 280 285

Arg Glu Gly Glu Lys Asn Gly His Tyr His Met Pro Glu Thr Arg Gly  
290 295 300

Leu Cys Leu Ser Glu Glu Leu Ser Thr Phe Ser Arg Arg Pro Arg Leu  
305 310 315 320

Gly Thr Ala Met Asp Met Arg Ala Gln Pro Tyr Arg Pro Thr Thr Arg  
325 330 335

Cys Asp Val Thr Ala Ile Leu Val Leu Tyr Gly Leu Pro Arg Leu Leu  
340 345 350

Thr Gly Ser Ile Leu Ala His Glu Met Met His Ala Trp Leu Arg Leu  
355 360 365

Lys Gly Tyr Arg Thr Leu Ser Gln Asp Val Glu Glu Gly Ile Cys Gln  
370 375 380

Val Leu Ala His Met Trp Leu Glu Ser Glu Leu Ser Ser Ala Ser Gly  
385 390 395 400

Ser Asn Phe Val Ser Ala Ser Ser Ser Ser Ala Ser His Thr Ser Arg  
405 410 415

Lys Gly Lys Arg Pro Gln Phe Glu Arg Lys Leu Gly Glu Phe Phe Lys  
420 425 430

His Gln Ile Glu Ser Asp Ile Ser Pro Val Tyr Gly Asp Gly Phe Arg  
435 440 445

Ala Gly Gln Lys Ala Val Arg Lys Tyr Gly Leu Gln Arg Thr Leu His  
450 455 460

His Ile Arg Met Thr Gly Thr Phe Pro Tyr  
465 470

<210> 48  
 <211> 478  
 <212> PRT  
 <213> Glycine max

<400> 48

Met Gly Trp Leu Ser Arg Ile Phe Lys Gly Ser Asp His Asn Lys Leu  
 1 5 10 15

Ser Glu Gly His Tyr Tyr Lys Glu Asp Ala Gly Tyr Tyr Leu Pro Ser  
 20 25 30

Thr Ser Gly Val Thr Asn Asp Ala Trp Asn Gln Ser Gln Asn Gln Asn  
 35 40 45

Glu Asn Glu Asp Ile Asp Arg Ala Ile Ala Leu Ser Leu Val Glu Glu  
 50 55 60

Thr Gln Lys Ala Asn Asn Asn Val Asn Asp Tyr Arg Ser Gln Leu Glu  
 65 70 75 80

Glu Asp Glu Gln Leu Ala Arg Ala Ile Glu Gln Ser Leu Asn Leu Glu  
 85 90 95

Ser Pro Pro Arg Tyr Gly Asn Glu Asn Met Tyr Gln Pro Pro Ile Gln  
 100 105 110

Tyr Phe Pro Met Gly Ser Arg Ile Cys Ala Gly Cys Tyr Thr Glu Ile  
 115 120 125

Gly Tyr Gly Arg Tyr Leu Asn Cys Leu Asn Ala Phe Trp His Pro Glu  
 130 135 140

Cys Phe Arg Cys Arg Ala Cys Asn Leu Pro Ile Ser Asp Tyr Glu Phe  
 145 150 155 160

Ser Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Tyr His Lys Ser Cys Tyr Lys Glu Ser  
 165 170 175

Tyr His Pro Lys Cys Asp Val Cys Lys His Phe Ile Pro Thr Asn Pro  
 180 185 190

Ala Gly Leu Ile Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Ile Gln Lys Tyr  
195 200 205

Cys Pro Thr His Glu His Asp Gly Thr Thr Arg Cys Cys Ser Cys Glu  
210 215 220

Arg Met Glu Ser Gln Glu Ala Gly Tyr Ile Ala Leu Lys Asp Gly Arg  
225 230 235 240

Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ala Ile Met Asp Thr Asn Glu  
245 250 255

Cys Gln Pro Leu His Ala Asp Ile Gln Arg Phe Tyr Glu Ser Leu Asn  
260 265 270

Met Lys Leu Asp Gln Gln Ile Pro Leu Leu Leu Val Glu Arg Gln Ala  
275 280 285

Leu Asn Glu Ala Arg Glu Gly Glu Lys Asn Gly His Tyr His Met Pro  
290 295 300

Glu Thr Arg Gly Leu Cys Leu Ser Glu Glu Leu Ser Thr Phe Ser Arg  
305 310 315 320

Arg Pro Arg Leu Gly Thr Thr Met Asp Met Arg Ala Gln Pro Tyr Arg  
325 330 335

Pro Thr Thr Arg Cys Asp Val Thr Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly Leu  
340 345 350

Pro Arg Leu Leu Thr Gly Ser Ile Leu Ala His Glu Met Met His Ala  
355 360 365

Trp Leu Arg Leu Lys Gly Tyr Arg Thr Leu Ser Gln Asp Val Glu Glu  
370 375 380

Gly Ile Cys Gln Val Leu Ser His Met Trp Leu Glu Ser Glu Leu Ser  
385 390 395 400



Ser Ala Ser Gly Ser Asn Phe Val Ser Ala Ser Ser Ser Ser Ala Ser  
405 410 415

His Thr Ser Arg Lys Gly Lys Arg Pro Gln Phe Glu Arg Lys Leu Gly  
420 425 430

Glu Phe Phe Lys His Gln Ile Glu Ser Asp Ile Ser Pro Val Tyr Gly  
435 440 445

Gly Gly Phe Arg Ala Gly Gln Lys Ala Val Ser Lys Tyr Gly Leu Gln  
450 455 460

Arg Thr Leu His His Ile Arg Met Thr Gly Thr Phe Pro Tyr  
465 470 475

<210> 49  
<211> 462  
<212> PRT  
<213> Vitis vinifera

<400> 49

Met Gly Trp Leu Asn Lys Ile Phe Lys Gly Ser Ser His Lys Ile Ser  
1 5 10 15

Glu Gly Asn Tyr His Gly Arg Tyr Gln Gly Asp Thr Val Gln Asn Glu  
20 25 30

Pro Ser Cys Ser Gly Asp Val Trp Ala Glu Thr Glu Asn Glu Asp Ile  
35 40 45

Asp Arg Ala Ile Ala Leu Ser Leu Ser Glu Glu Glu Gln Lys Gly Lys  
50 55 60

Lys Val Ile Asp Asn Glu Phe Gln Leu Glu Glu Asp Glu Gln Leu Ala  
65 70 75 80

Arg Ala Ile Gln Glu Ser Leu Asn Ile Glu Ser Pro Pro Gln His Gly  
85 90 95

Asn Gly Asn Gly Asn Gly Asn Ile Tyr Gln Pro Ile Pro Phe Pro Tyr

100	105	110																	
Ser	Thr	Gly	Phe	Arg	Ile	Cys	Ala	Gly	Cys	Asn	Thr	Glu	Ile	Gly	His				
		115					120					125							
Gly	Arg	Phe	Leu	Ser	Cys	Met	Gly	Ala	Val	Trp	His	Pro	Glu	Cys	Phe				
	130					135					140								
Arg	Cys	His	Gly	Cys	Gly	Tyr	Pro	Ile	Ser	Asp	Tyr	Glu	Tyr	Ser	Met				
145					150					155					160				
Asn	Gly	Asn	Tyr	Pro	Tyr	His	Lys	Ser	Cys	Tyr	Lys	Glu	His	Tyr	His				
				165					170					175					
Pro	Lys	Cys	Asp	Val	Cys	Lys	His	Phe	Ile	Pro	Thr	Asn	Pro	Ala	Gly				
			180					185					190						
Leu	Ile	Glu	Tyr	Arg	Ala	His	Pro	Phe	Trp	Val	Gln	Lys	Tyr	Cys	Pro				
		195					200					205							
Ser	His	Glu	His	Asp	Arg	Thr	Pro	Arg	Cys	Cys	Ser	Cys	Glu	Arg	Met				
	210					215					220								
Glu	Pro	Arg	Asp	Thr	Arg	Tyr	Val	Ala	Leu	Asn	Asp	Gly	Arg	Lys	Leu				
225					230					235					240				
Cys	Leu	Glu	Cys	Leu	Asp	Ser	Ala	Ile	Met	Asp	Thr	Asn	Glu	Cys	Gln				
				245					250					255					
Pro	Leu	Tyr	Leu	Asp	Ile	Gln	Glu	Phe	Tyr	Glu	Gly	Leu	Asn	Met	Lys				
			260					265					270						
Val	Gln	Gln	Gln	Val	Pro	Leu	Leu	Leu	Val	Glu	Arg	Gln	Ala	Leu	Asn				
		275					280					285							
Glu	Ala	Met	Glu	Gly	Glu	Lys	Ser	Gly	His	His	His	Met	Pro	Glu	Thr				
	290					295					300								
Arg	Gly	Leu	Cys	Leu	Ser	Glu	Glu	Gln	Thr	Val	Ser	Thr	Ile	Leu	Arg				
305					310					315					320				

Arg Pro Lys Ile Gly Thr Gly Asn Arg Val Met Asn Met Ile Thr Glu  
325 330 335

Pro Cys Lys Leu Thr Arg Arg Cys Asp Val Thr Ala Val Leu Ile Leu  
340 345 350

Tyr Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Ser Ile Leu Ala His Glu Met  
355 360 365

Met His Ala Trp Leu Arg Leu Asn Gly Tyr Arg Thr Leu Ala Gln Asp  
370 375 380

Val Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Leu Ala Tyr Met Trp Leu Asp Ala  
385 390 395 400

Glu Leu Thr Ser Gly Ser Gly Arg Ser Gln Cys Glu Arg Lys Leu Gly  
405 410 415

Gln Phe Phe Lys His Gln Ile Glu Ser Asp Thr Ser Leu Val Tyr Gly  
420 425 430

Ala Gly Phe Arg Ala Gly His Gln Ala Val Leu Lys Tyr Gly Leu Pro  
435 440 445

Ala Thr Leu Lys His Ile His Leu Thr Gly Asn Phe Pro Tyr  
450 455 460

<210> 50  
<211> 482  
<212> PRT  
<213> Vitis vinifera

<400> 50

Met Gly Trp Leu Asn Lys Ile Phe Lys Gly Ser Ser His Lys Ile Ser  
1 5 10 15

Glu Gly Asn Tyr His Gly Arg Tyr Gln Gly Asp Thr Val Gln Asn Glu  
20 25 30

Pro Ser Cys Ser Gly Asp Val Trp Ala Glu Thr Glu Asn Glu Asp Ile  
35 40 45

Asp Arg Ala Ile Ala Leu Ser Leu Ser Glu Glu Glu Gln Lys Gly Lys  
50 55 60

Lys Val Ile Asp Glu Leu Asp Asn Glu Phe Gln Leu Glu Glu Asp Glu  
65 70 75 80

Gln Leu Ala Arg Ala Ile Gln Glu Ser Leu Asn Ile Glu Ser Pro Pro  
85 90 95

Gln His Gly Asn Gly Asn Gly Asn Gly Asn Ile Tyr Gln Pro Ile Pro  
100 105 110

Phe Pro Tyr Ser Thr Gly Phe Arg Ile Cys Ala Gly Cys Asn Thr Glu  
115 120 125

Ile Gly His Gly Arg Phe Leu Ser Cys Met Gly Ala Val Trp His Pro  
130 135 140

Glu Cys Phe Arg Cys His Gly Cys Gly Tyr Pro Ile Ser Asp Tyr Glu  
145 150 155 160

Tyr Ser Met Asn Gly Asn Tyr Pro Tyr His Lys Ser Cys Tyr Lys Glu  
165 170 175

His Tyr His Pro Lys Cys Asp Val Cys Lys His Phe Ile Pro Thr Asn  
180 185 190

Pro Ala Gly Leu Ile Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Val Gln Lys  
195 200 205

Tyr Cys Pro Ser His Glu His Asp Arg Thr Pro Arg Cys Cys Ser Cys  
210 215 220

Glu Arg Met Glu Pro Arg Asp Thr Arg Tyr Val Ala Leu Asn Asp Gly  
225 230 235 240

Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ala Ile Met Asp Thr Asn

				245				250				255			
Glu	Cys	Gln	Pro	Leu	Tyr	Leu	Asp	Ile	Gln	Glu	Phe	Tyr	Glu	Gly	Leu
			260				265						270		
Asn	Met	Lys	Val	Gln	Gln	Gln	Val	Pro	Leu	Leu	Leu	Val	Glu	Arg	Gln
		275				280						285			
Ala	Leu	Asn	Glu	Ala	Met	Glu	Gly	Glu	Lys	Ser	Gly	His	His	His	Met
290					295						300				
Pro	Glu	Thr	Arg	Gly	Leu	Cys	Leu	Ser	Glu	Glu	Gln	Thr	Val	Ser	Thr
305				310						315			320		
Ile	Leu	Arg	Arg	Pro	Lys	Ile	Gly	Thr	Gly	Asn	Arg	Val	Met	Asn	Met
			325						330			335			
Ile	Thr	Glu	Pro	Cys	Lys	Leu	Thr	Arg	Arg	Cys	Asp	Val	Thr	Ala	Val
			340						345			350			
Leu	Ile	Leu	Tyr	Gly	Leu	Pro	Arg	Leu	Leu	Thr	Gly	Ser	Ile	Leu	Ala
		355						360			365				
His	Glu	Met	Met	His	Ala	Trp	Leu	Arg	Leu	Asn	Gly	Tyr	Arg	Thr	Leu
370					375						380				
Ala	Gln	Asp	Val	Glu	Glu	Gly	Ile	Cys	Gln	Val	Leu	Ala	Tyr	Met	Trp
385				390						395			400		
Leu	Asp	Ala	Glu	Leu	Thr	Ser	Gly	Ser	Gly	Ser	Asn	Val	Pro	Ser	Thr
			405						410			415			
Ser	Ser	Ala	Ser	Thr	Ser	Ser	Lys	Lys	Gly	Ala	Gly	Ser	Gln	Cys	Glu
		420						425						430	
Arg	Lys	Leu	Gly	Gln	Phe	Phe	Lys	His	Gln	Ile	Glu	Ser	Asp	Thr	Ser
435								440						445	
Leu	Val	Tyr	Gly	Ala	Gly	Phe	Arg	Ala	Gly	His	Gln	Ala	Val	Leu	Lys
450					455						460				

Tyr Gly Leu Pro Ala Thr Leu Lys His Ile His Leu Thr Gly Asn Phe  
465 470 475 480

Pro Tyr

<210> 51  
<211> 486  
<212> PRT  
<213> Solanum lycopersicum

<400> 51

Met Gly Trp Leu Asn Lys Ile Phe Arg Gly Ser Ser His Lys Ile Ser  
1 5 10 15

Glu Gly Gln Tyr Asp Trp Arg Cys Glu Gly His Thr Glu Glu Asp Asp  
20 25 30

Pro Ser Thr Ala Glu Asp Ser Trp Ser Glu Ile Glu Glu Ile Asp Arg  
35 40 45

Ala Ile Ala Ile Ser Leu Ser Glu Glu Glu Gln Lys Gly Lys Ile Val  
50 55 60

Ile Asp Ser Glu Ser Gln Leu Lys Glu Asp Glu Gln Leu Ala Arg Ala  
65 70 75 80

Leu Gln Glu Ser Leu Asn Val Glu Ser Pro Pro Gln His Val Ser Arg  
85 90 95

Asn Asp His Gly Gly Gly Asn Val Tyr Gly Asn Gly Asn Phe Tyr His  
100 105 110

Pro Val Pro Phe Pro Tyr Ser Ala Ser Phe Arg Val Cys Ala Gly Cys  
115 120 125

Ser Thr Glu Ile Gly His Gly Arg Phe Leu Ser Cys Met Gly Ala Val  
130 135 140

Trp His Pro Glu Cys Phe Arg Cys His Ala Cys Asn Gln Pro Ile Ser  
145 150 155 160

Asp Tyr Glu Phe Ser Met Ser Gly Asn Tyr Pro Tyr His Lys Thr Cys  
165 170 175

Tyr Lys Glu His Tyr His Pro Lys Cys Asp Val Cys Lys His Phe Ile  
180 185 190

Pro Thr Asn Ala Ala Gly Leu Ile Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp  
195 200 205

Ser Gln Lys Tyr Cys Pro Phe His Glu His Asp Gly Thr Pro Arg Cys  
210 215 220

Cys Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro Arg Asp Thr Arg Tyr Ile Ala Leu  
225 230 235 240

Asp Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ala Ile Met  
245 250 255

Asp Thr Ser Gln Cys Gln Pro Leu Tyr Tyr Asp Ile Gln Glu Phe Tyr  
260 265 270

Glu Gly Leu Asn Met Lys Val Glu Gln Lys Val Pro Leu Leu Leu Val  
275 280 285

Glu Arg Gln Ala Leu Asn Glu Ala Met Asp Gly Glu Arg His Gly Tyr  
290 295 300

His His Met Pro Glu Thr Arg Gly Leu Cys Leu Ser Glu Glu Gln Thr  
305 310 315 320

Ile Ser Thr Ile Gln Arg Arg Pro Arg Ile Gly Ala Gly Asn Arg Val  
325 330 335

Met Asp Met Arg Thr Glu Pro Tyr Lys Leu Thr Arg Arg Cys Glu Val  
340 345 350

Thr Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Ser

355                      360                      365  
 Ile Leu Ala His Glu Met Met His Ala Trp Leu Arg Leu Arg Gly Tyr  
 370                      375                      380  
 Arg Thr Leu Ser Gln Asp Val Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Leu Ala  
 385                      390                      395                      400  
 His Met Trp Leu Glu Thr Gln Ile Ala Ser Ile Ser Ser Ser Asn Gly  
 405                      410                      415  
 Gly Ala Ser Thr Ser Ser Gly Met Ser Ser Ser Lys Gln Gly Ile Arg  
 420                      425                      430  
 Ser Pro Phe Glu Arg Lys Leu Gly Asp Phe Phe Lys His Gln Ile Glu  
 435                      440                      445  
 Ser Asp Thr Ser Pro Ile Tyr Gly Asn Gly Phe Arg Ala Gly Asn Gln  
 450                      455                      460  
 Ala Val Leu Lys Tyr Gly Leu Glu Arg Thr Leu Asp His Ile Arg Met  
 465                      470                      475                      480  
 Thr Gly Thr Phe Pro Tyr  
 485

<210> 52  
 <211> 878  
 <212> PRT  
 <213> Oryza sativa

<400> 52

Met Gly Asp Arg Pro Asp Met Gly Ala Gly Val Ala Leu Arg Phe Ser  
 1                      5                      10                      15  
 His Asn Asp Trp Thr Leu Glu Glu Asp Ser Lys Ala Leu His Phe Leu  
 20                      25                      30  
 Gln Pro Asp Leu Val Leu Phe Thr Gly Asp Tyr Gly Asn Glu Asn Val  
 35                      40                      45



Gln Leu Val Lys Ser Ile Ser Asp Leu Gln Leu Pro Lys Ala Ala Ile  
50 55 60

Leu Gly Asn His Asp Cys Trp His Thr Tyr Gln Phe Ser Glu Lys Lys  
65 70 75 80

Val Asp Arg Val Gln Leu Gln Leu Glu Ser Leu Gly Glu Gln His Val  
85 90 95

Gly Tyr Lys Cys Leu Asp Phe Pro Thr Ile Lys Leu Ser Val Val Gly  
100 105 110

Gly Arg Pro Phe Ser Cys Gly Gly Asn Arg Ile Phe Arg Pro Lys Leu  
115 120 125

Leu Ser Lys Trp Tyr Gly Val Asn Asp Met Ala Glu Ser Ala Lys Arg  
130 135 140

Ile Tyr Asp Ala Ala Thr Asn Ala Pro Lys Glu His Ala Val Ile Leu  
145 150 155 160

Leu Ala His Asn Gly Pro Thr Gly Leu Gly Ser Arg Met Glu Asp Ile  
165 170 175

Cys Gly Arg Asp Trp Val Ala Gly Gly Gly Asp His Gly Asp Pro Asp  
180 185 190

Leu Glu Gln Ala Ile Ser Asp Leu Gln Arg Glu Thr Gly Val Ser Ile  
195 200 205

Pro Leu Val Val Phe Gly His Met His Lys Ser Leu Ala Tyr Gly Arg  
210 215 220

Gly Leu Arg Lys Met Ile Ala Phe Gly Ala Asn Arg Thr Ile Tyr Leu  
225 230 235 240

Asn Gly Ala Val Val Pro Arg Val Asn His Ala Gln Ser Ser Arg Gln  
245 250 255

Pro Ala Ile Ser Thr Ser Glu Lys Thr Gly Leu Glu Gly Leu Thr Gly  
260 265 270

Leu Met Val Pro Thr Ser Arg Ala Phe Thr Ile Val Asp Leu Phe Glu  
275 280 285

Gly Ala Val Glu Lys Ile Ser Glu Val Trp Val Thr Val Gly Asp Ala  
290 295 300

Arg Thr Glu Leu Glu Gln Glu Leu Val Leu Tyr Lys Gln Pro His Lys  
305 310 315 320

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

Lys Phe Phe Arg Gly Ser Thr His Lys Ile Ser Glu Gly Gln Tyr His  
340 345 350

Ser Lys Pro Ala Glu Glu Thr Ile Trp Asn Gly Pro Ser Asn Ser Ala  
355 360 365

Val Val Thr Met Val Tyr Pro Leu Glu Ser Thr Phe Gly Gln Leu Asp  
370 375 380

Leu Leu Leu Leu Ala Thr Asp Leu Arg Gln Leu Val Ile Asp Asp Val  
385 390 395 400

Asp Cys Cys Lys Leu Arg Gln Gln Ala Gln Pro Val Leu His Leu Met  
405 410 415

Tyr Ser Gln Leu Gln Leu Leu Gln Thr Ser His Ala His Gln His Gly  
420 425 430

Asp Val Pro Ser Glu Phe Asp Asn Glu Asp Ile Ala Arg Ala Ile Ser  
435 440 445

Leu Ser Leu Leu Glu Glu Glu Gln Arg Lys Ala Lys Ala Ile Glu Lys  
450 455 460

Asp Met His Leu Glu Glu Asp Glu Gln Leu Ala Arg Ala Ile Gln Glu

465					470											475				480
Ser	Leu	Asn	Val	Glu	Ser	Pro	Pro	Arg	Ala	Arg	Glu	Asn	Gly	Asn	Ala					
				485					490					495						
Asn	Gly	Gly	Asn	Met	Tyr	Gln	Pro	Leu	Pro	Phe	Met	Phe	Ser	Ser	Gly					
			500					505					510							
Phe	Arg	Thr	Cys	Ala	Gly	Cys	His	Ser	Glu	Ile	Gly	His	Gly	Arg	Phe					
		515					520					525								
Leu	Ser	Cys	Met	Gly	Ala	Val	Trp	His	Pro	Glu	Cys	Phe	Arg	Cys	His					
	530					535					540									
Ala	Cys	Asn	Gln	Pro	Ile	Tyr	Asp	Tyr	Glu	Phe	Ser	Met	Ser	Gly	Asn					
545					550					555					560					
His	Pro	Tyr	His	Lys	Thr	Cys	Tyr	Lys	Glu	Arg	Phe	His	Pro	Lys	Cys					
				565					570					575						
Asp	Val	Cys	Lys	Gln	Phe	Ile	Pro	Thr	Asn	Met	Asn	Gly	Leu	Ile	Glu					
			580					585					590							
Tyr	Arg	Ala	His	Pro	Phe	Trp	Leu	Gln	Lys	Tyr	Cys	Pro	Ser	His	Glu					
		595					600					605								
Val	Asp	Gly	Thr	Pro	Arg	Cys	Cys	Ser	Cys	Glu	Arg	Met	Glu	Pro	Arg					
	610					615					620									
Glu	Ser	Arg	Tyr	Val	Leu	Leu	Asp	Asp	Gly	Arg	Lys	Leu	Cys	Leu	Glu					
625					630					635					640					
Cys	Leu	Asp	Ser	Ala	Val	Met	Asp	Thr	Ser	Glu	Cys	Gln	Pro	Leu	Tyr					
				645					650					655						
Leu	Glu	Ile	Gln	Glu	Phe	Tyr	Glu	Gly	Leu	Asn	Met	Lys	Val	Glu	Gln					
			660					665					670							
Gln	Val	Pro	Leu	Leu	Leu	Val	Glu	Arg	Gln	Ala	Leu	Asn	Glu	Ala	Met					
		675					680					685								

Glu Gly Glu Lys Thr Gly His His His Leu Pro Glu Thr Arg Gly Leu  
690 695 700

Cys Leu Ser Glu Glu Gln Thr Val Ser Thr Ile Leu Arg Arg Pro Arg  
705 710 715 720

Met Ala Gly Asn Lys Val Met Glu Met Ile Thr Glu Pro Tyr Arg Leu  
725 730 735

Thr Arg Arg Cys Glu Val Thr Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Pro  
740 745 750

Arg Leu Leu Thr Gly Ser Ile Leu Ala His Glu Met Met His Ala Trp  
755 760 765

Leu Arg Leu Lys Gly Tyr Arg Thr Leu Ser Pro Asp Val Glu Glu Gly  
770 775 780

Ile Cys Gln Val Leu Ala His Met Trp Ile Glu Ser Glu Ile Ile Ala  
785 790 795 800

Gly Ser Gly Ser Asn Gly Ala Ser Thr Ser Ser Ser Ser Ala Ser  
805 810 815

Thr Ser Ser Lys Lys Gly Gly Arg Ser Gln Phe Glu Arg Lys Leu Gly  
820 825 830

Asp Phe Phe Lys His Gln Ile Glu Ser Asp Thr Ser Met Ala Tyr Gly  
835 840 845

Asp Gly Phe Arg Ala Gly Asn Arg Ala Val Leu Gln Tyr Gly Leu Lys  
850 855 860

Arg Thr Leu Glu His Ile Arg Leu Thr Gly Thr Phe Pro Phe  
865 870 875

<210> 53  
<211> 486  
<212> PRT

<213> Oryza sativa

<400> 53

Met Gly Trp Leu Thr Lys Phe Phe Arg Gly Ser Thr His Lys Ile Ser  
1 5 10 15

Glu Gly Gln Tyr His Ser Lys Pro Ala Glu Glu Thr Ile Trp Asn Gly  
20 25 30

Pro Ser Asn Ser Ala Val Val Thr Asp Val Pro Ser Glu Phe Asp Asn  
35 40 45

Glu Asp Ile Ala Arg Ala Ile Ser Leu Ser Leu Leu Glu Glu Glu Gln  
50 55 60

Arg Lys Ala Lys Ala Ile Glu Lys Asp Met His Leu Glu Glu Asp Glu  
65 70 75 80

Gln Leu Ala Arg Ala Ile Gln Glu Ser Leu Asn Val Glu Ser Pro Pro  
85 90 95

Arg Ala Arg Glu Asn Gly Asn Ala Asn Gly Gly Asn Met Tyr Gln Pro  
100 105 110

Leu Pro Phe Met Phe Ser Ser Gly Phe Arg Thr Cys Ala Gly Cys His  
115 120 125

Ser Glu Ile Gly His Gly Arg Phe Leu Ser Cys Met Gly Ala Val Trp  
130 135 140

His Pro Glu Cys Phe Arg Cys His Ala Cys Asn Gln Pro Ile Tyr Asp  
145 150 155 160

Tyr Glu Phe Ser Met Ser Gly Asn His Pro Tyr His Lys Thr Cys Tyr  
165 170 175

Lys Glu Arg Phe His Pro Lys Cys Asp Val Cys Lys Gln Phe Ile Pro  
180 185 190

Thr Asn Met Asn Gly Leu Ile Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Leu

195																			
Gln	Lys	Tyr	Cys	Pro	Ser	His	Glu	Val	Asp	Gly	Thr	Pro	Arg	Cys	Cys				
210						215					220								
Ser	Cys	Glu	Arg	Met	Glu	Pro	Arg	Glu	Ser	Arg	Tyr	Val	Leu	Leu	Asp				
225					230					235					240				
Asp	Gly	Arg	Lys	Leu	Cys	Leu	Glu	Cys	Leu	Asp	Ser	Ala	Val	Met	Asp				
				245					250					255					
Thr	Ser	Glu	Cys	Gln	Pro	Leu	Tyr	Leu	Glu	Ile	Gln	Glu	Phe	Tyr	Glu				
			260					265					270						
Gly	Leu	Asn	Met	Lys	Val	Glu	Gln	Gln	Val	Pro	Leu	Leu	Leu	Val	Glu				
		275					280					285							
Arg	Gln	Ala	Leu	Asn	Glu	Ala	Met	Glu	Gly	Glu	Lys	Thr	Gly	His	His				
290						295					300								
His	Leu	Pro	Glu	Thr	Arg	Gly	Leu	Cys	Leu	Ser	Glu	Glu	Gln	Thr	Val				
305					310					315					320				
Ser	Thr	Ile	Leu	Arg	Arg	Pro	Arg	Met	Ala	Gly	Asn	Lys	Val	Met	Glu				
				325					330					335					
Met	Ile	Thr	Glu	Pro	Tyr	Arg	Leu	Thr	Arg	Arg	Cys	Glu	Val	Thr	Ala				
			340					345					350						
Ile	Leu	Ile	Leu	Tyr	Gly	Leu	Pro	Arg	Leu	Leu	Thr	Gly	Ser	Ile	Leu				
		355					360					365							
Ala	His	Glu	Met	Met	His	Ala	Trp	Leu	Arg	Leu	Lys	Gly	Tyr	Arg	Thr				
370						375					380								
Leu	Ser	Pro	Asp	Val	Glu	Glu	Gly	Ile	Cys	Gln	Val	Leu	Ala	His	Met				
385					390					395					400				
Trp	Ile	Glu	Ser	Glu	Ile	Ile	Ala	Gly	Ser	Gly	Ser	Asn	Gly	Ala	Ser				
				405					410					415					

Thr Ser Ser Ser Ser Ser Ala Ser Thr Ser Ser Lys Lys Gly Gly Arg  
420 425 430

Ser Gln Phe Glu Arg Lys Leu Gly Asp Phe Phe Lys His Gln Ile Glu  
435 440 445

Ser Asp Thr Ser Met Ala Tyr Gly Asp Gly Phe Arg Ala Gly Asn Arg  
450 455 460

Ala Val Leu Gln Tyr Gly Leu Lys Arg Thr Leu Glu His Ile Arg Leu  
465 470 475 480

Thr Gly Thr Phe Pro Phe  
485

<210> 54  
<211> 512  
<212> PRT  
<213> Brachypodium distachyon

<400> 54

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

Glu Gly Gln Arg Gln Ser Arg Pro Ala Glu Glu Ala Val Trp Asn Glu  
20 25 30

Pro Ser Ser Ser Thr Val Val Thr Asp Val Leu Ser Glu Phe Asp Asn  
35 40 45

Glu Asp Ile Asp Arg Ala Ile Ala Leu Ser Leu Ser Glu Glu Gln Arg  
50 55 60

Lys Ser Lys Gly Thr Gly Lys Asp Leu His Leu Asp Glu Asp Glu Gln  
65 70 75 80

Leu Ala Arg Ala Ile His Glu Ser Leu Asn Val Glu Ser Pro Pro Cys  
85 90 95

Ala Arg Asp Asn Gly Ser Pro Pro His Ala Arg Asp Asn Ser Ser Pro  
100 105 110

Pro His Ala Arg Glu Asn Ser Ser His Pro Arg Ala Arg Glu Asn Gly  
115 120 125

Ile Ala Asn Gly Gly Asn Ser Ile Gln His Ser Pro Phe Met Phe Ser  
130 135 140

Ser Gly Phe Arg Thr Cys Ala Gly Cys His Ser Glu Ile Gly His Gly  
145 150 155 160

Arg Phe Leu Ser Cys Met Gly Ala Val Trp His Pro Glu Cys Phe Cys  
165 170 175

Cys His Ala Cys Ser Gln Pro Ile Tyr Asp Tyr Glu Phe Ser Met Ser  
180 185 190

Gly Asn His Pro Tyr His Lys Thr Cys Tyr Lys Glu Arg Phe His Pro  
195 200 205

Lys Cys Asp Val Cys Lys Gln Phe Ile Pro Thr Asn Met Asn Gly Leu  
210 215 220

Ile Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Leu Gln Lys Tyr Cys Pro Ser  
225 230 235 240

His Glu Val Asp Gly Thr Pro Arg Cys Cys Ser Cys Glu Arg Met Glu  
245 250 255

Pro Arg Glu Ser Arg Tyr Val Leu Leu Asp Asp Gly Arg Lys Leu Cys  
260 265 270

Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ala Val Met Asp Thr Thr Glu Cys Gln Pro  
275 280 285

Leu Tyr Leu Glu Ile Gln Glu Phe Tyr Glu Gly Leu Asn Met Lys Val  
290 295 300

Glu Gln Gln Val Pro Leu Leu Leu Val Glu Arg Gln Ala Leu Asn Glu



305		310		315		320
Ala Met Glu Gly	Glu Lys Thr Gly	His His His Leu Pro Glu Thr Arg				
	325	330			335	
Gly Leu Cys Leu Ser Glu Glu Gln Thr Val Ser Thr Ile Leu Arg Arg						
	340	345			350	
Pro Arg Met Thr Gly Asn Lys Ile Met Glu Met Ile Thr Glu Pro Tyr						
	355	360			365	
Arg Leu Thr Arg Arg Cys Glu Val Thr Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly						
	370	375			380	
Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Ser Ile Leu Ala His Glu Met Met His						
	385	390			395	400
Ala Trp Leu Arg Leu Lys Gly Tyr Arg Thr Leu Ser Pro Glu Ile Glu						
	405	410			415	
Glu Gly Ile Cys Gln Val Leu Ala His Met Trp Ile Glu Ser Glu Ile						
	420	425			430	
Met Ala Gly Ser Ser Ser Asn Ala Ala Ser Thr Ser Ser Ser Ser						
	435	440			445	
Ser Ser Ile Ser Ser Lys Lys Gly Gly Arg Ser Gln Phe Glu Arg Lys						
	450	455			460	
Leu Gly Asp Phe Phe Lys His Gln Ile Glu Ser Asp Thr Ser Val Ala						
	465	470			475	480
Tyr Gly Asn Gly Phe Arg Ser Gly Asn Gln Ala Val Leu Gln Tyr Gly						
	485	490			495	
Leu Lys Arg Thr Leu Glu His Ile Trp Leu Thr Gly Thr Trp Pro Phe						
	500	505			510	

<210> 55  
 <211> 491

<212> PRT

<213> Brachypodium distachyon

<400> 55

Met Gly Trp Leu Thr Lys Phe Phe Arg Gly Ser Thr His Asn Ile Ser  
1 5 10 15

Glu Gly Gln Asp Gln Ser Lys Pro Ala Glu Glu Thr Val Trp Asn Glu  
20 25 30

Pro Ser Ser Ser Thr Ala Val Asn Tyr Ala Leu Ser Glu Phe Asp Asn  
35 40 45

Glu Asp Ile Asp Arg Ala Ile Ala Leu Ser Leu Ser Glu Glu Glu Gln  
50 55 60

Arg Lys Ser Lys Gly Thr Gly Lys Asp Gln His Leu Asp Glu Asp Glu  
65 70 75 80

Gln Leu Ala Arg Ala Ile Gln Glu Ser Leu Asn Val Glu Ser Pro Pro  
85 90 95

Arg Ala Arg Glu Lys Ser Ser His Pro Arg Ala Arg Glu Asn Gly Ser  
100 105 110

Ala Asn Gly Gly Asn Ser Tyr Gln Leu Pro Leu Met Phe Ser Ser Gly  
115 120 125

Phe Arg Thr Cys Ala Gly Cys His Ser Glu Ile Gly His Gly Arg Phe  
130 135 140

Leu Ser Cys Met Gly Ala Val Trp His Pro Glu Cys Phe Cys Cys His  
145 150 155 160

Gly Cys Ser Gln Pro Ile Tyr Asp Tyr Glu Phe Ser Met Ser Gly Asn  
165 170 175

His Pro Tyr His Lys Thr Cys Tyr Lys Glu Arg Phe His Pro Lys Cys  
180 185 190

Asp Val Cys Gln Gln Phe Ile Pro Thr Asn Thr Asn Gly Leu Ile Glu  
195 200 205

Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Leu Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu  
210 215 220

Val Asp Gly Thr Pro Arg Cys Cys Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro Arg  
225 230 235 240

Glu Ser Arg Tyr Val Leu Leu Asp Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu  
245 250 255

Cys Leu Asp Ser Ala Val Met Asp Thr Thr Glu Cys Gln Pro Leu Tyr  
260 265 270

Leu Glu Ile Gln Glu Phe Tyr Glu Gly Leu Asn Met Lys Val Glu Gln  
275 280 285

Gln Val Pro Leu Leu Leu Val Glu Arg Gln Ala Leu Asn Glu Ala Met  
290 295 300

Glu Gly Glu Lys Thr Gly His His His Leu Pro Glu Thr Arg Gly Leu  
305 310 315 320

Cys Leu Ser Glu Glu Gln Thr Val Ser Thr Ile Leu Arg Arg Pro Arg  
325 330 335

Met Ala Gly Asn Lys Ile Met Glu Met Arg Thr Glu Pro Tyr Arg Leu  
340 345 350

Thr Arg Arg Cys Glu Val Thr Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Pro  
355 360 365

Arg Leu Leu Thr Gly Ser Ile Leu Ala His Glu Met Met His Ala Trp  
370 375 380

Leu Arg Leu Lys Gly Tyr Arg Thr Leu Ser Pro Asp Ile Glu Glu Gly  
385 390 395 400

Ile Cys Gln Val Leu Ala His Met Trp Ile Glu Ser Glu Ile Thr Ala

```

                                405                                410                                415

Gly Ser Gly Ser Asn Ala Ala Ser Thr Ser Ser Ser Ser Thr Ser Ser
      420                                425                                430

Lys Lys Gly Gly Arg Ser Gln Phe Glu Arg Lys Leu Gly Asp Phe Phe
      435                                440                                445

Lys His Gln Ile Glu Ser Asp Thr Ser Val Ala Tyr Gly Asp Gly Phe
      450                                455                                460

Arg Ala Gly Asn Gln Ala Val Leu Gln Tyr Gly Leu Lys Arg Thr Leu
465                                470                                475                                480

Glu His Ile Arg Leu Thr Gly Thr Leu Pro Phe
      485                                490

<210> 56
<211> 486
<212> PRT
<213> Sorghum bicolor

<400> 56

Met Gly Trp Leu Thr Lys Phe Phe Arg Gly Ser Thr His Asn Ile Ser
1                                5                                10                                15

Glu Gly Gln Tyr His Ser Arg Pro Ala Glu Asp Thr Ala Trp Asn Glu
      20                                25                                30

Pro Ser Ser Ser Pro Val Val Thr Asp Ile Phe Ser Glu Phe Asn Asn
      35                                40                                45

Glu Asp Ile Asp Arg Ala Ile Ala Leu Ser Leu Ser Glu Glu Glu Gln
      50                                55                                60

Arg Lys Ala Lys Thr Ile Asp Lys Asp Met His Leu Glu Glu Asp Glu
65                                70                                75                                80

Gln Leu Ala Arg Ala Ile Gln Glu Ser Leu Asn Val Glu Ser Pro Pro
      85                                90                                95

```

Pro Ser Arg Glu Asn Gly Ser Ala Asn Gly Gly Asn Ala Tyr His Pro  
100 105 110

Leu Pro Phe Met Phe Ser Ser Gly Phe Arg Ala Cys Ala Gly Cys His  
115 120 125

Arg Glu Ile Gly His Gly Arg Phe Leu Ser Cys Met Gly Ala Val Trp  
130 135 140

His Pro Glu Cys Phe Arg Cys His Ala Cys Ser Gln Pro Ile Tyr Asp  
145 150 155 160

Tyr Glu Phe Ser Met Ser Gly Asn His Pro Tyr His Lys Thr Cys Tyr  
165 170 175

Lys Glu Gln Phe His Pro Lys Cys Asp Val Cys Lys Gln Phe Ile Pro  
180 185 190

Thr Asn Met Asn Gly Leu Ile Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Leu  
195 200 205

Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu Val Asp Gly Thr Pro Arg Cys Cys  
210 215 220

Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro Arg Glu Ser Arg Tyr Val Leu Leu Asp  
225 230 235 240

Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ala Val Met Asp  
245 250 255

Thr Asn Glu Cys Gln Pro Leu Tyr Leu Glu Ile Gln Glu Phe Tyr Glu  
260 265 270

Gly Leu Asn Met Lys Val Glu Gln Gln Val Pro Leu Leu Leu Val Glu  
275 280 285

Arg Gln Ala Leu Asn Glu Ala Met Glu Gly Glu Lys Ala Gly His His  
290 295 300

His Leu Pro Glu Thr Arg Gly Leu Cys Leu Ser Glu Glu Gln Thr Val  
305 310 315 320

Ser Thr Ile Leu Arg Arg Pro Arg Met Ala Gly Asn Lys Ile Met Gly  
325 330 335

Met Ile Thr Glu Pro Tyr Arg Leu Thr Arg Arg Cys Glu Val Thr Ala  
340 345 350

Ile Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Ser Ile Leu  
355 360 365

Ala His Glu Met Met His Ala Trp Leu Arg Leu Lys Gly Tyr Arg Thr  
370 375 380

Leu Ser Pro Asp Val Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Leu Ala His Leu  
385 390 395 400

Trp Ile Glu Ser Glu Ile Met Ala Gly Ser Gly Ser Gly Ala Ala Ser  
405 410 415

Ser Ser Ser Gly Ser Ser Ser Ser Met Ser Ser Lys Lys Ala Gly Arg  
420 425 430

Ser Gln Phe Glu His Lys Leu Gly Asp Phe Phe Lys His Gln Ile Glu  
435 440 445

Thr Asp Thr Ser Met Ala Tyr Gly Glu Gly Phe Arg Ala Gly Asn Arg  
450 455 460

Ala Val Leu Gln Tyr Gly Leu Lys Arg Thr Leu Glu His Ile Arg Leu  
465 470 475 480

Thr Gly Thr Phe Pro Phe  
485

<210> 57

<211> 508

<212> PRT

<213> Zea mays

<400> 57

Met Gly Trp Leu Thr Lys Phe Phe Arg Gly Ser Thr His Asn Ile Ser  
1 5 10 15

Glu Glu Gln Tyr His Ser Arg Pro Ala Glu Asp Thr Ala Trp Asn Glu  
20 25 30

Pro Ser Ser Ser Pro Val Val Thr Asp Ile Leu Ser Glu Phe Asn Asn  
35 40 45

Glu Asp Ile Asp Arg Ala Ile Ala Leu Ser Leu Ser Glu Glu Glu Gln  
50 55 60

Arg Lys Glu Lys Ala Ile Asp Lys Asp Met His Leu Glu Glu Asp Glu  
65 70 75 80

Gln Leu Ala Arg Ala Ile Gln Glu Ser Leu Asn Val Glu Ser Pro Pro  
85 90 95

Arg Arg Asn Gly Ser Ala Asn Gly Gly Thr Met Tyr His Pro Pro Arg  
100 105 110

Glu Thr Gly Asn Ala Tyr Gln Pro Pro Arg Glu Asn Gly Ser Ala Asn  
115 120 125

Gly Gly Asn Ala Tyr His Pro Leu Pro Phe Met Phe Ser Ser Gly Phe  
130 135 140

Arg Ala Cys Ala Gly Cys His Arg Glu Ile Gly His Gly Arg Phe Leu  
145 150 155 160

Ser Cys Met Gly Ala Val Trp His Pro Glu Cys Phe Arg Cys His Ala  
165 170 175

Cys Ser Gln Pro Ile Tyr Asp Tyr Glu Phe Ser Met Ser Gly Asn His  
180 185 190

Pro Tyr His Lys Thr Cys Tyr Lys Glu Gln Phe His Pro Lys Cys Asp  
195 200 205

Val Cys Lys Gln Phe Ile Pro Thr Asn Met Asn Gly Leu Ile Glu Tyr  
210 215 220

Arg Ala His Pro Phe Trp Val Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu Met  
225 230 235 240

Asp Gly Thr Pro Arg Cys Cys Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro Arg Glu  
245 250 255

Ser Lys Tyr Val Leu Leu Asp Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys  
260 265 270

Leu Asp Ser Ala Val Met Asp Thr Asn Asp Cys Gln Pro Leu Tyr Leu  
275 280 285

Glu Ile Gln Glu Phe Tyr Glu Gly Leu Asn Met Lys Val Glu Gln Gln  
290 295 300

Val Pro Leu Leu Leu Val Glu Arg Gln Ala Leu Asn Glu Ala Met Glu  
305 310 315 320

Gly Glu Lys Ala Gly His His His Leu Pro Glu Thr Arg Gly Leu Cys  
325 330 335

Leu Ser Glu Glu Gln Thr Val Ser Thr Ile Leu Arg Pro Arg Met Ala  
340 345 350

Gly Asn Lys Ile Met Gly Met Ile Thr Glu Pro Tyr Arg Leu Thr Arg  
355 360 365

Arg Cys Glu Val Thr Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Pro Arg Leu  
370 375 380

Leu Thr Gly Ser Ile Leu Ala His Glu Met Met His Ala Trp Leu Arg  
385 390 395 400

Leu Lys Gly Tyr Arg Thr Leu Ser Pro Asp Val Glu Glu Gly Ile Cys  
405 410 415



Gln Val Leu Ala His Met Trp Ile Glu Ser Glu Ile Met Ala Gly Ser  
420 425 430

Gly Ser Ser Ala Ala Ser Ser Ser Ser Gly Ser Ser Ser Ser Thr Ser  
435 440 445

Ser Lys Lys Gly Gly Arg Ser Gln Phe Glu His Arg Leu Gly Asp Phe  
450 455 460

Phe Lys His Gln Ile Glu Thr Asp Thr Ser Met Ala Tyr Gly Asp Gly  
465 470 475 480

Phe Arg Thr Gly Asn Arg Ala Val Leu His Tyr Gly Leu Lys Arg Thr  
485 490 495

Leu Glu His Ile Arg Leu Thr Gly Thr Phe Pro Phe  
500 505

<210> 58  
<211> 553  
<212> PRT  
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 58

Met Gly Trp Leu Thr Lys Ile Leu Lys Gly Ser Ser His Lys Phe Ser  
1 5 10 15

Asp Gly Gln Cys Asn Gly Arg Tyr Arg Glu Asp Arg Asn Leu Glu Gly  
20 25 30

Pro Arg Tyr Ser Ala Glu Gly Ser Asp Phe Asp Lys Glu Glu Ile Glu  
35 40 45

Cys Ala Ile Ala Leu Ser Leu Ser Glu Gln Glu His Val Ile Pro Gln  
50 55 60

Asp Asp Lys Gly Lys Lys Ile Ile Glu Tyr Lys Ser Glu Thr Glu Glu  
65 70 75 80

Asp Asp Asp Asp Asp Glu Asp Glu Asp Glu Glu Tyr Met Arg Ala Gln  
85 90 95

Leu Glu Ala Ala Glu Glu Glu Glu Arg Arg Val Ala Gln Ala Gln Ile  
100 105 110

Glu Glu Glu Glu Lys Arg Arg Ala Glu Ala Gln Leu Glu Glu Thr Glu  
115 120 125

Lys Leu Leu Ala Lys Ala Arg Leu Glu Glu Glu Glu Met Arg Arg Ser  
130 135 140

Lys Ala Gln Leu Glu Glu Asp Glu Leu Leu Ala Lys Ala Leu Gln Glu  
145 150 155 160

Ser Met Asn Val Gly Ser Pro Pro Arg Tyr Asp Pro Gly Asn Ile Leu  
165 170 175

Gln Pro Tyr Pro Phe Leu Ile Pro Ser Ser His Arg Ile Cys Val Gly  
180 185 190

Cys Gln Ala Glu Ile Gly His Gly Arg Phe Leu Ser Cys Met Gly Gly  
195 200 205

Val Trp His Pro Glu Cys Phe Cys Cys Asn Ala Cys Asp Lys Pro Ile  
210 215 220

Ile Asp Tyr Glu Phe Ser Met Ser Gly Asn Arg Pro Tyr His Lys Leu  
225 230 235 240

Cys Tyr Lys Glu Gln His His Pro Lys Cys Asp Val Cys His Asn Phe  
245 250 255

Ile Pro Thr Asn Pro Ala Gly Leu Ile Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe  
260 265 270

Trp Met Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu Arg Asp Gly Thr Pro Arg  
275 280 285

Cys Cys Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro Lys Asp Thr Lys Tyr Leu Ile  
290 295 300

Leu Asp Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ala Ile  
305 310 315 320

Met Asp Thr His Glu Cys Gln Pro Leu Tyr Leu Glu Ile Arg Glu Phe  
325 330 335

Tyr Glu Gly Leu His Met Lys Val Glu Gln Gln Ile Pro Met Leu Leu  
340 345 350

Val Glu Arg Ser Ala Leu Asn Glu Ala Met Glu Gly Glu Lys His Gly  
355 360 365

His His His Leu Pro Glu Thr Arg Gly Leu Cys Leu Ser Glu Glu Gln  
370 375 380

Thr Val Thr Thr Val Leu Arg Arg Pro Arg Ile Gly Ala Gly Tyr Lys  
385 390 395 400

Leu Ile Asp Met Ile Thr Glu Pro Cys Arg Leu Ile Arg Arg Cys Glu  
405 410 415

Val Thr Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly  
420 425 430

Ser Ile Leu Ala His Glu Met Met His Ala Trp Leu Arg Leu Asn Gly  
435 440 445

Tyr Pro Asn Leu Arg Pro Glu Val Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Leu  
450 455 460

Ala His Met Trp Leu Glu Ser Glu Thr Tyr Ala Gly Ser Thr Leu Val  
465 470 475 480

Asp Ile Ala Ser Ser Ser Ser Ser Ala Val Val Ser Ala Ser Ser Lys  
485 490 495

Lys Gly Glu Arg Ser Asp Phe Glu Lys Lys Leu Gly Glu Phe Phe Lys  
500 505 510

His Gln Ile Glu Ser Asp Ser Ser Ser Ala Tyr Gly Asp Gly Phe Arg  
515 520 525

Gln Gly Asn Gln Ala Val Leu Lys His Gly Leu Arg Arg Thr Leu Asp  
530 535 540

His Ile Arg Leu Thr Gly Thr Phe Pro  
545 550

<210> 59  
<211> 528  
<212> PRT  
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 59

Met Asp Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Pro Ser Ser Ser Tyr  
1 5 10 15

Gly Val Ala Arg Val Ser His Ile Ser Asn Pro Cys Ile Phe Gly Glu  
20 25 30

Val Gly Ser Ser Ser Ser Ser Thr Tyr Arg Asp Lys Lys Trp Lys Leu  
35 40 45

Met Lys Trp Val Ser Lys Leu Phe Lys Ser Gly Ser Asn Gly Gly Gly  
50 55 60

Ser Gly Ala His Thr Asn His His Pro Pro Gln Phe Gln Glu Asp Glu  
65 70 75 80

Asn Met Val Phe Pro Leu Pro Pro Ser Ser Leu Asp Asp Arg Ser Arg  
85 90 95

Gly Ala Arg Asp Lys Glu Glu Leu Asp Arg Ser Ile Ser Leu Ser Leu  
100 105 110

Ala Asp Asn Thr Lys Arg Pro His Gly Tyr Gly Trp Ser Met Asp Asn  
115 120 125

Asn Arg Asp Phe Pro Arg Pro Phe His Gly Gly Leu Asn Pro Ser Ser  
130 135 140

Phe Ile Pro Pro Tyr Glu Pro Ser Tyr Gln Tyr Arg Arg Arg Gln Arg  
145 150 155 160

Ile Cys Gly Gly Cys Asn Ser Asp Ile Gly Ser Gly Asn Tyr Leu Gly  
165 170 175

Cys Met Gly Thr Phe Phe His Pro Glu Cys Phe Arg Cys His Ser Cys  
180 185 190

Gly Tyr Ala Ile Thr Glu His Glu Phe Ser Leu Ser Gly Thr Lys Pro  
195 200 205

Tyr His Lys Leu Cys Phe Lys Glu Leu Thr His Pro Lys Cys Glu Val  
210 215 220

Cys His His Phe Ile Pro Thr Asn Asp Ala Gly Leu Ile Glu Tyr Arg  
225 230 235 240

Cys His Pro Phe Trp Asn Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu Tyr Asp  
245 250 255

Lys Thr Ala Arg Cys Cys Ser Cys Glu Arg Leu Glu Ser Trp Asp Val  
260 265 270

Arg Tyr Tyr Thr Leu Glu Asp Gly Arg Ser Leu Cys Leu Glu Cys Met  
275 280 285

Glu Thr Ala Ile Thr Asp Thr Gly Glu Cys Gln Pro Leu Tyr His Ala  
290 295 300

Ile Arg Asp Tyr Tyr Glu Gly Met Tyr Met Lys Leu Asp Gln Gln Ile  
305 310 315 320

Pro Met Leu Leu Val Gln Arg Glu Ala Leu Asn Asp Ala Ile Val Gly  
325 330 335

Glu Lys Asn Gly Tyr His His Met Pro Glu Thr Arg Gly Leu Cys Leu  
340 345 350

Ser Glu Glu Gln Thr Val Thr Ser Val Leu Arg Arg Pro Arg Leu Gly  
355 360 365

Ala His Arg Leu Val Gly Met Arg Thr Gln Pro Gln Arg Leu Thr Arg  
370 375 380

Lys Cys Glu Val Thr Ala Ile Leu Val Leu Tyr Gly Leu Pro Arg Leu  
385 390 395 400

Leu Thr Gly Ala Ile Leu Ala His Glu Leu Met His Gly Trp Leu Arg  
405 410 415

Leu Asn Gly Phe Arg Asn Leu Asn Pro Glu Val Glu Glu Gly Ile Cys  
420 425 430

Gln Val Leu Ser Tyr Met Trp Leu Glu Ser Glu Val Leu Ser Asp Pro  
435 440 445

Ser Thr Arg Asn Leu Pro Ser Thr Ser Ser Val Ala Thr Ser Ser Ser  
450 455 460

Ser Ser Phe Ser Asn Lys Lys Gly Gly Lys Ser Asn Val Glu Lys Lys  
465 470 475 480

Leu Gly Glu Phe Phe Lys His Gln Ile Ala His Asp Ala Ser Pro Ala  
485 490 495

Tyr Gly Gly Gly Phe Arg Ala Ala Asn Ala Ala Ala Cys Lys Tyr Gly  
500 505 510

Leu Arg Arg Thr Leu Asp His Ile Arg Leu Thr Gly Thr Phe Pro Leu  
515 520 525

<210> 60

<211> 1613

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 60

Met Glu Pro Pro Ala Ala Arg Val Thr Pro Ser Ile Lys Ala Asp Cys

1	5	10	15
Ser	His	Ser	Val
	20	Asn	Ile
Ile	Cys	Glu	Glu
25	Thr	Val	Leu
		His	Ser
		30	Leu
Val	Ser	His	Leu
35	Ser	Ala	Ala
		40	Leu
Arg	Arg	Glu	Gly
		45	Ile
Ser	Val	Phe	
Val	Asp	Ala	Cys
50	Gly	Leu	Gln
		55	Glu
Thr	Lys	Phe	Phe
		60	Ser
Ile	Lys	Gln	
Asn	Gln	Pro	Leu
65	Thr	Asp	Gly
		70	Ala
Arg	Val	Leu	Val
		75	Val
Val	Val	Ile	Ser
		80	
Asp	Glu	Val	Glu
		85	Phe
Tyr	Asp	Pro	Trp
		90	Phe
Pro	Lys	Phe	Leu
		95	Lys
Val			
Ile	Gln	Gly	Trp
		100	Gln
Asn	Asn	Gly	His
		105	Val
Val	Val	Val	Pro
		110	Val
Phe	Tyr		
Gly	Val	Asp	Ser
		115	Leu
Thr	Arg	Val	Tyr
		120	Gly
Trp	Ala	Asn	Ser
		125	Trp
Leu			
Glu	Ala	Glu	Lys
		130	Leu
Thr	Ser	His	Gln
		135	Ser
Lys	Ile	Leu	Ser
		140	Asn
Asn			
Val	Leu	Thr	Asp
		145	Ser
Glu	Leu	Val	Glu
		150	Glu
Ile	Val	Arg	Asp
		155	Val
Tyr			
Gly	Lys	Leu	Tyr
		165	Pro
Ala	Glu	Arg	Val
		170	Gly
Ile	Tyr	Ala	Arg
		175	Leu
Leu			
Glu	Ile	Glu	Lys
		180	Leu
Leu	Tyr	Lys	Gln
		185	His
Arg	Asp	Ile	Arg
		190	Ser
Ile			
Gly	Ile	Trp	Gly
		195	Met
Pro	Gly	Ile	Gly
		200	Lys
Thr	Thr	Leu	Ala
		205	Lys
Ala			
Val	Phe	Asn	His
		210	Met
Ser	Thr	Asp	Tyr
		215	Asp
Ala	Ser	Cys	Phe
		220	Ile
Glu			

Asn Phe Asp Glu Ala Phe His Lys Glu Gly Leu His Arg Leu Leu Lys  
225 230 235 240

Glu Arg Ile Gly Lys Ile Leu Lys Asp Glu Phe Asp Ile Glu Ser Ser  
245 250 255

Tyr Ile Met Arg Pro Thr Leu His Arg Asp Lys Leu Tyr Asp Lys Arg  
260 265 270

Ile Leu Val Val Leu Asp Asp Val Arg Asp Ser Leu Ala Ala Glu Ser  
275 280 285

Phe Leu Lys Arg Leu Asp Trp Phe Gly Ser Gly Ser Leu Ile Ile Ile  
290 295 300

Thr Ser Val Asp Lys Gln Val Phe Ala Phe Cys Gln Ile Asn Gln Ile  
305 310 315 320

Tyr Thr Val Gln Gly Leu Asn Val His Glu Ala Leu Gln Leu Phe Ser  
325 330 335

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

Ser Met Lys Val Ile Asp Tyr Val Asn Gly Asn Pro Leu Ala Leu Ser  
355 360 365

Ile Tyr Gly Arg Glu Leu Met Gly Lys Lys Ser Glu Met Glu Thr Ala  
370 375 380

Phe Phe Glu Leu Lys His Cys Pro Pro Leu Lys Ile Gln Asp Val Leu  
385 390 395 400

Lys Asn Ala Tyr Ser Ala Leu Ser Asp Asn Glu Lys Asn Ile Val Leu  
405 410 415

Asp Ile Ala Phe Phe Phe Lys Gly Glu Thr Val Asn Tyr Val Met Gln  
420 425 430



Leu Leu Glu Glu Ser His Tyr Phe Pro Arg Leu Ala Ile Asp Val Leu  
435 440 445

Val Asp Lys Cys Val Leu Thr Ile Ser Glu Asn Thr Val Gln Met Asn  
450 455 460

Asn Leu Ile Gln Asp Thr Cys Gln Glu Ile Phe Asn Gly Glu Ile Glu  
465 470 475 480

Thr Cys Thr Arg Met Trp Glu Pro Ser Arg Ile Arg Tyr Leu Leu Glu  
485 490 495

Tyr Asp Glu Leu Glu Gly Ser Gly Glu Thr Lys Ala Met Pro Lys Ser  
500 505 510

Gly Leu Val Ala Glu His Ile Glu Ser Ile Phe Leu Asp Thr Ser Asn  
515 520 525

Val Lys Phe Asp Val Lys His Asp Ala Phe Lys Asn Met Phe Asn Leu  
530 535 540

Lys Phe Leu Lys Ile Tyr Asn Ser Cys Ser Lys Tyr Ile Ser Gly Leu  
545 550 555 560

Asn Phe Pro Lys Gly Leu Asp Ser Leu Pro Tyr Glu Leu Arg Leu Leu  
565 570 575

His Trp Glu Asn Tyr Pro Leu Gln Ser Leu Pro Gln Asp Phe Asp Phe  
580 585 590

Gly His Leu Val Lys Leu Ser Met Pro Tyr Ser Gln Leu His Lys Leu  
595 600 605

Gly Thr Arg Val Lys Asp Leu Val Met Leu Lys Arg Leu Ile Leu Ser  
610 615 620

His Ser Leu Gln Leu Val Glu Cys Asp Ile Leu Ile Tyr Ala Gln Asn  
625 630 635 640

Ile Glu Leu Ile Asp Leu Gln Gly Cys Thr Gly Leu Gln Arg Phe Pro  
645 650 655

Asp Thr Ser Gln Leu Gln Asn Leu Arg Val Val Asn Leu Ser Gly Cys  
660 665 670

Thr Glu Ile Lys Cys Phe Ser Gly Val Pro Pro Asn Ile Glu Glu Leu  
675 680 685

His Leu Gln Gly Thr Arg Ile Arg Glu Ile Pro Ile Phe Asn Ala Thr  
690 695 700

His Pro Pro Lys Val Lys Leu Asp Arg Lys Lys Leu Trp Asn Leu Leu  
705 710 715 720

Glu Asn Phe Ser Asp Val Glu His Ile Asp Leu Glu Cys Val Thr Asn  
725 730 735

Leu Ala Thr Val Thr Ser Asn Asn His Val Met Gly Lys Leu Val Cys  
740 745 750

Leu Asn Met Lys Tyr Cys Ser Asn Leu Arg Gly Leu Pro Asp Met Val  
755 760 765

Ser Leu Glu Ser Leu Lys Val Leu Tyr Leu Ser Gly Cys Ser Glu Leu  
770 775 780

Glu Lys Ile Met Gly Phe Pro Arg Asn Leu Lys Lys Leu Tyr Val Gly  
785 790 795 800

Gly Thr Ala Ile Arg Glu Leu Pro Gln Leu Pro Asn Ser Leu Glu Phe  
805 810 815

Leu Asn Ala His Gly Cys Lys His Leu Lys Ser Ile Asn Leu Asp Phe  
820 825 830

Glu Gln Leu Pro Arg His Phe Ile Phe Ser Asn Cys Tyr Arg Phe Ser  
835 840 845

Ser Gln Val Ile Ala Glu Phe Val Glu Lys Gly Leu Val Ala Ser Leu

850																			
Ala	Arg	Ala	Lys	Gln	Glu	Glu	Leu	Ile	Lys	Ala	Pro	Glu	Val	Ile	Ile				
865					870					875					880				
Cys	Ile	Pro	Met	Asp	Thr	Arg	Gln	Arg	Ser	Ser	Phe	Arg	Leu	Gln	Ala				
				885					890					895					
Gly	Arg	Asn	Ala	Met	Thr	Asp	Leu	Val	Pro	Trp	Met	Gln	Lys	Pro	Ile				
			900					905					910						
Ser	Gly	Phe	Ser	Met	Ser	Val	Val	Val	Ser	Phe	Gln	Asp	Asp	Tyr	His				
		915					920					925							
Asn	Asp	Val	Gly	Leu	Arg	Ile	Arg	Cys	Val	Gly	Thr	Trp	Lys	Thr	Trp				
	930					935					940								
Asn	Asn	Gln	Pro	Asp	Arg	Ile	Val	Glu	Arg	Phe	Phe	Gln	Cys	Trp	Ala				
945					950					955					960				
Pro	Thr	Glu	Ala	Pro	Lys	Val	Val	Ala	Asp	His	Ile	Phe	Val	Leu	Tyr				
				965					970					975					
Asp	Thr	Lys	Met	His	Pro	Ser	Asp	Ser	Glu	Glu	Asn	His	Ile	Ser	Met				
			980					985					990						
Trp	Ala	His	Glu	Val	Lys	Phe	Glu	Phe	His	Thr	Val	Ser	Gly	Glu	Asn				
		995					1000					1005							
Asn	Pro	Leu	Gly	Ala	Ser	Cys	Lys	Val	Thr	Glu	Cys	Gly	Val	Glu					
	1010					1015					1020								
Val	Ile	Thr	Ala	Ala	Thr	Gly	Asp	Thr	Ser	Val	Ser	Gly	Ile	Ile					
	1025					1030					1035								
Arg	Glu	Ser	Glu	Thr	Ile	Thr	Ile	Ile	Glu	Lys	Glu	Asp	Thr	Ile					
	1040					1045					1050								
Ile	Asp	Glu	Glu	Asp	Thr	Pro	Leu	Leu	Ser	Arg	Lys	Pro	Glu	Glu					
	1055					1060					1065								

Thr	Asn	Arg	Ser	Arg	Ser	Ser	Ser	Glu	Leu	Gln	Lys	Leu	Ser	Ser
	1070					1075					1080			
Thr	Ser	Ser	Lys	Val	Arg	Ser	Lys	Gly	Asn	Val	Phe	Trp	Lys	Trp
	1085					1090					1095			
Leu	Gly	Cys	Phe	Pro	Leu	Gln	Pro	Lys	Asn	Leu	Arg	Ser	Arg	Ser
	1100					1105					1110			
Arg	Arg	Thr	Thr	Ala	Leu	Glu	Glu	Ala	Leu	Glu	Glu	Ala	Leu	Lys
	1115					1120					1125			
Glu	Arg	Glu	Lys	Leu	Glu	Asp	Thr	Arg	Glu	Leu	Gln	Ile	Ala	Leu
	1130					1135					1140			
Ile	Glu	Ser	Lys	Lys	Ile	Lys	Lys	Ile	Lys	Gln	Ala	Asp	Glu	Arg
	1145					1150					1155			
Asp	Gln	Ile	Lys	His	Ala	Asp	Glu	Arg	Glu	Gln	Arg	Lys	His	Ser
	1160					1165					1170			
Lys	Asp	His	Glu	Glu	Glu	Glu	Ile	Glu	Ser	Asn	Glu	Lys	Glu	Glu
	1175					1180					1185			
Arg	Arg	His	Ser	Lys	Asp	Tyr	Val	Ile	Glu	Glu	Leu	Val	Leu	Lys
	1190					1195					1200			
Gly	Lys	Gly	Lys	Arg	Lys	Gln	Leu	Asp	Asp	Asp	Lys	Ala	Asp	Glu
	1205					1210					1215			
Lys	Glu	Gln	Ile	Lys	His	Ser	Lys	Asp	His	Val	Glu	Glu	Glu	Val
	1220					1225					1230			
Asn	Pro	Pro	Leu	Ser	Lys	Cys	Lys	Asp	Cys	Lys	Ser	Ala	Ile	Glu
	1235					1240					1245			
Asp	Gly	Ile	Ser	Ile	Asn	Ala	Tyr	Gly	Ser	Val	Trp	His	Pro	Gln
	1250					1255					1260			

Cys	Phe	Cys	Cys	Leu	Arg	Cys	Arg	Glu	Pro	Ile	Ala	Met	Asn	Glu
1265						1270					1275			
Ile	Ser	Asp	Leu	Arg	Gly	Met	Tyr	His	Lys	Pro	Cys	Tyr	Lys	Glu
1280						1285					1290			
Leu	Arg	His	Pro	Asn	Cys	Tyr	Val	Cys	Glu	Lys	Lys	Ile	Pro	Arg
1295						1300					1305			
Thr	Ala	Glu	Gly	Leu	Lys	Tyr	His	Glu	His	Pro	Phe	Trp	Met	Glu
1310						1315					1320			
Thr	Tyr	Cys	Pro	Ser	His	Asp	Gly	Asp	Gly	Thr	Pro	Lys	Cys	Cys
1325						1330					1335			
Ser	Cys	Glu	Arg	Leu	Glu	His	Cys	Gly	Thr	Gln	Tyr	Val	Met	Leu
1340						1345					1350			
Ala	Asp	Phe	Arg	Trp	Leu	Cys	Arg	Glu	Cys	Met	Asp	Ser	Ala	Ile
1355						1360					1365			
Met	Asp	Ser	Asp	Glu	Cys	Gln	Pro	Leu	His	Phe	Glu	Ile	Arg	Glu
1370						1375					1380			
Phe	Phe	Glu	Gly	Leu	His	Met	Lys	Ile	Glu	Glu	Glu	Phe	Pro	Val
1385						1390					1395			
Tyr	Leu	Val	Glu	Lys	Asn	Ala	Leu	Asn	Lys	Ala	Glu	Lys	Glu	Glu
1400						1405					1410			
Lys	Ile	Asp	Lys	Gln	Gly	Asp	Gln	Cys	Leu	Met	Val	Val	Arg	Gly
1415						1420					1425			
Ile	Cys	Leu	Ser	Glu	Glu	Gln	Ile	Val	Thr	Ser	Val	Ser	Gln	Gly
1430						1435					1440			
Val	Arg	Arg	Met	Leu	Asn	Lys	Gln	Ile	Leu	Asp	Thr	Val	Thr	Glu
1445						1450					1455			

Ser Gln Arg Val Val Arg Lys Cys Glu Val Thr Ala Ile Leu Ile  
1460 1465 1470

Leu Tyr Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Tyr Ile Leu Ala His  
1475 1480 1485

Glu Met Met His Ala Tyr Leu Arg Leu Asn Gly Tyr Arg Asn Leu  
1490 1495 1500

Asn Met Val Leu Glu Glu Gly Leu Cys Gln Val Leu Gly Tyr Met  
1505 1510 1515

Trp Leu Glu Cys Gln Thr Tyr Val Phe Asp Thr Ala Thr Ile Ala  
1520 1525 1530

Ser Ser Ser Ser Ser Arg Thr Pro Leu Ser Thr Thr Thr Ser  
1535 1540 1545

Lys Lys Val Asp Pro Ser Asp Phe Glu Lys Arg Leu Val Asn Phe  
1550 1555 1560

Cys Lys His Gln Ile Glu Thr Asp Glu Ser Pro Phe Phe Gly Asp  
1565 1570 1575

Gly Phe Arg Lys Val Asn Lys Met Met Ala Ser Asn Asn His Ser  
1580 1585 1590

Leu Lys Asp Thr Leu Lys Glu Ile Ile Ser Ile Ser Lys Thr Pro  
1595 1600 1605

Gln Tyr Ser Lys Leu  
1610

<210> 61  
<211> 450  
<212> PRT  
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 61

Met Val Arg Arg Lys Arg Gln Glu Glu Asp Glu Lys Ile Glu Ile Glu  
1 5 10 15

Arg Val Lys Glu Glu Ser Leu Lys Leu Ala Lys Gln Ala Glu Glu Lys  
20 25 30

Arg Arg Leu Glu Glu Ser Lys Glu Gln Gly Lys Arg Ile Gln Val Asp  
35 40 45

Asp Asp Gln Leu Ala Lys Thr Thr Ser Lys Asp Lys Gly Gln Ile Asn  
50 55 60

His Ser Lys Asp Val Val Glu Glu Asp Val Asn Pro Pro Pro Ser Ile  
65 70 75 80

Asp Gly Lys Ser Glu Ile Gly Asp Gly Thr Ser Val Asn Pro Arg Cys  
85 90 95

Leu Cys Cys Phe His Cys His Arg Pro Phe Val Met His Glu Ile Leu  
100 105 110

Lys Lys Gly Lys Phe His Ile Asp Cys Tyr Lys Glu Tyr Tyr Arg Asn  
115 120 125

Arg Asn Cys Tyr Val Cys Gln Gln Lys Ile Pro Val Asn Ala Glu Gly  
130 135 140

Ile Arg Lys Phe Ser Glu His Pro Phe Trp Lys Glu Lys Tyr Cys Pro  
145 150 155 160

Ile His Asp Glu Asp Gly Thr Ala Lys Cys Cys Ser Cys Glu Arg Leu  
165 170 175

Glu Pro Arg Gly Thr Asn Tyr Val Met Leu Gly Asp Phe Arg Trp Leu  
180 185 190

Cys Ile Glu Cys Met Gly Ser Ala Val Met Asp Thr Asn Glu Val Gln  
195 200 205

Pro Leu His Phe Glu Ile Arg Glu Phe Phe Glu Gly Leu Phe Leu Lys  
210 215 220

Val Asp Lys Glu Phe Ala Leu Leu Leu Val Glu Lys Gln Ala Leu Asn  
225 230 235 240

Lys Ala Glu Glu Glu Glu Lys Ile Asp Tyr His Arg Ala Ala Val Thr  
245 250 255

Arg Gly Leu Cys Met Ser Glu Glu Gln Ile Val Pro Ser Ile Ile Lys  
260 265 270

Gly Pro Arg Met Gly Pro Asp Asn Gln Leu Ile Thr Asp Ile Val Thr  
275 280 285

Glu Ser Gln Arg Val Ser Gly Phe Glu Val Thr Gly Ile Leu Ile Ile  
290 295 300

Tyr Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Tyr Ile Leu Ala His Glu Met  
305 310 315 320

Met His Ala Trp Leu Arg Leu Asn Gly Tyr Lys Asn Leu Lys Leu Glu  
325 330 335

Leu Glu Glu Gly Leu Cys Gln Ala Leu Gly Leu Arg Trp Leu Glu Ser  
340 345 350

Gln Thr Phe Ala Ser Thr Asp Ala Ala Ala Ala Ala Val Ala Ser  
355 360 365

Ser Ser Ser Phe Ser Ser Ser Thr Ala Pro Pro Ala Ala Ile Thr Ser  
370 375 380

Lys Lys Ser Asp Asp Trp Ser Ile Phe Glu Lys Lys Leu Val Glu Phe  
385 390 395 400

Cys Met Asn Gln Ile Lys Glu Asp Asp Ser Pro Val Tyr Gly Leu Gly  
405 410 415

Phe Lys Gln Val Tyr Glu Met Met Val Ser Asn Asn Tyr Asn Ile Lys  
420 425 430



Asp Thr Leu Lys Asp Ile Val Ser Ala Ser Asn Ala Thr Pro Asp Ser  
435 440 445

Thr Val  
450

<210> 62  
<211> 702  
<212> PRT  
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 62

Met Pro Ile Ser Asp Val Ala Ser Leu Val Gly Gly Ala Ala Leu Gly  
1 5 10 15

Ala Pro Leu Ser Glu Ile Phe Lys Leu Val Ile Glu Glu Ala Lys Lys  
20 25 30

Val Lys Asp Phe Lys Pro Leu Ser Gln Asp Leu Ala Ser Thr Met Glu  
35 40 45

Arg Leu Val Pro Ile Phe Asn Glu Ile Asp Met Met Gln Gln Gly Ser  
50 55 60

Asn Arg Gly Thr Ser Glu Leu Lys Val Leu Thr Glu Thr Met Glu Arg  
65 70 75 80

Ala Gly Glu Met Val His Lys Cys Ser Arg Ile Gln Trp Tyr Ser Ile  
85 90 95

Ala Lys Lys Ala Leu Tyr Thr Arg Glu Ile Lys Ala Ile Asn Gln Asp  
100 105 110

Phe Leu Lys Phe Cys Gln Ile Glu Leu Gln Leu Ile Gln His Arg Asn  
115 120 125

Gln Leu Gln Tyr Met Arg Ser Met Gly Met Ala Ser Val Ser Thr Lys  
130 135 140

Ala Asp Leu Leu Ser Asp Ile Gly Asn Glu Phe Ser Lys Leu Cys Leu  
145 150 155 160

Val Ala Gln Pro Glu Val Val Thr Lys Phe Trp Leu Lys Arg Pro Leu  
165 170 175

Met Glu Leu Lys Lys Met Leu Phe Glu Asp Gly Val Val Thr Val Val  
180 185 190

Val Ser Ala Pro Tyr Ala Leu Gly Lys Thr Thr Leu Val Thr Lys Leu  
195 200 205

Cys His Asp Ala Asp Val Lys Glu Lys Phe Lys Gln Ile Phe Phe Ile  
210 215 220

Ser Val Ser Lys Phe Pro Asn Val Arg Leu Ile Gly His Lys Leu Leu  
225 230 235 240

Glu His Ile Gly Cys Lys Ala Asn Glu Tyr Glu Asn Asp Leu Asp Ala  
245 250 255

Met Leu Tyr Ile Gln Gln Leu Leu Lys Gln Leu Gly Arg Asn Gly Ser  
260 265 270

Ile Leu Leu Val Leu Asp Asp Val Trp Ala Glu Glu Glu Ser Leu Leu  
275 280 285

Gln Lys Phe Leu Ile Gln Leu Pro Asp Tyr Lys Ile Leu Val Thr Ser  
290 295 300

Arg Phe Glu Phe Thr Ser Phe Gly Pro Thr Phe His Leu Lys Pro Leu  
305 310 315 320

Ile Asp Asp Glu Val Glu Cys Arg Asp Glu Ile Glu Glu Asn Glu Lys  
325 330 335

Leu Pro Glu Val Asn Pro Pro Leu Ser Met Cys Gly Gly Cys Asn Ser  
340 345 350

Ala Val Lys His Glu Glu Ser Val Asn Ile Leu Gly Val Leu Trp His  
355 360 365

Pro Gly Cys Phe Cys Cys Arg Ser Cys Asp Lys Pro Ile Ala Ile His  
370 375 380

Glu Leu Glu Asn His Val Ser Asn Ser Arg Gly Lys Phe His Lys Ser  
385 390 395 400

Cys Tyr Glu Arg Tyr Cys Tyr Val Cys Lys Glu Lys Lys Met Lys Thr  
405 410 415

Tyr Asn Ile His Pro Phe Trp Glu Glu Arg Tyr Cys Pro Val His Glu  
420 425 430

Ala Asp Gly Thr Pro Lys Cys Cys Ser Cys Glu Arg Leu Glu Pro Arg  
435 440 445

Gly Thr Lys Tyr Gly Lys Leu Ser Asp Gly Arg Trp Leu Cys Leu Glu  
450 455 460

Cys Gly Lys Ser Ala Met Asp Ser Asp Glu Cys Gln Pro Leu Tyr Phe  
465 470 475 480

Asp Met Arg Asp Phe Phe Glu Ser Leu Asn Met Lys Ile Glu Lys Glu  
485 490 495

Phe Pro Leu Ile Leu Val Arg Lys Glu Leu Leu Asn Lys Lys Glu Glu  
500 505 510

Lys Ile Asp Asn His Tyr Glu Val Leu Ile Arg Ala Tyr Cys Met Ser  
515 520 525

Glu Gln Lys Ile Met Thr Tyr Val Ser Glu Glu Pro Arg Thr Gly Gln  
530 535 540

Asn Lys Gln Leu Ile Asp Met Asp Thr Glu Pro Gln Gly Val Val His  
545 550 555 560

Glu Cys Lys Val Thr Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Pro Arg Leu  
565 570 575

Leu Thr Gly Tyr Ile Leu Ala His Glu Met Met His Ala Trp Leu Arg  
580 585 590

Leu Asn Gly His Met Asn Leu Asn Asn Ile Leu Glu Glu Gly Ile Cys  
595 600 605

Gln Val Leu Gly His Leu Trp Leu Glu Ser Gln Thr Tyr Ala Thr Ala  
610 615 620

Asp Thr Thr Ala Asp Ala Ala Ser Ala Ser Ser Ser Ser Ser Arg Thr  
625 630 635 640

Pro Pro Ala Ala Ser Ala Ser Lys Lys Gly Glu Trp Ser Asp Phe Asp  
645 650 655

Lys Lys Leu Val Glu Phe Cys Lys Asn Gln Ile Glu Thr Asp Glu Ser  
660 665 670

Pro Val Tyr Gly Leu Gly Phe Arg Thr Val Asn Glu Met Val Thr Asn  
675 680 685

Ser Ser Leu Gln Glu Thr Leu Lys Glu Ile Leu Arg Arg Arg  
690 695 700

<210> 63  
<211> 644  
<212> PRT  
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 63

Met Ala Ser Asp Tyr Tyr Ser Ser Asp Asp Glu Gly Phe Gly Glu Lys  
1 5 10 15

Val Gly Leu Ile Gly Glu Lys Asp Arg Phe Glu Ala Glu Thr Ile His  
20 25 30

Val Ile Glu Val Ser Gln His Glu Ala Asp Ile Gln Lys Ala Lys Gln  
35 40 45

Arg Ser Leu Ala Thr His Glu Ala Glu Lys Leu Asp Leu Ala Thr His  
50 55 60

Glu Ala Glu Gln Leu Asp Leu Ala Ile Gln Glu Phe Ser Arg Gln Glu  
65 70 75 80

Glu Glu Glu Glu Arg Arg Arg Thr Arg Glu Leu Glu Asn Asp Ala Gln  
85 90 95

Ile Ala Asn Val Leu Gln His Glu Glu Arg Glu Arg Leu Ile Asn Lys  
100 105 110

Lys Thr Ala Leu Glu Asp Glu Glu Asp Glu Leu Leu Ala Arg Thr Leu  
115 120 125

Glu Glu Ser Leu Lys Glu Asn Asn Arg Arg Lys Met Phe Glu Glu Gln  
130 135 140

Val Asn Lys Asp Glu Gln Leu Ala Leu Ile Val Gln Glu Ser Leu Asn  
145 150 155 160

Met Glu Glu Tyr Pro Ile Arg Leu Glu Glu Tyr Lys Ser Ile Ser Arg  
165 170 175

Arg Ala Pro Leu Asp Val Asp Glu Gln Phe Ala Lys Ala Val Lys Glu  
180 185 190

Ser Leu Lys Asn Lys Gly Lys Gly Lys Gln Phe Glu Asp Glu Gln Val  
195 200 205

Lys Lys Asp Glu Gln Leu Ala Leu Ile Val Gln Glu Ser Leu Asn Met  
210 215 220

Val Glu Ser Pro Pro Arg Leu Glu Glu Asn Asn Asn Ile Ser Thr Arg  
225 230 235 240

Ala Pro Val Asp Glu Asp Glu Gln Leu Ala Lys Ala Val Glu Glu Ser  
245 250 255

Leu Lys Gly Lys Gly Gln Ile Lys Gln Ser Lys Asp Glu Val Glu Gly  
260 265 270

Asp Gly Met Leu Leu Glu Leu Asn Pro Pro Pro Ser Leu Cys Gly Gly  
275 280 285

Cys Asn Phe Ala Val Glu His Gly Gly Ser Val Asn Ile Leu Gly Val  
290 295 300

Leu Trp His Pro Gly Cys Phe Cys Cys Arg Ala Cys His Lys Pro Ile  
305 310 315 320

Ala Ile His Asp Ile Glu Asn His Val Ser Asn Ser Arg Gly Lys Phe  
325 330 335

His Lys Ser Cys Tyr Glu Arg Tyr Cys Tyr Val Cys Lys Glu Lys Lys  
340 345 350

Met Lys Thr Tyr Asn Asn His Pro Phe Trp Glu Glu Arg Tyr Cys Pro  
355 360 365

Val His Glu Ala Asp Gly Thr Pro Lys Cys Cys Ser Cys Glu Arg Leu  
370 375 380

Glu Pro Arg Glu Ser Asn Tyr Val Met Leu Ala Asp Gly Arg Trp Leu  
385 390 395 400

Cys Leu Glu Cys Met Asn Ser Ala Val Met Asp Ser Asp Glu Cys Gln  
405 410 415

Pro Leu His Phe Asp Met Arg Asp Phe Phe Glu Gly Leu Asn Met Lys  
420 425 430

Ile Glu Lys Glu Phe Pro Phe Leu Leu Val Glu Lys Gln Ala Leu Asn  
435 440 445

Lys Ala Glu Lys Glu Glu Lys Ile Asp Tyr Gln Tyr Glu Val Val Thr  
450 455 460

Arg Gly Ile Cys Leu Ser Glu Glu Gln Ile Val Asp Ser Val Ser Gln  
465 470 475 480

Arg Pro Val Arg Gly Pro Asn Asn Lys Leu Val Gly Met Ala Thr Glu  
485 490 495

Ser Gln Lys Val Thr Arg Glu Cys Glu Val Thr Ala Ile Leu Ile Leu  
500 505 510

Tyr Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Tyr Ile Leu Ala His Glu Met  
515 520 525

Met His Ala Tyr Leu Arg Leu Asn Gly His Arg Asn Leu Asn Asn Ile  
530 535 540

Leu Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Leu Gly His Leu Trp Leu Asp Ser  
545 550 555 560

Gln Thr Tyr Ala Thr Ala Asp Ala Thr Ala Asp Ala Ser Ser Ser Ala  
565 570 575

Ser Ser Ser Ser Arg Thr Pro Pro Ala Ala Ser Ala Ser Lys Lys Gly  
580 585 590

Glu Trp Ser Asp Phe Asp Lys Lys Leu Val Glu Phe Cys Lys Asn Gln  
595 600 605

Ile Glu Thr Asp Asp Ser Pro Val Tyr Gly Leu Gly Phe Arg Thr Val  
610 615 620

Asn Glu Met Val Thr Asn Ser Ser Leu Gln Glu Thr Leu Lys Glu Ile  
625 630 635 640

Leu Arg Gln Arg

<210> 64  
<211> 587  
<212> PRT  
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 64

Met Trp Cys Leu Ser Cys Phe Lys Pro Ser Thr Lys His Asp Pro Ser  
1 5 10 15

Glu Asp Arg Phe Glu Glu Glu Thr Asn Ile Val Thr Gly Ile Ser Leu  
20 25 30

Tyr Glu Asp Val Ile Leu Arg Gln Arg Arg Ser Glu Ala Asp Gln Ile  
35 40 45

Glu Trp Ala Ile Gln Asp Ser Phe Asn Pro Gln Glu Thr Ser Arg Cys  
50 55 60

Arg Gln Arg Glu Glu Asp Asp Gln Ile Ala Arg Gly Leu Gln Tyr Val  
65 70 75 80

Glu Glu Thr Glu Leu Asp Lys Ser Val Val Asp Glu Glu Asp Gln Gln  
85 90 95

Leu Ser Lys Ile Val Glu Glu Ser Leu Lys Glu Lys Gly Lys Ser Lys  
100 105 110

Gln Phe Glu Asp Asp Gln Val Glu Asn Asp Glu Gln Gln Ala Leu Met  
115 120 125

Val Gln Glu Ser Leu Tyr Met Val Glu Leu Ser Ala Gln Leu Glu Glu  
130 135 140

Asp Lys Asn Ile Ser Thr Ile Pro Pro Leu Asn Glu Asp Ala Gln Leu  
145 150 155 160

Gln Lys Val Ile Trp Glu Ser Ala Lys Gly Lys Gly Gln Ile Glu His  
165 170 175

Phe Lys Asp Pro Val Glu Glu Asp Gly Asn Leu Pro Arg Val Asp Leu  
180 185 190

Asn Val Asn His Pro His Ser Ile Cys Asp Gly Cys Lys Ser Ala Ile  
195 200 205

Glu Tyr Gly Arg Ser Val His Ala Leu Gly Val Asn Trp His Pro Glu  
210 215 220



Cys Phe Cys Cys Arg Tyr Cys Asp Lys Pro Ile Ala Met His Glu Phe  
225 230 235 240

Ser Asn Thr Lys Gly Arg Cys His Ile Thr Cys Tyr Glu Arg Ser His  
245 250 255

Pro Asn Cys His Val Cys Lys Lys Lys Phe Pro Gly Arg Lys Tyr Lys  
260 265 270

Glu His Pro Phe Trp Lys Glu Lys Tyr Cys Pro Phe His Glu Val Asp  
275 280 285

Gly Thr Pro Lys Cys Cys Ser Cys Glu Arg Leu Glu Pro Trp Gly Thr  
290 295 300

Lys Tyr Val Met Leu Ala Asp Asn Arg Trp Leu Cys Val Lys Cys Met  
305 310 315 320

Glu Cys Ala Val Met Asp Thr Tyr Glu Cys Gln Pro Leu His Phe Glu  
325 330 335

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

Pro Leu Leu Leu Val Glu Lys Glu Ala Leu Lys Lys Ala Glu Ala Gln  
355 360 365

Glu Lys Ile Asp Asn Gln His Gly Val Val Thr Arg Gly Ile Cys Leu  
370 375 380

Ser Glu Gly Gln Ile Val Asn Ser Val Phe Lys Lys Pro Thr Met Gly  
385 390 395 400

Pro Asn Gly Glu Leu Val Ser Leu Gly Thr Glu Pro Gln Lys Val Val  
405 410 415

Gly Gly Cys Glu Val Thr Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Pro Arg  
420 425 430

Leu Leu Thr Gly Tyr Ile Leu Ala His Glu Met Met His Ala Trp Leu  
435 440 445

Arg Leu Asn Gly Thr Thr Ser Thr Gln Phe Val Phe Ala Asn Gln Tyr  
450 455 460

Gly Glu Ser Ser Gln Leu Lys Val Leu Phe Gly Leu Ile Thr Gly Tyr  
465 470 475 480

Arg Asn Leu Lys Leu Glu Leu Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Leu Gly  
485 490 495

His Met Trp Leu Glu Ser Gln Thr Tyr Ser Ser Ser Ala Ala Ala Ser  
500 505 510

Ser Ala Ser Ser Ser Ser Arg Thr Pro Ala Ala Asn Ala Ser Lys Lys  
515 520 525

Gly Ala Gln Ser Asp Tyr Glu Lys Lys Leu Val Glu Phe Cys Lys Asp  
530 535 540

Gln Ile Glu Thr Asp Asp Ser Pro Val Tyr Gly Val Gly Phe Arg Lys  
545 550 555 560

Val Asn Gln Met Val Ser Asp Ser Ser Leu His Lys Ile Leu Lys Ser  
565 570 575

Ile Gln His Trp Thr Lys Pro Asp Ser Asn Leu  
580 585

<210> 65

<211> 5

<212> PRT

<213> Штучна послідовність

<220>

<223> Синтетична послідовність: металопротеїдазний мотив

<400> 65

His Glu Met Met His  
1 5

<210> 66  
 <211> 19  
 <212> PRT  
 <213> Штучна послідовність

<220>  
 <223> Синтетична послідовність: мотив карбоксильної кінцевої області

<220>  
 <221> ВАРІАНТ  
 <222> (3)..(10)  
 <223> Хаа - це будь-яка амінокислота

<220>  
 <221> ВАРІАНТ  
 <222> (12)..(15)  
 <223> Хаа - це будь-яка амінокислота

<400> 66

Glu	Lys	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Arg	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Ser
1			5					10						15	

Glu Glu Gln

<210> 67  
 <211> 18  
 <212> PRT  
 <213> Штучна послідовність

<220>  
 <223> Синтетична послідовність: мотив карбоксильної кінцевої області

<220>  
 <221> ВАРІАНТ  
 <222> (3)..(10)  
 <223> Хаа - це будь-яка амінокислота

<220>  
 <221> ВАРІАНТ  
 <222> (12)..(15)  
 <223> Хаа - це будь-яка амінокислота

<400> 67

Glu	Lys	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Arg	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Ser
1			5					10						15	

Glu Gln

<210> 68  
 <211> 21  
 <212> PRT  
 <213> Штучна послідовність

<220>  
 <223> Синтетична послідовність: UIM1-домен

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (1)..(1)  
 <223> Хаа - це полярний амінокислотний залишок, наприклад, Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (2)..(4)  
 <223> Хаа - це будь-яка амінокислота

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (5)..(5)  
 <223> Хаа - це полярний амінокислотний залишок, наприклад, Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (7)..(7)  
 <223> Хаа - це полярний амінокислотний залишок, наприклад, Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (8)..(8)  
 <223> Хаа - це великий за розміром амінокислотний залишок, наприклад, Glu, Phe, His, Ile, Lys, Met, Gln, Arg, Trp або Tyr

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (10)..(10)  
 <223> Хаа - це аліфатичний амінокислотний залишок, наприклад, Ile, Leu або Val

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (11)..(11)  
 <223> Хаа - це полярний амінокислотний залишок, наприклад, Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (12)..(12)  
 <223> Хаа - це великий за розміром амінокислотний залишок, наприклад, Glu, Phe, His, Ile, Lys, Met, Gln, Arg, Trp або Tyr

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (13)..(13)  
 <223> Може бути присутнім або відсутнім. Якщо присутній, Хаа - це будь-яка амінокислота.

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (15)..(15)  
 <223> Хаа - це великий за розміром амінокислотний залишок, наприклад, Glu, Phe, His, Ile, Lys, Met, Gln, Arg, Trp або Tyr

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (16)..(16)  
 <223> Хаа - це полярний амінокислотний залишок, наприклад, Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (17)..(17)  
 <223> Хаа - це будь-яка амінокислота

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (18)..(18)  
 <223> Може бути присутнім або відсутнім. Якщо присутній, Хаа - це будь-яка амінокислота.

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (19)..(21)  
 <223> Хаа - це полярний амінокислотний залишок, наприклад, Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr

<400> 68

Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Leu	Хаа	Хаа	Ala	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Ser	Хаа	Хаа
1				5					10					15	

Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа
				20

<210> 69  
 <211> 21  
 <212> PRT  
 <213> Штучна послідовність  
  
 <220>  
 <223> Синтетична послідовність: UIM2-домен  
  
 <220>  
 <221> ВАРІАНТ  
 <222> (1)..(1)  
 <223> Хаа - це полярний амінокислотний залишок, наприклад, Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr  
  
 <220>  
 <221> ВАРІАНТ  
 <222> (2)..(4)  
 <223> Хаа - це будь-яка амінокислота  
  
 <220>  
 <221> ВАРІАНТ  
 <222> (5)..(5)  
 <223> Хаа - це полярний амінокислотний залишок, наприклад, Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr  
  
 <220>  
 <221> ВАРІАНТ  
 <222> (7)..(7)  
 <223> Хаа - це полярний амінокислотний залишок, наприклад, Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr  
  
 <220>  
 <221> ВАРІАНТ  
 <222> (8)..(8)  
 <223> Хаа - це великий за розміром амінокислотний залишок, наприклад, Glu, Phe, His, Ile, Lys, Met, Gln, Arg, Trp або Tyr  
  
 <220>  
 <221> ВАРІАНТ  
 <222> (10)..(10)  
 <223> Хаа - це аліфатичний амінокислотний залишок, наприклад, Ile, Leu або Val  
  
 <220>  
 <221> ВАРІАНТ  
 <222> (11)..(11)  
 <223> Хаа - це полярний амінокислотний залишок, наприклад, Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr  
  
 <220>  
 <221> ВАРІАНТ

<222> (12)..(12)  
 <223> Хаа - це великий за розміром амінокислотний залишок, наприклад, Glu, Phe, His, Ile, Lys, Met, Gln, Arg, Trp або Tyr

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (13)..(13)  
 <223> може бути присутнім або відсутнім. Якщо присутня, Хаа - це будь-яка амінокислота.

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (15)..(15)  
 <223> Хаа - це великий за розміром амінокислотний залишок, наприклад, Glu, Phe, His, Ile, Lys, Met, Gln, Arg, Trp або Tyr

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (16)..(16)  
 <223> Хаа - це полярний амінокислотний залишок, наприклад, Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (17)..(17)  
 <223> Хаа - це будь-яка амінокислота

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (18)..(18)  
 <223> Хаа - це маленький за розміром амінокислотний залишок, наприклад, Ala, Cys, Asp, Gly, Asn, Pro, Ser, Thr або Val

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (19)..(21)  
 <223> Хаа - це полярний амінокислотний залишок, наприклад, Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr

<400> 69

Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Leu	Хаа	Хаа	Ala	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Ser	Хаа	Хаа
1				5					10					15	

Хаа	Хаа	Хаа	Хаа	Хаа
				20

<210> 70

<211> 20  
 <212> PRT  
 <213> Штучна послідовність

<220>  
 <223> Синтетична послідовність: UIM1-домен

<400> 70

Gln Glu Asn Glu Asp Ile Asp Arg Ala Ile Ala Leu Ser Leu Leu Glu  
 1 5 10 15

Glu Asn Gln Glu  
 20

<210> 71  
 <211> 20  
 <212> PRT  
 <213> Штучна послідовність

<220>  
 <223> Синтетична послідовність: UIM2-домен

<400> 71

Asp Glu Asp Glu Gln Ile Ala Arg Ala Leu Gln Glu Ser Met Val Val  
 1 5 10 15

Gly Asn Ser Pro  
 20

<210> 72  
 <211> 53  
 <212> PRT  
 <213> Штучна послідовність

<220>  
 <223> Синтетична послідовність: LIM-домен

<400> 72

Ile Cys Ala Gly Cys Asn Met Glu Ile Gly His Gly Arg Phe Leu Asn  
 1 5 10 15

Cys Leu Asn Ser Leu Trp His Pro Glu Cys Phe Arg Cys Tyr Gly Cys  
 20 25 30



Ser Gln Pro Ile Ser Glu Tyr Glu Phe Ser Thr Ser Gly Asn Tyr Pro  
 35 40 45

Phe His Lys Ala Cys  
 50

<210> 73  
 <211> 43  
 <212> PRT  
 <213> Штучна послідовність

<220>  
 <223> Синтетична послідовність: EOD-домен

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (1)..(1)  
 <223> Xaa - це Glu або Lys

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (8)..(8)  
 <223> Xaa - це Leu або Met

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (9)..(9)  
 <223> Xaa - це Lys, Arg, Gly, Thr або Glu

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (11)..(11)  
 <223> Xaa - це Lys або Arg

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (12)..(12)  
 <223> Xaa - це Arg або Ile

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (13)..(13)  
 <223> Xaa - це Gly або Lys

<220>  
 <221> ВАРИАНТ  
 <222> (14)..(14)  
 <223> Xaa - це Asp, Asn або Glu

<220>  
 <221> ВАРИАНТ

<222> (15)..(15)  
 <223> Xaa - це Arg, Gln, Lys або Leu  
  
 <220>  
 <221> BAPIAHT  
 <222> (17)..(17)  
 <223> Xaa - це Ile, Met або Val  
  
 <220>  
 <221> BAPIAHT  
 <222> (18)..(18)  
 <223> Xaa - це Lys, Asn, Thr або Ala  
  
 <220>  
 <221> BAPIAHT  
 <222> (20)..(20)  
 <223> Xaa - це Leu або Pro  
  
 <220>  
 <221> BAPIAHT  
 <222> (22)..(22)  
 <223> Xaa - це Lys або Ser  
  
 <220>  
 <221> BAPIAHT  
 <222> (24)..(24)  
 <223> Xaa - це Val або Ala  
  
 <220>  
 <221> BAPIAHT  
 <222> (27)..(27)  
 <223> Xaa - це Ser, Thr, Gly або Ala  
  
 <220>  
 <221> BAPIAHT  
 <222> (28)..(28)  
 <223> Xaa - це Glu, Gln, Asp, Ser або Gly  
  
 <220>  
 <221> BAPIAHT  
 <222> (30)..(30)  
 <223> Xaa - це Ile, Gly, Thr або Val  
  
 <220>  
 <221> BAPIAHT  
 <222> (31)..(31)  
 <223> Xaa - це Ser або Thr  
  
 <220>  
 <221> BAPIAHT  
 <222> (32)..(32)  
 <223> Xaa - це Lys або Arg

<220>

<221> BAPIAHT

<222> (35)..(35)

<223> Xaa - це Gly, Thr а6о Ser

<220>

<221> BAPIAHT

<222> (39)..(39)

<223> Xaa - це Val, Ile, Ala а6о Lys

<220>

<221> BAPIAHT

<222> (42)..(42)

<223> Xaa - це Val а6о Ile

<400> 73

Xaa	Arg	Cys	Val	Ile	Cys	Gln	Xaa	Xaa	Tyr	Xaa	Xaa	Xaa	Xaa	Gln
1				5					10					15

Xaa	Xaa	Leu	Xaa	Cys	Xaa	His	Xaa	Tyr	His	Xaa	Xaa	Cys	Xaa	Xaa	Xaa
		20						25					30		

Trp	Leu	Xaa	Ile	Asn	Lys	Xaa	Cys	Pro	Xaa	Cys
		35					40			

<210> 74

<211> 253

<212> PRT

<213> Zea mays

<400> 74

Met	Asn	Ser	Ser	Arg	Gln	Met	Glu	Leu	His	Tyr	Ile	Asn	Thr	Gly	Phe
1				5					10					15	

Pro	Tyr	Thr	Ile	Thr	Glu	Ser	Phe	Met	Asp	Phe	Phe	Glu	Gly	Leu	Thr
			20					25					30		

Tyr	Ala	His	Ala	Asp	Phe	Ala	Leu	Thr	Asp	Gly	Phe	Gln	Asp	Gln	Gly
		35					40					45			

Asn	Pro	Tyr	Trp	Ala	Met	Met	His	Thr	Asn	Ser	Tyr	Lys	Tyr	Gly	Tyr
	50					55					60				

Ser	Gly	Pro	Gly	Asn	Tyr	Tyr	Ser	Tyr	Ala	His	Val	Tyr	Asp	Ile	Asp
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

65	70					75					80				
Asp	Tyr	Met	Arg	Arg	Ala	Asp	Gly	Gly	Arg	Arg	Ile	Trp	Asp	Asn	Thr
				85					90					95	
Thr	Pro	Val	Asn	Asn	Val	Asp	Ser	Ala	Asn	Val	Val	Leu	Gln	Gly	Gly
			100					105					110		
Glu	Ala	Pro	His	Thr	Thr	Thr	Asn	Thr	Ile	Asn	Lys	Glu	Cys	Ile	Gln
		115					120					125			
Gln	Val	His	Gln	Ser	Pro	Gly	Ser	Pro	Gln	Val	Val	Trp	Gln	Asp	Asn
	130					135					140				
Ile	Glu	Pro	Asp	Asn	Met	Thr	Tyr	Glu	Glu	Leu	Leu	Asp	Leu	Gly	Glu
145					150					155					160
Ala	Val	Gly	Thr	Gln	Ser	Arg	Gly	Leu	Ser	Gln	Glu	Arg	Ile	Ser	Ser
				165					170					175	
Leu	Pro	Val	Thr	Lys	Tyr	Lys	Cys	Gly	Phe	Phe	Ser	Arg	Lys	Lys	Thr
			180					185					190		
Arg	Arg	Glu	Arg	Cys	Val	Ile	Cys	Gln	Met	Glu	Tyr	Arg	Arg	Gly	Asn
		195					200					205			
Leu	Gln	Met	Thr	Leu	Pro	Cys	Lys	His	Val	Tyr	His	Ala	Ser	Cys	Val
	210					215					220				
Thr	Arg	Trp	Leu	Gly	Ile	Asn	Lys	Val	Cys	Pro	Val	Cys	Phe	Ala	Glu
225					230					235					240
Val	Pro	Gly	Glu	Asp	Pro	Glu	Ala	Met	Ser	Gln	Gln	Leu			
				245					250						

<210> 75  
<211> 249  
<212> PRT  
<213> Sorghum bicolor

<400> 75

Met Asn Ser Cys Arg Gln Met Glu Leu His Tyr Ile Asn Thr Gly Phe  
1 5 10 15

Pro Tyr Thr Ile Thr Glu Ser Phe Met Asp Phe Phe Glu Gly Leu Thr  
20 25 30

Tyr Ala His Ala Asp Phe Ala Leu Met Asp Gly Phe Gln Asp Gln Gly  
35 40 45

Asn Pro Tyr Trp Ala Met Met His Thr Asn Ser Tyr Lys Tyr Gly Tyr  
50 55 60

Ser Gly Pro Gly Asn Tyr Tyr Thr Tyr Ala His Val Tyr Asp Ile Asp  
65 70 75 80

Asp Tyr Met His Arg Ala Asp Gly Gly Arg Arg Val Trp Asp Asn Thr  
85 90 95

Thr Pro Ala Asn Asn Val Asp Ser Ala Asn Val Val Leu Gln Gly Ser  
100 105 110

Glu Ala Pro Arg Thr Thr Ala Asn Thr Thr Thr Glu Glu Cys Ile Gln  
115 120 125

Gln Val His Gln Ser Pro Gly Ser Pro His Val Val Trp Gln Asp Asn  
130 135 140

Ile Asp Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu  
145 150 155 160

Val Val Gly Thr Gln Ser Arg Gly Leu Ser Gln Glu Arg Ile Ser Ser  
165 170 175

Leu Pro Val Thr Lys Tyr Lys Cys Gly Phe Phe Ser Arg Lys Lys Thr  
180 185 190

Arg Arg Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Glu Tyr Arg Arg Gly Asn  
195 200 205

Leu Gln Met Thr Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Ala Ser Cys Val  
210 215 220

Thr Arg Trp Leu Ser Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys Phe Ala Glu  
225 230 235 240

Val Pro Gly Asp Glu Pro Lys Arg Gln  
245

<210> 76

<211> 249

<212> PRT

<213> Zea mays

<400> 76

Met Thr Ser Ser Arg Gln Met Glu Leu His Tyr Ile Asn Thr Gly Phe  
1 5 10 15

Pro Tyr Thr Ile Thr Glu Ser Phe Met Asp Phe Phe Glu Gly Leu Thr  
20 25 30

Tyr Ala His Ala Asp Phe Ala Leu Met Asp Gly Phe Gln Asp Gln Gly  
35 40 45

Asn Pro Tyr Trp Thr Met Met His Thr Asn Ser Tyr Lys Tyr Gly Tyr  
50 55 60

Ser Gly Ser Gly Asn Tyr Tyr Ser Tyr Ala His Ala Tyr Asp Ile Asp  
65 70 75 80

Asp Tyr Met His Arg Thr Asp Gly Gly Arg Arg Thr Trp Asp Asn Thr  
85 90 95

Thr Pro Val Asn Asn Val Asp Ser Ala Asn Val Val Leu Gln Gly Gly  
100 105 110

Glu Ala Pro Arg Thr Thr Ala Asn Thr Thr Ser Glu Asp Cys Ile Gln  
115 120 125

Gln Val His Gln Ser Pro Gly Ser Pro Gln Val Val Trp Gln Asp Asn  
130 135 140

Ile Asp Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu  
145 150 155 160

Ala Val Gly Thr Gln Ser Arg Gly Leu Ser Gln Glu Cys Ile Ser Leu  
165 170 175

Leu Pro Ile Thr Lys Tyr Lys Cys Gly Phe Phe Ser Arg Lys Lys Thr  
180 185 190

Arg Arg Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Glu Tyr Arg Arg Gly Asn  
195 200 205

Leu Gln Ile Thr Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Ala Ser Cys Val  
210 215 220

Thr Arg Trp Leu Ser Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys Phe Ala Glu  
225 230 235 240

Val Pro Gly Glu Asp Ser Leu Arg Gln  
245

<210> 77  
<211> 272  
<212> PRT  
<213> Oryza sativa

<400> 77

Met Thr Glu Ser His Glu Arg Asp Thr Glu Val Thr Arg Trp Gln Val  
1 5 10 15

His Asp Pro Ser Glu Gly Met Asn Gly Ser Arg Gln Met Glu Leu His  
20 25 30

Tyr Ile Asn Thr Gly Phe Pro Tyr Thr Ile Thr Glu Ser Phe Met Asp  
35 40 45

Phe Phe Glu Gly Leu Thr Tyr Ala His Ala Asp Phe Ala Ile Ala Asp  
50 55 60

Ala Phe His Asp Gln Ala Asn Pro Tyr Trp Ala Met Met His Thr Asn  
65 70 75 80

Ser Tyr Lys Tyr Gly Tyr Ser Gly Ala Gly Asn Tyr Tyr Ser Tyr Gly  
85 90 95

His Val Tyr Asp Met Asn Asp Tyr Met His Arg Ala Asp Gly Gly Arg  
100 105 110

Arg Ile Trp Asp Asn Ala Thr Pro Val Asn Asn Thr Glu Ser Pro Asn  
115 120 125

Val Val Leu Gln Gly Gly Glu Thr Pro His Ala Asn Thr Ser Ser Thr  
130 135 140

Thr Glu Glu Cys Ile Gln Gln Gln Val His Gln Asn Ser Ser Ser Pro  
145 150 155 160

Gln Val Ile Trp Gln Asp Asn Ile Asp Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu  
165 170 175

Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu Ala Val Gly Thr Gln Ser Arg Gly Leu  
180 185 190

Ser Gln Glu Arg Ile Ser Leu Leu Pro Val Thr Lys Tyr Lys Cys Gly  
195 200 205

Phe Phe Ser Arg Lys Lys Thr Arg Arg Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln  
210 215 220

Met Glu Tyr Arg Arg Gly Asn Leu Gln Met Thr Leu Pro Cys Lys His  
225 230 235 240

Val Tyr His Ala Ser Cys Val Thr Arg Trp Leu Ser Ile Asn Lys Val  
245 250 255

Cys Pro Val Cys Phe Ala Glu Val Pro Gly Asp Glu Pro Lys Arg Gln  
260 265 270

<210> 78



<211> 250  
 <212> PRT  
 <213> Oryza sativa

<400> 78

Met Asn Gly Ser Arg Gln Met Glu Leu His Tyr Ile Asn Thr Gly Phe  
 1 5 10 15

Pro Tyr Thr Ile Thr Glu Ser Phe Met Asp Phe Phe Glu Gly Leu Thr  
 20 25 30

Tyr Ala His Ala Asp Phe Ala Ile Ala Asp Ala Phe His Asp Gln Ala  
 35 40 45

Asn Pro Tyr Trp Ala Met Met His Thr Asn Ser Tyr Lys Tyr Gly Tyr  
 50 55 60

Ser Gly Ala Gly Asn Tyr Tyr Ser Tyr Gly His Val Tyr Asp Met Asn  
 65 70 75 80

Asp Tyr Met His Arg Ala Asp Gly Gly Arg Arg Ile Trp Asp Asn Ala  
 85 90 95

Thr Pro Val Asn Asn Thr Glu Ser Pro Asn Val Val Leu Gln Gly Gly  
 100 105 110

Glu Thr Pro His Ala Asn Thr Ser Ser Thr Thr Glu Glu Cys Ile Gln  
 115 120 125

Gln Gln Val His Gln Asn Ser Ser Ser Pro Gln Val Ile Trp Gln Asp  
 130 135 140

Asn Ile Asp Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly  
 145 150 155 160

Glu Ala Val Gly Thr Gln Ser Arg Gly Leu Ser Gln Glu Arg Ile Ser  
 165 170 175

Leu Leu Pro Val Thr Lys Tyr Lys Cys Gly Phe Phe Ser Arg Lys Lys  
 180 185 190

Thr Arg Arg Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Glu Tyr Arg Arg Gly  
195 200 205

Asn Leu Gln Met Thr Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Ala Ser Cys  
210 215 220

Val Thr Arg Trp Leu Ser Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys Phe Ala  
225 230 235 240

Glu Val Pro Gly Asp Glu Pro Lys Arg Gln  
245 250

<210> 79

<211> 251

<212> PRT

<213> Brachypodium distachyon

<400> 79

Met Asn Gly Ser Arg Gln Met Glu Leu His Tyr Ile Asn Thr Gly Phe  
1 5 10 15

Pro Tyr Thr Ile Thr Glu Ser Phe Met Asp Phe Phe Glu Gly Leu Thr  
20 25 30

Tyr Ala His Ala Asp Phe Ala Leu Ala Asp Ala Phe Gln Asp Gln Ala  
35 40 45

Asn Pro Tyr Trp Thr Met Met Gln Thr Asn Ser Tyr Lys Tyr Gly Tyr  
50 55 60

Ser Gly Ala Ser Asn Tyr Tyr Ser Tyr Gly His Val Tyr Asp Met Asn  
65 70 75 80

Asp Tyr Met His Arg Ala Asp Gly Gly Arg Arg Ile Trp Asp Asn Pro  
85 90 95

Thr Pro Ala Ser Asn Thr Asp Ser Pro Asn Val Val Leu Gln Gly Ala  
100 105 110

Ala Glu Ala Pro His Pro Arg Ala Ser Ser Thr Thr Glu Glu Cys Ile

115																			
Gln	Gln	Pro	Val	His	Gln	Asn	Ser	Ser	Ser	Pro	Gln	Val	Val	Trp	Gln				
130						135					140								
Asp	Asn	Val	Asp	Pro	Asp	Asn	Met	Thr	Tyr	Glu	Glu	Leu	Leu	Asp	Leu				
145					150					155					160				
Gly	Glu	Ala	Val	Gly	Thr	Gln	Ser	Arg	Gly	Leu	Ser	Gln	Glu	Arg	Ile				
				165					170					175					
Ser	Ser	Leu	Pro	Val	Thr	Lys	Tyr	Lys	Cys	Gly	Phe	Phe	Ser	Arg	Lys				
			180					185					190						
Lys	Thr	Arg	Arg	Glu	Arg	Cys	Val	Ile	Cys	Gln	Met	Glu	Tyr	Arg	Arg				
		195					200					205							
Gly	Asp	Leu	Gln	Met	Ala	Leu	Pro	Cys	Lys	His	Val	Tyr	His	Ala	Ser				
210						215					220								
Cys	Val	Thr	Arg	Trp	Leu	Ser	Ile	Asn	Lys	Val	Cys	Pro	Val	Cys	Phe				
225					230					235					240				
Ala	Glu	Val	Pro	Ser	Glu	Glu	Pro	Ser	Arg	Gln									
				245					250										

<210> 80  
 <211> 246  
 <212> PRT  
 <213> Solanum lycopersicum

<400> 80

Met	Asn	Trp	Asn	Gln	Gln	Thr	Glu	Ile	Tyr	Tyr	Thr	Asn	Gly	Ala	Met				
1				5					10					15					
Pro	Tyr	Asn	Ser	Ile	Gly	Ser	Phe	Met	Asp	Phe	Phe	Gly	Gly	Val	Thr				
			20					25					30						
Tyr	Asp	His	Val	Asn	Tyr	Ile	Phe	Ala	Asp	Pro	Pro	Tyr	Ala	Gln	Glu				
		35					40					45							

Ser Leu Tyr Pro Ser Ile Ser Thr Asn Pro Tyr Lys Phe Gly Tyr Ser  
50 55 60

Glu Ala Gly Ser Phe Ser Tyr Tyr Asp Tyr Asp Arg Glu Tyr Val Val  
65 70 75 80

Asn Asp His Val Ser Gly Ile Glu Glu His Asp Arg His Leu Glu Asn  
85 90 95

Pro Ser Thr Thr Thr Val Asn Val Ala Ala Asn Val His Arg Glu Glu  
100 105 110

Ile Ser Gly Ser Asn Ser Leu Thr Asn Ser Val Glu Cys Pro Arg Gly  
115 120 125

Gln Ile Asn Thr Arg Asp Ser Glu Val Val Trp Gln Asp Asn Ile Asp  
130 135 140

Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Glu Leu Gly Glu Ala Val  
145 150 155 160

Gly Thr Gln Ser Arg Gly Leu Ser Gln Asn Gln Ile Ser Leu Leu Pro  
165 170 175

Val Thr Lys Phe Lys Cys Gly Phe Phe Ser Arg Lys Lys Ser Arg Lys  
180 185 190

Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Glu Tyr Lys Arg Lys Asp Gln Gln  
195 200 205

Val Thr Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Ala Gly Cys Gly Ser Arg  
210 215 220

Trp Leu Ser Ile Asn Lys Ala Cys Pro Ile Cys Tyr Thr Glu Val Val  
225 230 235 240

Ile Asn Thr Ser Lys Arg  
245

<210> 81  
 <211> 240  
 <212> PRT  
 <213> Ricinus communis

<400> 81

Met Glu Val His Tyr Ile Asn Thr Gly Phe Pro Tyr Thr Val Thr Glu  
 1 5 10 15

Ser Phe Leu Asp Phe Phe Glu Gly Leu Ser His Val Pro Val His Tyr  
 20 25 30

Ala His Thr Gly Gln Val Leu Asp Gln Val Gln Glu Asn Ala Tyr Trp  
 35 40 45

Ser Met Asn Met Asn Ala Tyr Lys Tyr Gly Phe Ser Gly Pro Gly Ser  
 50 55 60

Thr Tyr Tyr Asp Pro Tyr Glu Val Asn Asp Asn Leu Pro Arg Met Asp  
 65 70 75 80

Val Ser Arg Ser Thr Trp Glu Tyr Pro Ser Val Val Asn Met Glu Glu  
 85 90 95

Ala Thr Thr Thr Asp Thr Gln Ser Glu Gly Asp Ala Val Val Gly Val  
 100 105 110

His Ala Ser Pro Glu Glu Cys Ile Pro Asn His Thr Ser Gly Asp Ser  
 115 120 125

Pro Gln Gly Val Trp Gln Asp Asp Val Asp Pro Asp Asn Met Thr Tyr  
 130 135 140

Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu Thr Val Gly Thr Gln Ser Arg Gly  
 145 150 155 160

Leu Ser Gln Glu Leu Ile Ser Leu Leu Pro Thr Ser Lys Cys Lys Phe  
 165 170 175

Arg Ser Phe Phe Leu Arg Lys Lys Ala Gly Glu Arg Cys Val Ile Cys  
 180 185 190

Gln Met Arg Tyr Lys Arg Gly Asp Lys Gln Met Lys Leu Pro Cys Lys  
195 200 205

His Val Tyr His Ser Glu Cys Ile Ser Lys Trp Leu Gly Ile Asn Lys  
210 215 220

Val Cys Pro Val Cys Asn Asn Glu Val Phe Gly Glu Asp Ser Arg His  
225 230 235 240

<210> 82

<211> 203

<212> PRT

<213> Populus trichocarpa

<400> 82

Met Glu Val His Tyr Met Asn Thr Asp Phe Pro Tyr Thr Thr Thr Glu  
1 5 10 15

Ser Phe Met Asp Phe Phe Glu Gly Leu Thr His Ala Pro Val Asn Tyr  
20 25 30

Ala His Asn Gly Pro Met His Asp Gln Asp Asn Ala Tyr Trp Ser Met  
35 40 45

Asn Met Asn Ala Tyr Lys Phe Gly Phe Ser Gly Leu Gly Ser Thr Ser  
50 55 60

Tyr Tyr Ser Pro Tyr Glu Val Asn Asp Asn Leu Pro Arg Met Asp Val  
65 70 75 80

Ser Arg Met Ala Trp Glu Tyr Pro Ser Val Val Ile Lys Ala Leu Trp  
85 90 95

Gln Asp Asp Val Asp Pro Asp Thr Met Thr Tyr Glu Glu Leu Val Asp  
100 105 110

Leu Gly Glu Thr Val Gly Thr Gln Ser Lys Gly Leu Ser Pro Glu Leu  
115 120 125

Ile Ser Leu Leu Pro Thr Ser Lys Cys Lys Phe Gly Ser Phe Phe Ser  
130 135 140

Arg Lys Arg Ser Gly Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Lys Tyr Lys  
145 150 155 160

Arg Gly Asp Lys Gln Ile Lys Leu Leu Cys Lys His Ala Tyr His Ser  
165 170 175

Glu Cys Ile Thr Lys Trp Leu Gly Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys  
180 185 190

Asn Asp Glu Val Phe Gly Glu Glu Ser Arg Asn  
195 200

<210> 83  
<211> 247  
<212> PRT  
<213> Glycine max

<400> 83

Met Asn Asp Gly Arg Gln Met Gly Val His Tyr Val Asp Ala Gly Phe  
1 5 10 15

Pro Tyr Ala Val Asn Asp Asn Phe Val Asp Phe Phe Gln Gly Phe Thr  
20 25 30

His Val Pro Val Asn Tyr Ala Phe Ala Gly Ser Ile Pro Asp Gln Glu  
35 40 45

Ser Val Tyr Trp Ser Met Asn Met Asn Pro Tyr Lys Phe Gly Leu Ser  
50 55 60

Gly Pro Gly Ser Thr Ser Tyr Tyr Ser Ser Tyr Glu Val Asn Gly His  
65 70 75 80

Leu Pro Arg Met Glu Ile Asp Arg Ala Glu Trp Glu Tyr Pro Ser Thr  
85 90 95

Ile Thr Thr Val Glu Glu Pro Ala Thr Thr Asp Ser Pro Pro Arg Arg  
100 105 110

Asp Gly Val Thr Ser Met Gln Thr Ile Pro Glu Glu Cys Ser Pro Asn  
115 120 125

His His Glu Ser Asn Ser Ser Ser Gln Val Ile Trp Gln Asp Asn Ile  
130 135 140

Tyr Pro Asp Asp Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu Ala  
145 150 155 160

Val Gly Thr Gln Ser Arg Gly Leu Ser Gln Glu Leu Ile Asp Met Leu  
165 170 175

Pro Thr Ser Lys Tyr Lys Phe Gly Ser Leu Phe Lys Arg Lys Asn Ser  
180 185 190

Gly Lys Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Thr Tyr Arg Arg Gly Asp Gln  
195 200 205

Gln Met Lys Leu Pro Cys Ser His Val Tyr His Gly Glu Cys Ile Thr  
210 215 220

Lys Trp Leu Ser Ile Asn Lys Lys Cys Pro Val Cys Asn Thr Glu Val  
225 230 235 240

Phe Gly Glu Glu Ser Thr His  
245

<210> 84  
<211> 247  
<212> PRT  
<213> Glycine max

<400> 84

Met Asn Asp Gly Arg Gln Met Gly Val Asn Tyr Val Asp Ala Gly Phe  
1 5 10 15

Pro Tyr Ala Val Asn Glu Asn Phe Val Asp Phe Phe Gln Gly Phe Thr  
20 25 30



Pro Val Pro Val Asn Tyr Ala Phe Ala Gly Ser Ile Pro Asp Gln Glu  
35 40 45

Ser Val Tyr Trp Ser Met Asn Met Asn Pro Tyr Lys Phe Gly Leu Ser  
50 55 60

Gly Pro Gly Ser Thr Ser Tyr Tyr Ser Ser Tyr Glu Val Asn Gly His  
65 70 75 80

Leu Pro Arg Met Glu Ile Asp Arg Ala Glu Trp Glu Tyr Pro Ser Thr  
85 90 95

Ile Thr Thr Val Glu Glu Pro Ala Thr Thr Asp Ser Pro Pro Arg Arg  
100 105 110

Asp Gly Val Thr Asn Met Gln Thr Ile Pro Glu Glu Cys Ser Pro Asn  
115 120 125

His His Glu Ser Asn Ser Ser Ser Gln Val Ile Trp Gln Asp Asn Ile  
130 135 140

Asp Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu Ala  
145 150 155 160

Val Gly Thr Gln Ser Arg Gly Leu Ser Gln Glu Leu Ile Asp Met Leu  
165 170 175

Pro Thr Ser Lys Tyr Lys Phe Gly Asn Leu Phe Lys Arg Lys Asn Ser  
180 185 190

Gly Lys Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Thr Tyr Arg Arg Gly Asp Gln  
195 200 205

Gln Met Lys Leu Pro Cys Ser His Val Tyr His Gly Glu Cys Ile Thr  
210 215 220

Lys Trp Leu Ser Ile Asn Lys Lys Cys Pro Val Cys Asn Thr Glu Val  
225 230 235 240

Phe Gly Glu Glu Ser Thr His

245

<210> 85  
 <211> 247  
 <212> PRT  
 <213> Vitis vinifera

<400> 85

Met Asn Gly Asn Arg Gln Met Glu Val His Tyr Ile Asn Thr Gly Phe  
 1 5 10 15

Pro Tyr Thr Ile Thr Glu Ser Phe Met Asp Phe Phe Glu Gly Leu Gly  
 20 25 30

His Val Pro Val Asn Tyr Ala Gln Ala Glu Ala Met His Asn Gln Ser  
 35 40 45

Ile Gln Glu Asn Phe Tyr Trp Thr Met Asn Met Asn Ser Tyr Lys Phe  
 50 55 60

Gly Phe Ser Gly Pro Gly Ser Thr Tyr Tyr Gly Pro Tyr Asp Val Asn  
 65 70 75 80

Glu His Val Pro Gly Ile Glu Val Ser Arg Arg Pro Trp Glu Tyr Pro  
 85 90 95

Ser Ser Met Ile Val Glu Glu Pro Thr Thr Ile Glu Thr Gln Pro Thr  
 100 105 110

Gly Asn Glu Val Met Asn Val His Ala Ile Pro Glu Glu Cys Ser Pro  
 115 120 125

Asn His Tyr Ser Ala Thr Ser Ser Gln Ala Ile Trp Gln Asp Asn Val  
 130 135 140

Asp Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu Ala  
 145 150 155 160

Val Gly Thr Gln Ser Arg Gly Leu Ser Gln Glu His Ile Asn Leu Leu  
 165 170 175

Pro Thr Cys Arg Tyr Lys Ser Gly Arg Leu Phe Ser Arg Lys Arg Ser  
180 185 190

Ala Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Gly Tyr Lys Arg Gly Asp Arg  
195 200 205

Gln Ile Lys Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Thr Asp Cys Gly Thr  
210 215 220

Lys Trp Leu Thr Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys Asn Ile Glu Val  
225 230 235 240

Phe Gly Glu Glu Ser Arg His  
245

<210> 86  
<211> 242  
<212> PRT  
<213> Theobroma cacao

<400> 86

Met Asn Gly Asn Arg Gln Met Glu Val His Tyr Ile Asp Thr Gly Phe  
1 5 10 15

Pro Tyr Thr Ala Thr Glu Ser Phe Met Asp Phe Phe Glu Gly Leu Thr  
20 25 30

His Val Pro Val Asn Tyr Thr His Thr Val Pro Met Gln Asp Gln Glu  
35 40 45

Asn Ile Tyr Trp Ser Met Ser Met Asn Ala Tyr Lys Phe Gly Phe Ser  
50 55 60

Gly Pro Glu Ser Thr Phe Tyr Ser Pro Tyr Glu Val Ser Asp His Leu  
65 70 75 80

Pro Arg Met Asp Val Ser Arg Arg Thr Trp Asp Tyr Pro Ser Thr Leu  
85 90 95

Asn Ser Glu Glu Pro Ala Thr Ile Asp Met Gln Pro Gly Gly Glu Ala

			100						105				110				
Val	Val	Gly 115	Ile	His	Ala	Ile	Pro	Glu	Glu	Cys	Ile	Thr 125	Asn	His	Gln		
Ser	Asn 130	Ser	Asn	Ser	Gln	Val 135	Val	Trp	Gln	Asp	Asn 140	Ile	Asp	Pro	Asp		
Asn 145	Met	Thr	Tyr	Glu	Glu 150	Leu	Leu	Asp	Leu	Gly 155	Glu	Thr	Ile	Gly	Ser 160		
Gln	Ser	Arg	Gly	Leu 165	Ser	Gln	Glu	Leu	Ile 170	Asp	Leu	Leu	Pro	Thr 175	Ser		
Lys	Cys	Lys	Phe 180	Gly	Ser	Phe	Phe	Ser 185	Thr	Lys	Arg	Glu	Arg 190	Cys	Val		
Ile	Cys	Gln 195	Met	Arg	Tyr	Lys	Arg 200	Gly	Glu	Gln	Gln	Met 205	Lys	Leu	Pro		
Cys	Lys 210	His	Val	Tyr	His	Ser 215	Gln	Cys	Ile	Thr	Lys 220	Trp	Leu	Ser	Ile		
Asn 225	Lys	Ile	Cys	Pro	Val 230	Cys	Asn	Asn	Glu	Val 235	Phe	Gly	Glu	Glu	Ser 240		

Arg His

```
<210> 87
<211> 245
<212> PRT
<213> Prunus persica
```

<400> 87

Met Asn Gly Asn Gly Gln Met Asp Val His Tyr Ile Asp Thr Asp Phe  
1 5 10 15

Pro Tyr Thr Pro Thr Glu Ser Phe Met Asp Phe Phe Gly Gly Val Thr  
20 25 30

His Val Pro Met Asn Tyr Gly His Ala Met Pro Met His Asp Gln Glu  
35 40 45

Thr Ala Tyr Trp Ser Met Asn Met His Ser Tyr Lys Phe Gly Pro Ser  
50 55 60

Gly Pro Gly Ser Asn Ser Tyr Tyr Gly Asn Tyr Tyr Glu Val Asn Asp  
65 70 75 80

His Leu Pro Arg Met Asp Val Ser Arg Arg Thr Trp Glu His Pro Ser  
85 90 95

Val Met Asn Ser Glu Glu Pro Ala Asn Ile Asp Ser His Pro Glu Glu  
100 105 110

Glu Asp Ala Val Ala Glu Ala Ala Pro Glu Glu Cys Ile Gln Asn Gln  
115 120 125

Gln Asn Thr Asn Thr Ser Gln Val Val Trp Gln Glu Asp Ile Asp Pro  
130 135 140

Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu Ala Val Gly  
145 150 155 160

Thr Gln Ser Arg Gly Leu Ser Asp Glu Leu Ile Ser Leu Leu Pro Thr  
165 170 175

Ser Lys Tyr Lys Cys Gly Ser Phe Phe Ser Arg Lys Lys Ser Gly Glu  
180 185 190

Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Arg Tyr Lys Arg Gly Asp Arg Gln Ile  
195 200 205

Asn Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Ser Glu Cys Ile Ser Lys Trp  
210 215 220

Leu Gly Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys Asn Leu Glu Val Ser Gly  
225 230 235 240

Glu Glu Ser Arg His  
245

<210> 88  
<211> 243  
<212> PRT  
<213> Capsella rubella

<400> 88

Met Asn Gly Asp Arg Pro Val Glu Asp Ala His Tyr Thr Glu Ala Glu  
1 5 10 15

Phe Pro Tyr Ala Ala Ser Gly Ser Tyr Ile Asp Phe Tyr Gly Gly Ala  
20 25 30

Pro Gln Gly Pro Leu Asn Tyr Ala His Ala Gly Thr Met Asp Asn Leu  
35 40 45

Tyr Trp Thr Met Asn Thr Asn Ala Tyr Lys Phe Gly Phe Ser Gly Ser  
50 55 60

Asp Asn Pro Ser Phe Tyr Asn Ser Tyr Asp Met Thr Asp His Leu Ser  
65 70 75 80

Arg Met Ser Ile Gly Arg Thr Asn Trp Glu Tyr His Pro Met Val Asn  
85 90 95

Val Asp Asp Pro Asp Ile Thr Leu Ala Arg Ser Val Gln Ile Gly Asp  
100 105 110

Ser Asp Glu His Ser Glu Ala Glu Asp Cys Ile Ala Asn Glu His Asp  
115 120 125

Pro Asp Ser Pro Gln Val Ser Trp Gln Asp Asp Ile Asp Pro Asp Thr  
130 135 140

Met Thr Tyr Glu Glu Leu Val Glu Leu Gly Glu Ala Val Gly Thr Glu  
145 150 155 160

Ser Arg Gly Leu Ser Gln Glu Leu Ile Glu Thr Leu Pro Thr Arg Lys  
165 170 175

Phe Lys Phe Gly Ser Ile Phe Ser Arg Lys Arg Ala Gly Glu Arg Cys  
180 185 190

Val Ile Cys Gln Leu Lys Tyr Lys Ile Gly Glu Arg Gln Met Asn Leu  
195 200 205

Pro Cys Lys His Val Tyr His Ser Glu Cys Ile Ser Lys Trp Leu Ser  
210 215 220

Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys Asn Thr Glu Val Phe Gly Asp Pro  
225 230 235 240

Ser Ile His

<210> 89

<211> 248

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 89

Met Asn Gly Asp Asn Arg Pro Val Glu Asp Ala His Tyr Thr Glu Thr  
1 5 10 15

Gly Phe Pro Tyr Ala Ala Thr Gly Ser Tyr Met Asp Phe Tyr Gly Gly  
20 25 30

Ala Ala Gln Gly Pro Leu Asn Tyr Asp His Ala Ala Thr Met His Pro  
35 40 45

Gln Asp Asn Leu Tyr Trp Thr Met Asn Thr Asn Ala Tyr Lys Phe Gly  
50 55 60

Phe Ser Gly Ser Asp Asn Ala Ser Phe Tyr Gly Ser Tyr Asp Met Asn  
65 70 75 80

Asp His Leu Ser Arg Met Ser Ile Gly Arg Thr Asn Trp Asp Tyr His  
85 90 95

Pro Met Val Asn Val Ala Asp Asp Pro Glu Asn Thr Val Ala Arg Ser  
100 105 110

Val Gln Ile Gly Asp Thr Asp Glu His Ser Glu Ala Glu Glu Cys Ile  
115 120 125

Ala Asn Glu His Asp Pro Asp Ser Pro Gln Val Ser Trp Gln Asp Asp  
130 135 140

Ile Asp Pro Asp Thr Met Thr Tyr Glu Glu Leu Val Glu Leu Gly Glu  
145 150 155 160

Ala Val Gly Thr Glu Ser Arg Gly Leu Ser Gln Glu Leu Ile Glu Thr  
165 170 175

Leu Pro Thr Lys Lys Tyr Lys Phe Gly Ser Ile Phe Ser Arg Lys Arg  
180 185 190

Ala Gly Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln Leu Lys Tyr Lys Ile Gly Glu  
195 200 205

Arg Gln Met Asn Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Ser Glu Cys Ile  
210 215 220

Ser Lys Trp Leu Ser Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys Asn Ser Glu  
225 230 235 240

Val Phe Gly Glu Pro Ser Ile His  
245

<210> 90

<211> 243

<212> PRT

<213> Solanum lycopersicum

<400> 90

Met Ser Gly Asp Gln His Met Glu Ala Met His Tyr Met Asn Met Gly  
1 5 10 15

Phe Pro Tyr Asn Val Pro Glu Ser Phe Pro Gly Phe Leu Asp Gly Val  
20 25 30



Ser Gln Ala Pro Ile Ile Gln Tyr His Asn Asn Pro Val Gln Ile Gln  
35 40 45

Asp Gln Glu Asn Ala Tyr Trp Ser Met Asn Met Ser Tyr Tyr Lys Tyr  
50 55 60

Glu His Ser Asn Leu Glu Ser Thr Ser Tyr His Ser Tyr Glu Thr Gly  
65 70 75 80

Asn Asn His Val Ser Arg Pro Asp Phe Ser Glu Arg Pro Trp Glu Tyr  
85 90 95

Ala Val Pro Met Asn Val His Glu Gly Val Ser Thr Asp Val Ile Tyr  
100 105 110

Glu Glu Asn Thr Val Pro Val Glu Asp Val Gly Thr Glu Glu Cys Val  
115 120 125

Leu Ser Asn Gln Asp Asp Ser Asn His Gln Asp Ile Leu Glu Asp Glu  
130 135 140

Ile Asp Leu Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu  
145 150 155 160

Thr Val Gly Thr Glu Ser Arg Gly Leu Ala Glu Glu Leu Ile Asn Leu  
165 170 175

Leu Pro Thr Thr Lys Tyr Lys Ser Asn Gly Ile Phe Ser Arg Lys Lys  
180 185 190

Ser Glu Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Arg Tyr Lys Arg Gly Asp  
195 200 205

Arg Gln Ile Asn Phe Pro Cys Lys His Ile Tyr His Thr Glu Cys Gly  
210 215 220

Ser Lys Trp Leu Ser Ile Asn Lys Arg Cys Ser Leu Met Asn Glu Val  
225 230 235 240

Val Gln Trp

<210> 91  
 <211> 10  
 <212> PRT  
 <213> Штучна послідовність  
  
 <220>  
 <223> Синтетична послідовність: LIM-домен  
  
 <220>  
 <221> ВАРІАНТ  
 <222> (2)..(3)  
 <223> Хаа - це будь-яка амінокислота  
  
 <220>  
 <221> ВАРІАНТ  
 <222> (5)..(6)  
 <223> Хаа - це будь-яка амінокислота  
  
 <220>  
 <221> ВАРІАНТ  
 <222> (8)..(9)  
 <223> Хаа - це будь-яка амінокислота  
  
 <400> 91  
  
 His Хаа Хаа Cys Хаа Хаа Cys Хаа Хаа Cys  
 1 5 10

#### ФОРМУЛА ВИНАХОДУ

- 5 1. Спосіб підвищення врожайності рослини, який включає:  
зниження експресії або активності поліпептиду DA2 у клітинах зазначеної рослини,  
при цьому зазначений поліпептид DA2 містить RING-домен з послідовністю SEQ ID NO: 2, і  
зазначена рослина має знижену експресію або активність поліпептиду DA1 або знижену  
експресію або активність поліпептиду DA1 і поліпептиду EOD1, при цьому експресія або  
10 активність поліпептиду DA2 знижена шляхом:  
а) введення мутації в нуклеотидну послідовність клітини рослини, яка кодує поліпептид DA2 і  
яка регулює його експресію, і регенерування рослини з такої клітини, що мутувала;  
б) вбудовування в клітину зазначеної рослини гетерологічної нуклеїнової кислоти, яка експресує  
супресорну нуклеїнову кислоту, що знижує експресію поліпептиду DA2.
- 15 2. Спосіб за п. 1, який **відрізняється** тим, що  
експресія або активність поліпептиду DA1 і/або поліпептиду EOD1 всередині клітин зазначеної  
рослини знижена шляхом:  
а) введення мутації в нуклеотидну послідовність клітини рослини, яка кодує поліпептид DA1  
і/або поліпептид EOD1, або яка регулює його експресію, і регенерування рослини з такої  
20 клітини, що мутувала;  
б) вбудовування в клітину зазначеної рослини гетерологічної нуклеїнової кислоти, яка експресує  
супресорну нуклеїнову кислоту, що знижує експресію поліпептиду DA1 і/або поліпептиду EOD1;  
або

с) здійснення експресії домінантно-негативного поліпептиду DA1 у клітинах зазначеної рослини.  
3. Спосіб за п. 1 або п. 2, згідно з яким забезпечують припинення експресії або активності поліпептиду DA2 в клітинах зазначеної рослини.

4. Спосіб одержання рослини з підвищеною врожайністю, який включає:

- 5 забезпечення клітини рослини, що є дефіцитною за експресією або активністю поліпептиду DA1, поліпептиду EOD1 або обох поліпептидів DA1 і EOD1, вбудовування в зазначену клітину рослини гетерологічної нуклеїнової кислоти, яка знижує експресію або активність поліпептиду DA2, що містить RING-домен з послідовністю SEQ ID NO: 2, або введення мутації, яка знижує експресію або активність поліпептиду DA2, що містить RING-домен з послідовністю SEQ ID NO: 2, і
- 10 регенерування рослини з однієї або більше трансформованих клітин.

5. Спосіб за п. 4, який **відрізняється** тим, що зазначена гетерологічна нуклеїнова кислота експресує супресорну нуклеїнову кислоту, яка знижує експресію поліпептиду DA2 в клітині зазначеної рослини і/або зазначена гетерологічна нуклеїнова кислота призводить до
- 15 припинення експресії або активності поліпептиду DA2 в клітині зазначеної рослини.

6. Спосіб за п. 4 або п. 5, який **відрізняється** тим, що клітина рослини містить мутацію в нуклеотидній послідовності клітини рослини, що кодує поліпептид DA1, або яка регулює його експресію, додаткову гетерологічну нуклеїнову кислоту, що експресує супресорну нуклеїнову кислоту, яка знижує експресію поліпептиду DA1 у клітині зазначеної рослини, або додаткову
- 20 гетерологічну нуклеїнову кислоту, що експресує домінантно-негативний поліпептид DA1 у клітинах зазначеної рослини.

7. Спосіб за будь-яким із пп. 1-6, який **відрізняється** тим, що рослина має збільшений розмір, збільшений розмір насіння та/або збільшений розмір органів щодо рослин дикого типу.

8. Спосіб за будь-яким із пп. 1-7, який **відрізняється** тим, що нуклеїнова кислота, яка кодує домінантно-негативний поліпептид DA1 і/або супресорну нуклеїнову кислоту, функціонально
- 25 пов'язана з гетерологічним промотором.

9. Спосіб за будь-яким із пп. 1-8, який включає статеве або вегетативне розмноження або вирощування потомства або нащадків зазначеної рослини, що має знижену експресію або активність DA2.

- 30 10. Спосіб за будь-яким із пп. 1-9, який **відрізняється** тим, що поліпептид DA2 містить перший консенсусний домен з послідовністю SEQ ID NO: 36 і/або другий консенсусний домен з послідовністю SEQ ID NO: 37.

11. Спосіб за будь-яким із пп. 1-10, який **відрізняється** тим, що поліпептид DA2 містить амінокислотну послідовність, ідентичну щонайменше на 50 % будь-якій з послідовностей SEQ
- 35 ID NO: 20-35.

12. Спосіб за будь-яким із пп. 1-11, який **відрізняється** тим, що поліпептид DA1 містить LIM-домен з послідовністю SEQ ID NO: 38 або 39.

13. Спосіб за п. 12, який **відрізняється** тим, що поліпептид DA1 містить C-кінцеву область, ідентичну щонайменше на 50 % амінокислотних залишків з 229 по 532 послідовності SEQ ID
- 40 NO: 45.

14. Спосіб за будь-яким із пп. 1-13, який **відрізняється** тим, що поліпептид DA1 містить послідовність, ідентичну щонайменше на 50 % будь-якій з послідовностей SEQ ID NO: 41-64.

15. Спосіб за будь-яким із пп. 1-14, який **відрізняється** тим, що домінантно-негативний поліпептид DA1 містить заміну амінокислотного залишку R на амінокислотний залишок K у
- 45 положенні в амінокислотній послідовності поліпептиду DA1, яке еквівалентно положенню 358 у поліпептиді DA1 з послідовністю SEQ ID NO: 45.

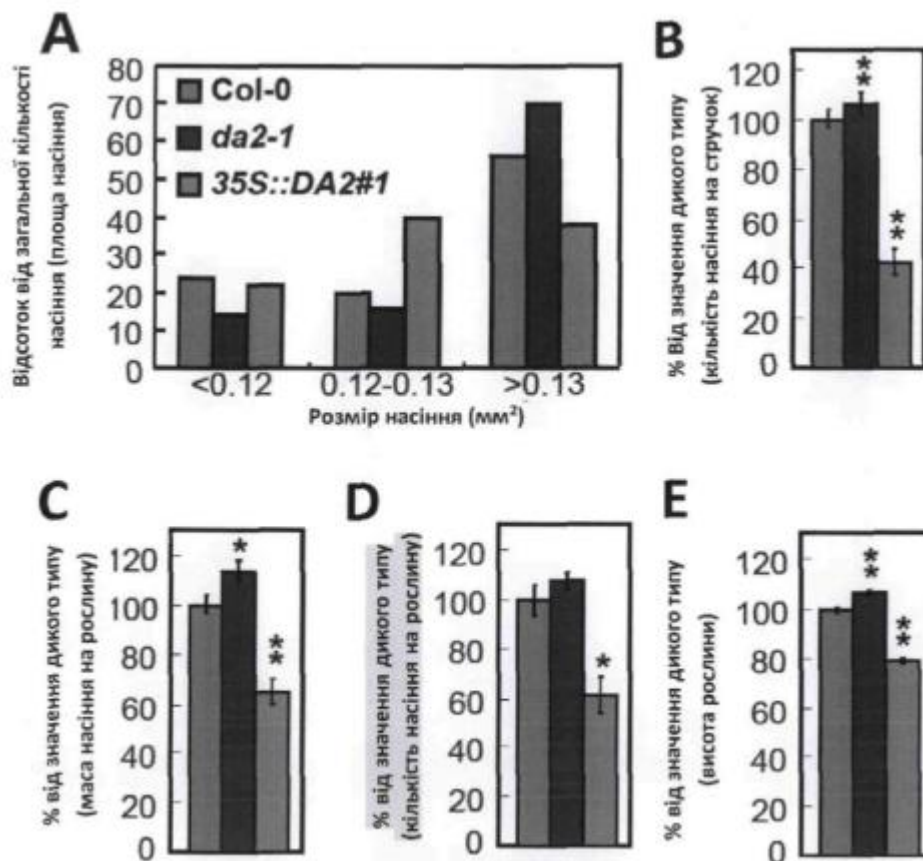
16. Спосіб за будь-яким із пп. 1-15, який **відрізняється** тим, що поліпептид EOD1 містить послідовність, ідентичну щонайменше на 50 % будь-якій з послідовностей SEQ ID NO: 74-90.

17. Спосіб за будь-яким із пп. 1-16, який **відрізняється** тим, що рослина являє собою вищу
- 50 рослину.

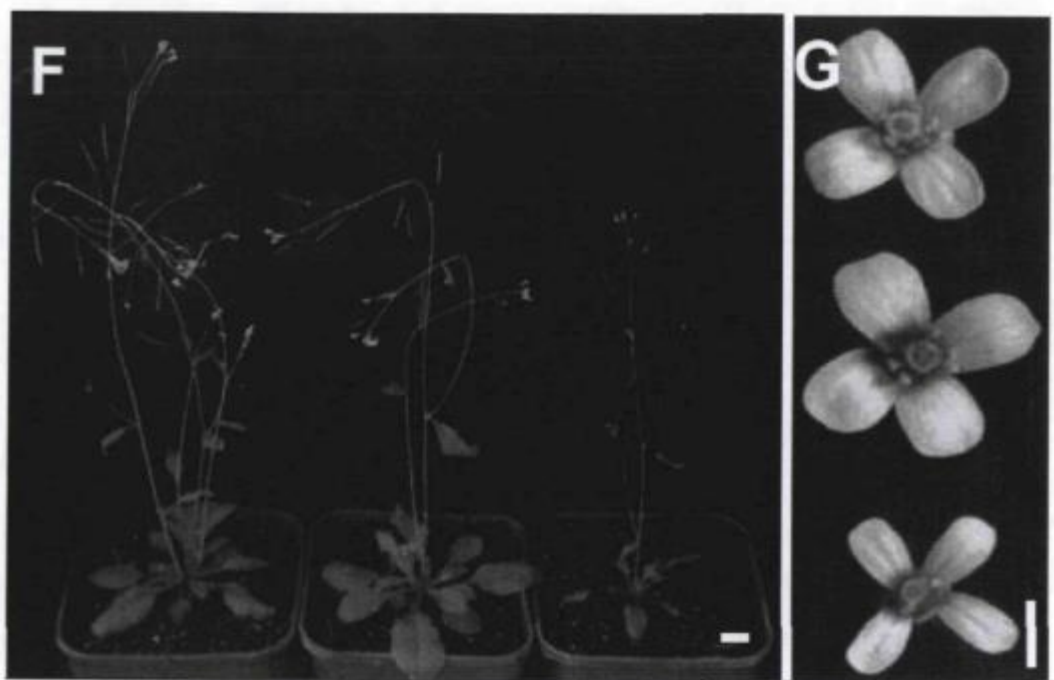
18. Спосіб за будь-яким із пп. 1-17, який **відрізняється** тим, що зазначена рослина являє собою вищу рослину, при цьому необов'язково зазначена рослина являє собою сільськогосподарську рослину, вибрану з групи, що складається з тютюну, гарбузів, моркви, капусти, динь, стручкових перців, виноградів, салату-латуку, полуниці, рапсу, цукрового буряка, пшениці, ячменя,
- 55 кукурудзи, рису, сої, гороху, сорго, соняшника, томату, картоплі, болгарського перцю, льону, коноплі та жита.

19. Рослина, яка має знижену експресію або активність поліпептиду DA2, що містить RING-домен з послідовністю SEQ ID NO: 2, і знижену експресію або активність поліпептиду DA1 або поліпептидів DA1 і EOD1,

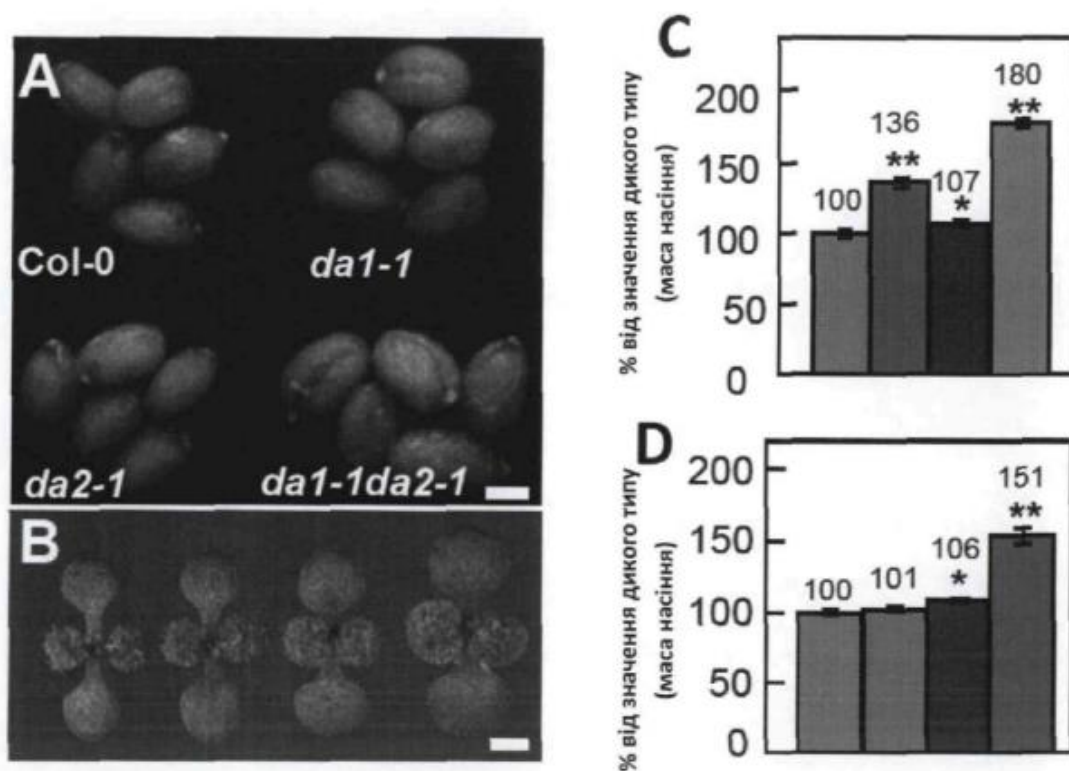
- при цьому експресія або активність одного або більше зазначених поліпептидів DA2, DA1 і EOD1 знижена шляхом вбудовування гетерологічної нуклеїнової кислоти в одну або більше клітин зазначеної рослини,
- при цьому зазначена гетерологічна нуклеїнова кислота експресує супресорну нуклеїнову кислоту, яка знижує експресію зазначених одного або більше поліпептидів.
20. Рослина за п. 19, яка отримана способом за будь-яким із пп. 1-18.



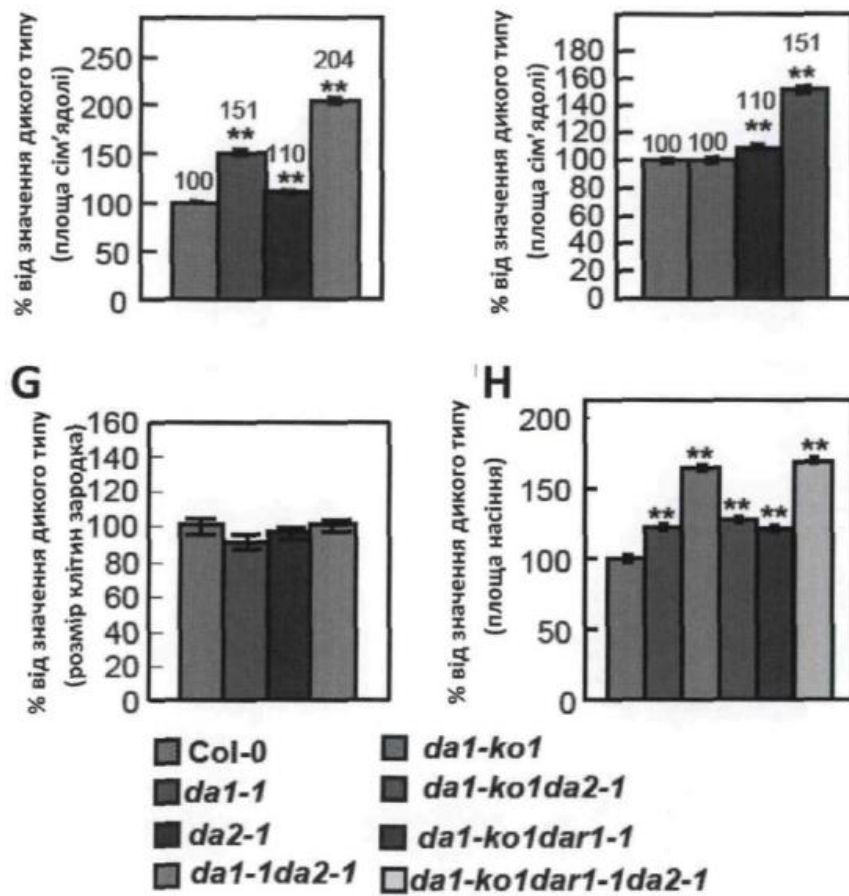
Фігура 1



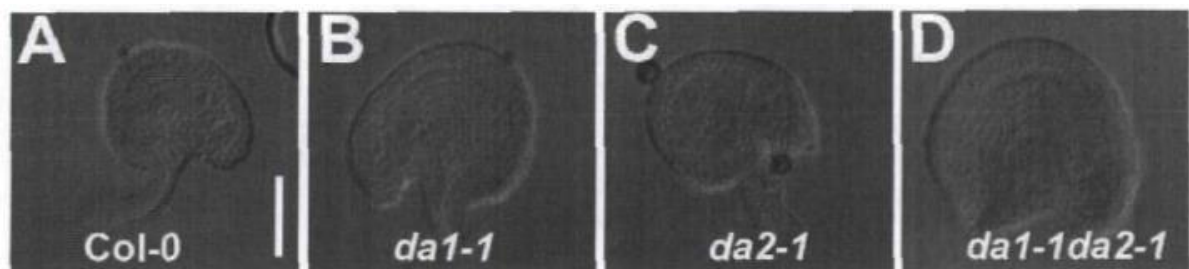
Фігура 2



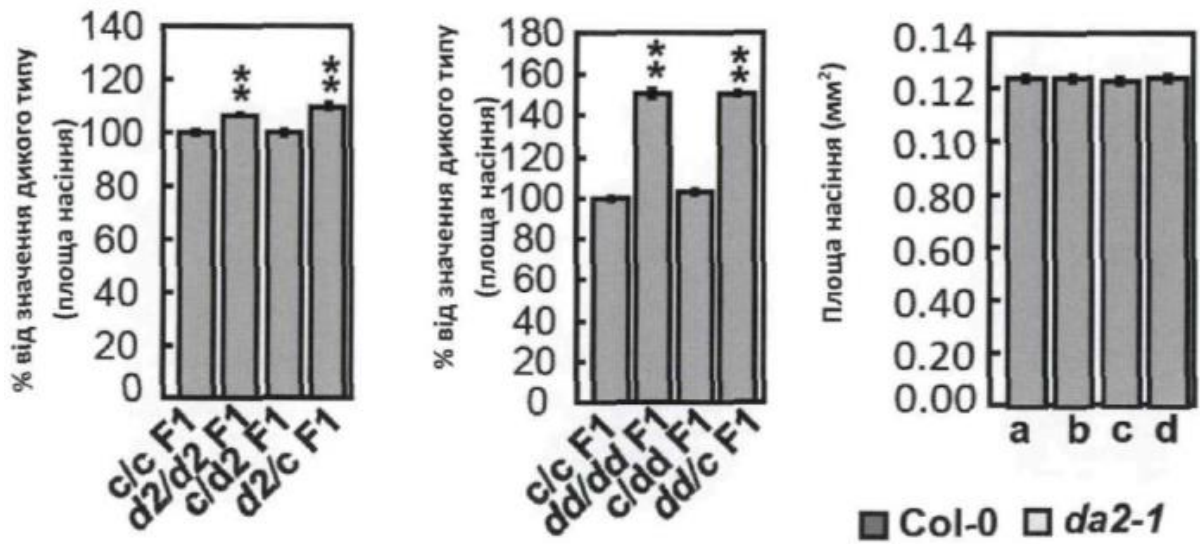
Фігура 3



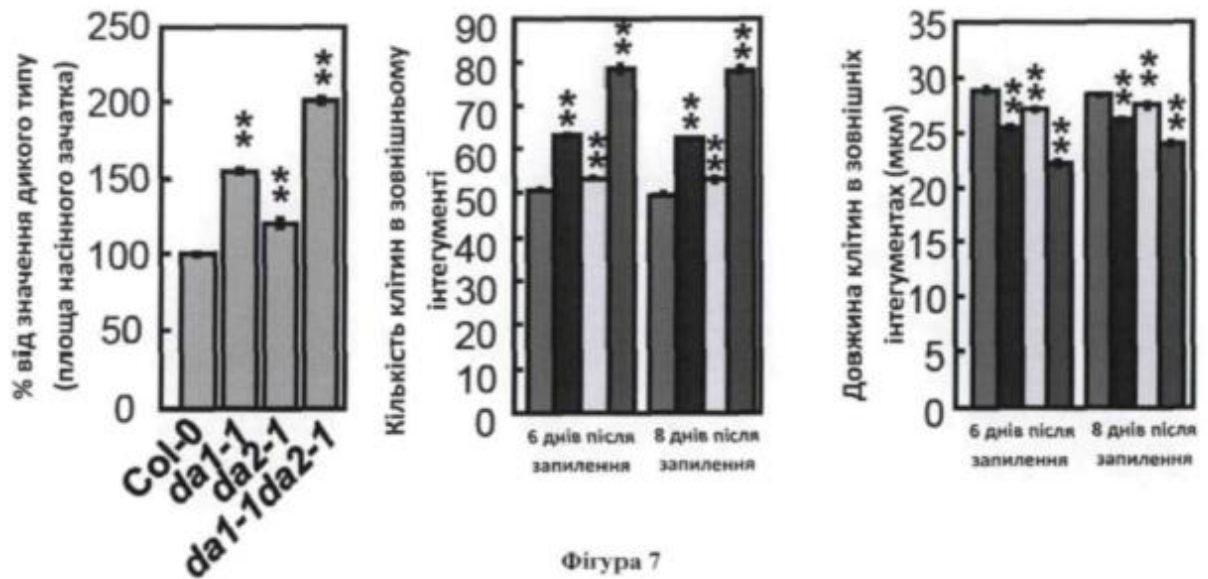
Фігура 4



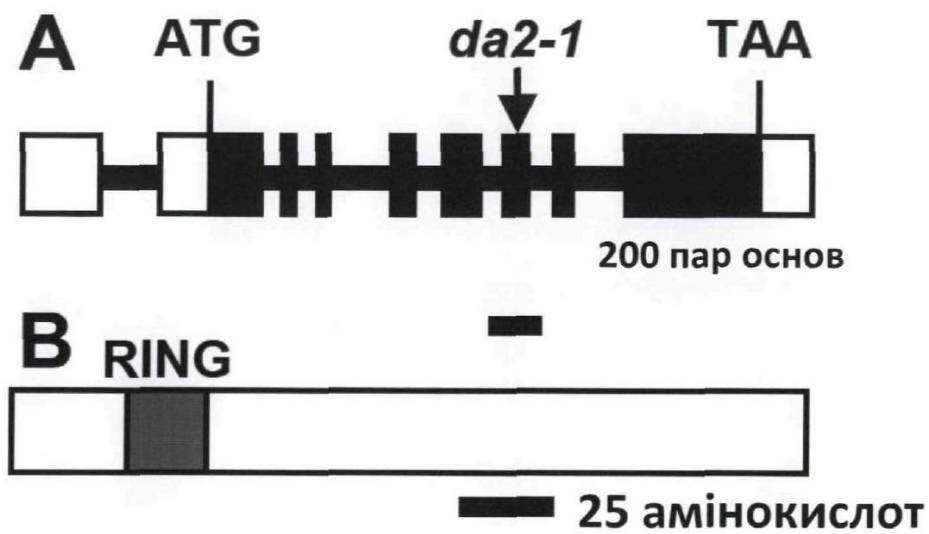
Фігура 5



Фігура 6

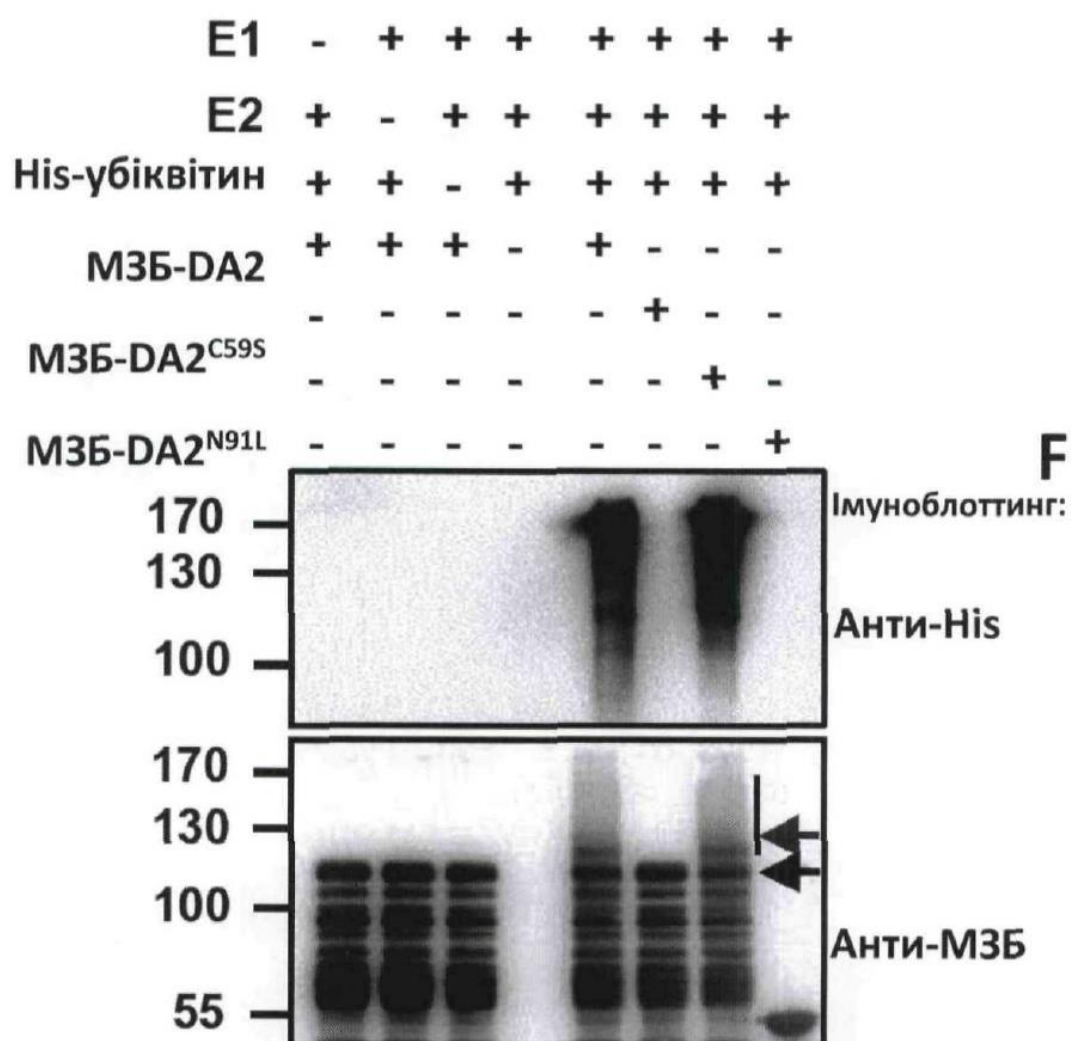


Фігура 7



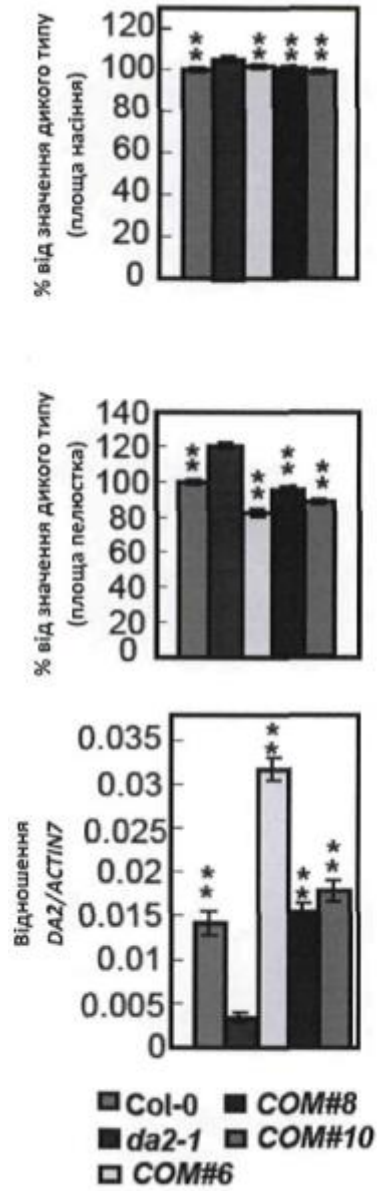
Фігура 8



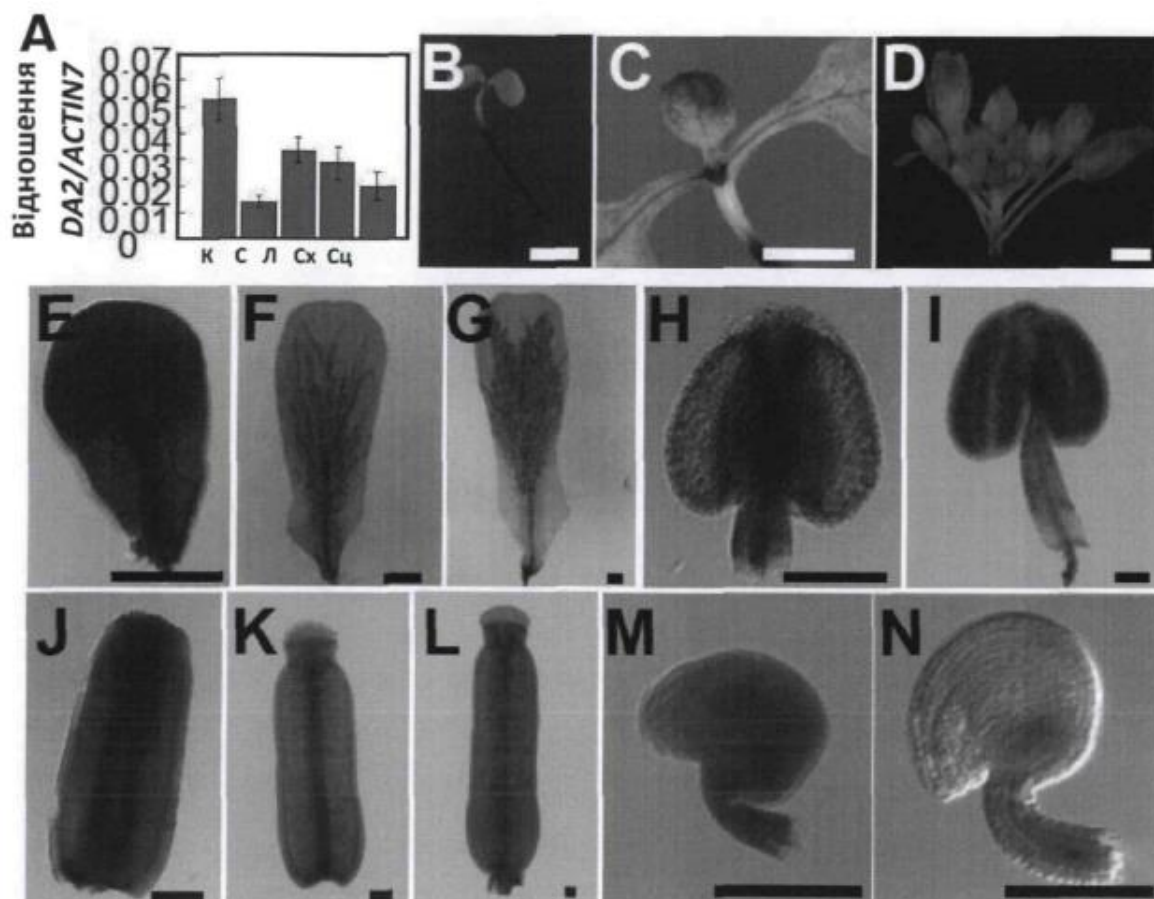


Фігура 9

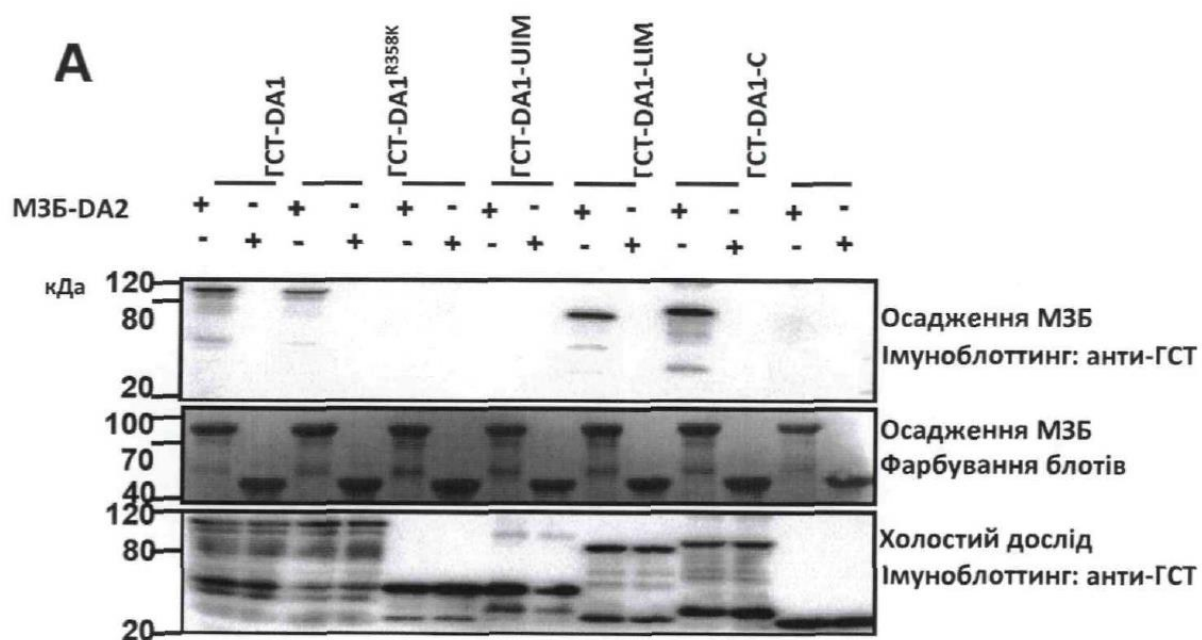




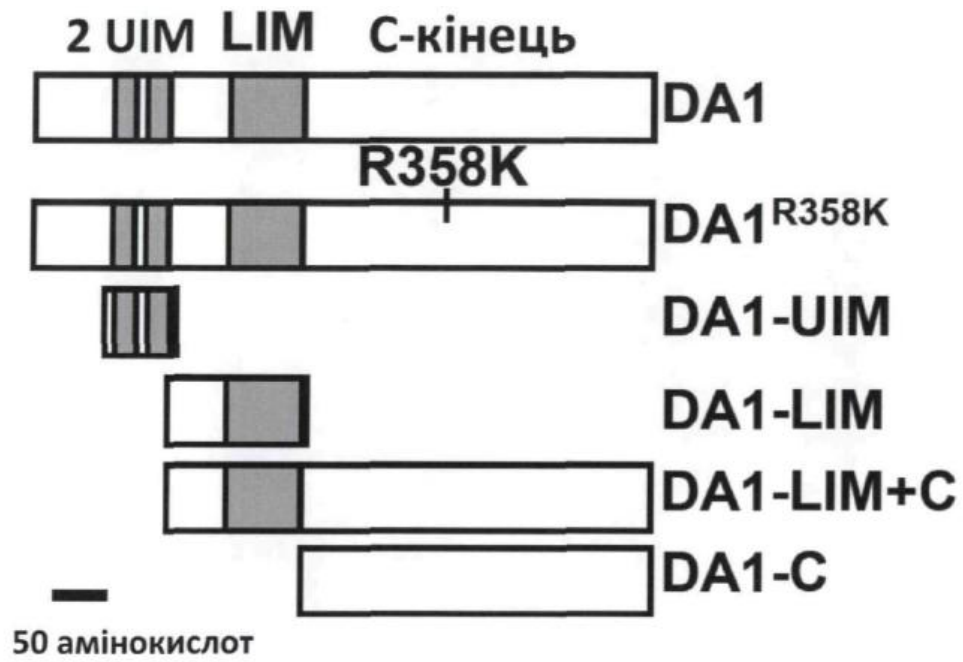
Фігура 10



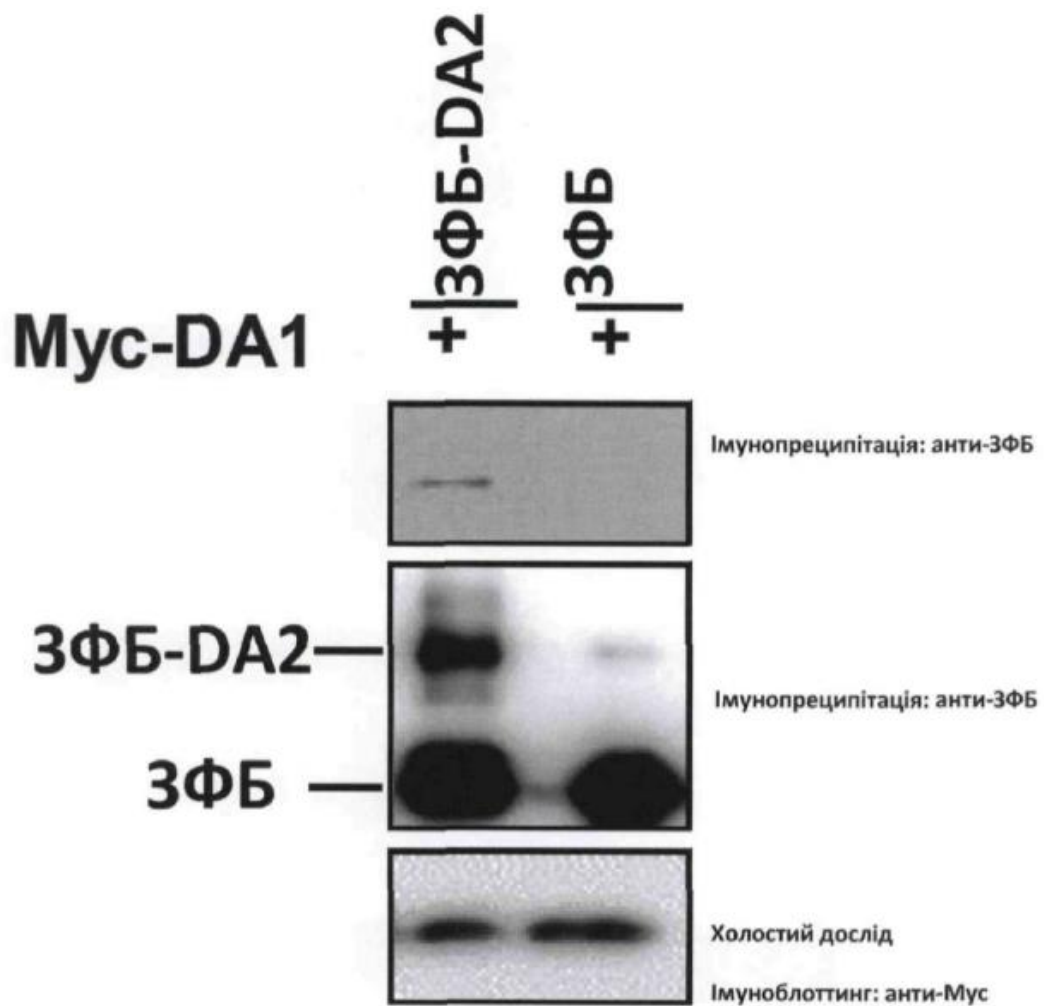
Фігура 11



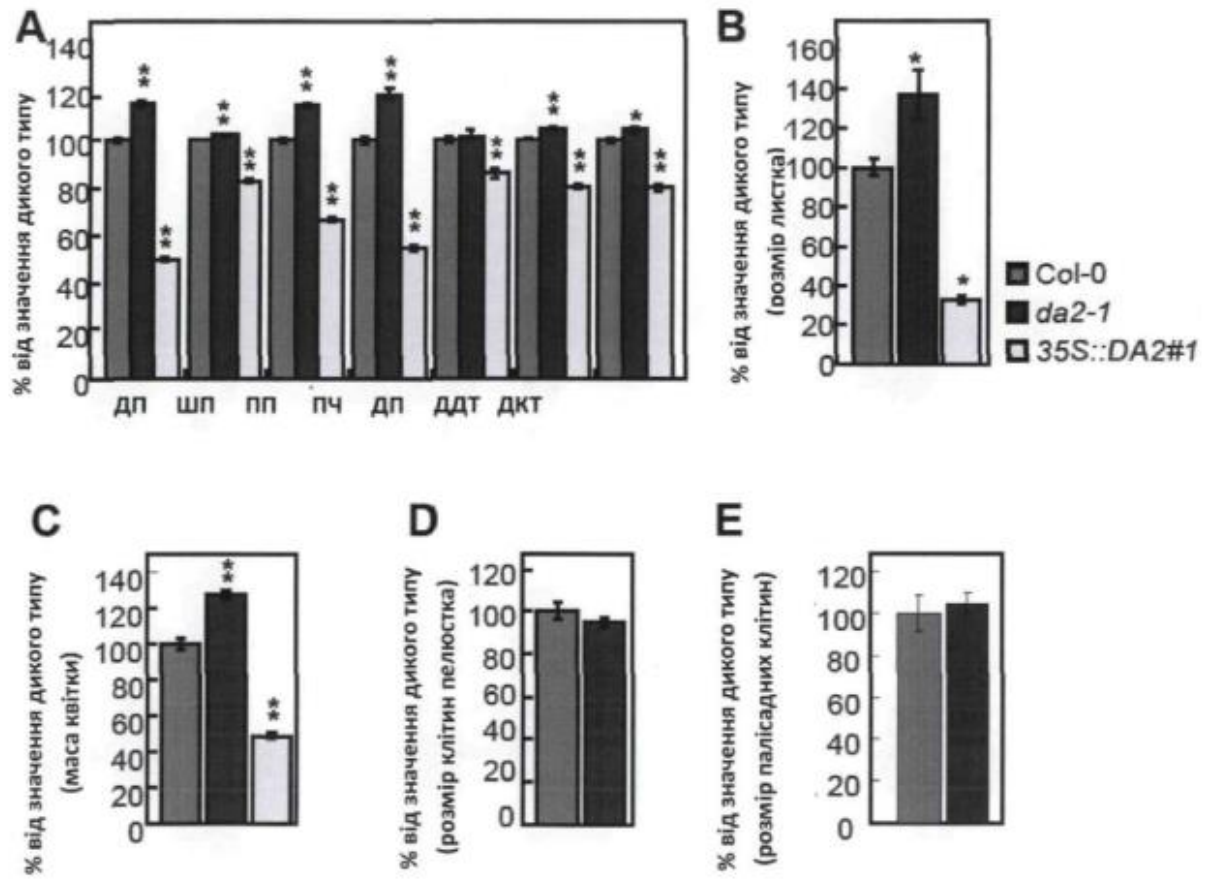
Фігура 12



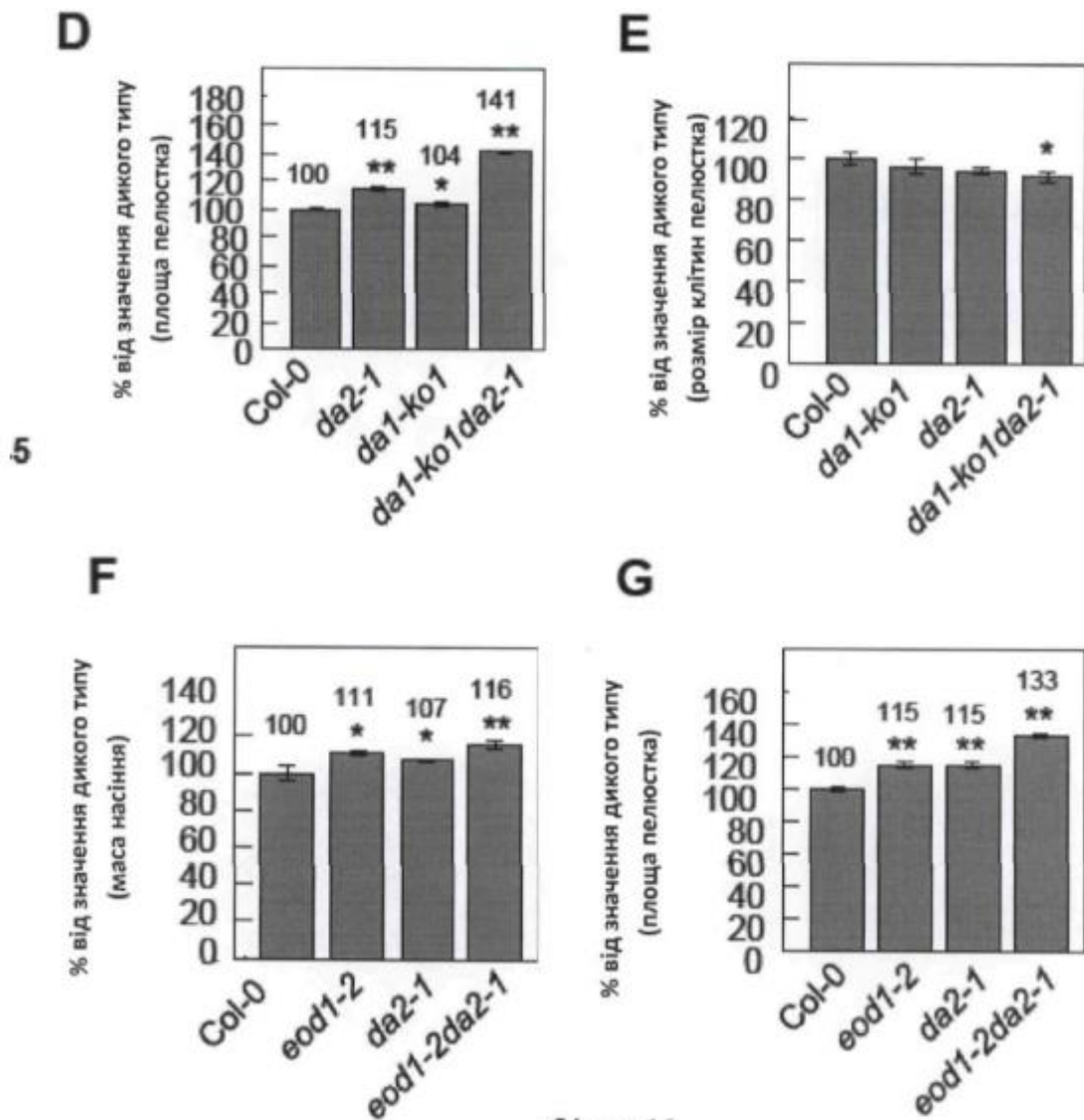
**Фігура 13**



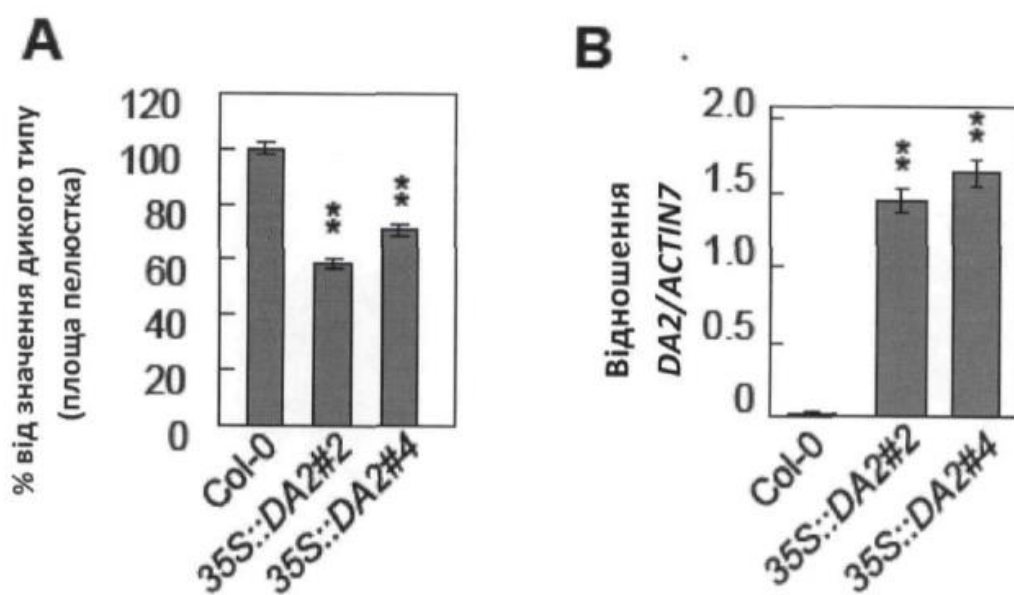
**Фігура 14**



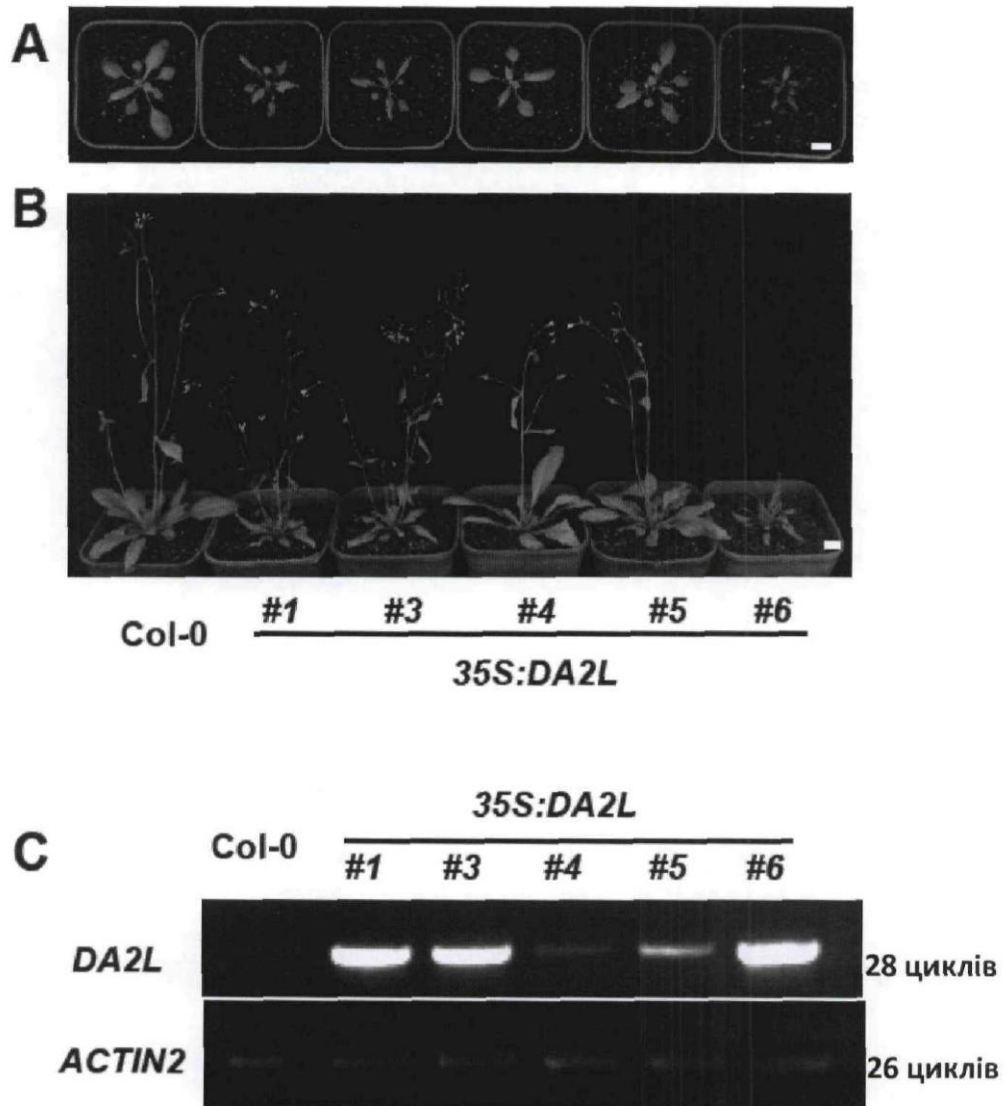
Фігура 15



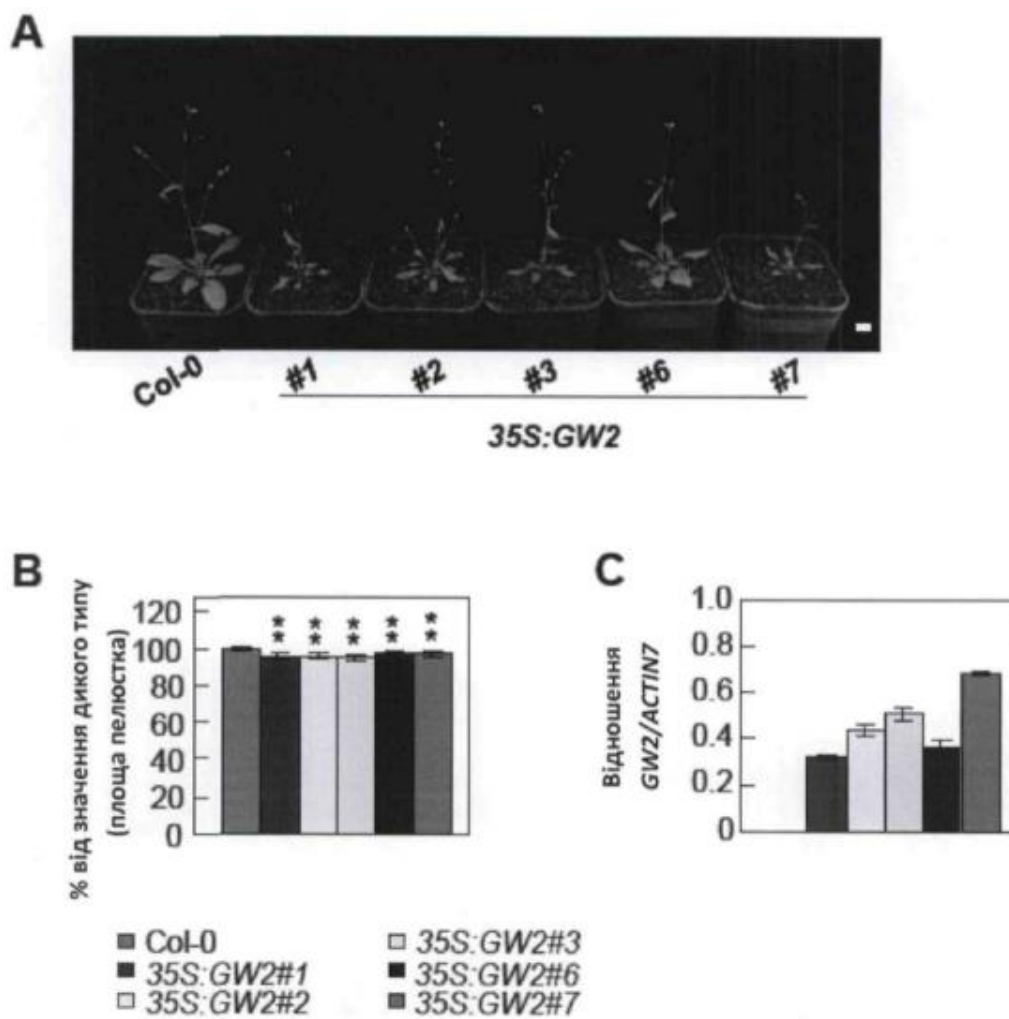
Фігура 16



Фігура 17



Фігура 18



Фігура 19