



УКРАЇНА

(19) **UA** (11) **122119** (13) **C2**
(51) МПК (2020.01)**C07K 14/415** (2006.01)**C12N 15/82** (2006.01)**A61K 38/53** (2006.01)**C12N 15/52** (2006.01)**A01H 3/00**МІНІСТЕРСТВО РОЗВИТКУ
ЕКОНОМІКИ, ТОРГІВЛІ ТА
СІЛЬСЬКОГО ГОСПОДАРСТВА
УКРАЇНИ**(12) ОПИС ДО ПАТЕНТУ НА ВИНАХІД**

| | |
|--|--|
| (21) Номер заявки: а 2016 05610 | (72) Винахідник(и): Беван Майкл (GB), Дюменіль Джек (GB) |
| (22) Дата подання заявки: 05.11.2014 | (73) Володілець (володільці): ПЛАНТ БЮСАЙЄНС ЛІМІТЕД, Norwich Research Park, Colney Lane, Norwich Norfolk NR4 7UH, United Kingdom (GB) |
| (24) Дата, з якої є чинними права інтелектуальної власності: 26.09.2020 | (74) Представник: Кістерський Тимофій Арсенійович, реєстр. №457 |
| (31) Номер попередньої заявки відповідно до Паризької конвенції: 1319876.7 | (56) Перелік документів, взятих до уваги експертизою: US 2009094717 A1, 09.04.2009 WO 2009047525 A1, 16.04.2009 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, vol. 25, no. 9, 01.09.2013, P. 3347-3359 |
| (32) Дата подання попередньої заявки відповідно до Паризької конвенції: 11.11.2013 | |
| (33) Код держави-учасниці Паризької конвенції, до якої подано попередню заявку: GB | |
| (41) Публікація відомостей про заявку: 12.09.2016, Бюл.№ 17 | |
| (46) Публікація відомостей про державну реєстрацію: 25.09.2020, Бюл.№ 18 | |
| (86) Номер та дата подання міжнародної заявки, поданої відповідно до Договору РСТ: PCT/GB2014/053296, 05.11.2014 | |

(54) СПОСІБ ЗБІЛЬШЕННЯ РОЗМІРУ НАСІННЯ У РОСЛИНИ**(57) Реферат:**

Винахід належить до способу збільшення розміру насіння або маси насіння на одиницю площі у рослини, який включає експресію мутантного білка DA1 у клітинах зазначеної рослини, причому зазначений мутантний білок DA1 містить амінокислотну послідовність вибрану з групи, що складається з SEQ ID NO: 4-27, і зазначений мутантний білок DA1 містить мутацію залишку цистеїну або гістидину, що відповідає C172, C175, H193, C196, C199, C202, H220 або C223 послідовності SEQ ID NO: 8, або залишку цистеїну або гістидину, що відповідає C232, C235, H252, C260, H263, C271, C274, C294 або C297 послідовності SEQ ID NO: 8. Запропоновані способи, рослини та клітини рослин.

UA 122119 C2

Область техніки

Даний винахід відноситься до способів зміни розмірів насіння та органів рослин, наприклад, для поліпшення врожайності рослин.

Рівень техніки

5 Розмір насіння та органів є важливою з погляду агрономії та екології 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 та органів є постійним у межах конкретного виду, тоді як міжвидова варіативність розміру насіння та органів є значно більшою. Це свідчить про те, що рослинам властиві регуляторні механізми, скоординовані та вчасно контролюють ріст насіння та органів. Однак, незважаючи на важливість розміру насіння та органів, про молекулярні та генетичні механізми, які контролюють кінцевий розмір насіння та органів у рослин, відомо небагато.

Генетичну регуляцію розміру насіння досліджували в рослин, у тому числі в помідорів, сої, маїсу та рису, із застосуванням картування локусу кількісних ознак (quantitative trait locus, QTL). В опублікованій на сьогоднішній день літературі повідомляється про виявлення двох генів (Song, X.J. Nat Genet 39, 623-30 (2007); Fan, C. Theor. Appl. Genet. 112, 1164-1171 (2006)), що відповідають двом великим QTL, відповідальним за розмір зерен рису, хоча молекулярні механізми функціонування даних генів до кінця не вивчені. В арабідопсису було картовано одинадцять локусів, що впливають на масу та/або довжину насіння у продуктах схрещування між ізолятами Ler і Cvi {Alonso-Blanco, 1999 посилання вище}, але відповідні гени не були виявлені. У недавніх проведених дослідженнях було показано, що AP2 і ARF2 залучені в контроль розміру насіння. Однак, на жаль, мутанти *ap2* і *arf2* характеризуються меншою фертильністю, ніж дикий тип (Schruff, 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, дослідження із застосуванням мутантних рослин дозволили виявити декілька позитивних і негативних регуляторів, що впливають на розмір органів за допомогою впливу на проліферацію або розмноження клітин {Krizek, B.A. Dev Genet 25, 224-36 (1999); Mizukami, Y. Proc Natl Acad Sci 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). 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 на розмір насіння впливають декілька факторів, залучених в активності, пов'язані з убіквітином. Фактор, який обмежує ріст, DA1, являє собою рецептор убіквітину та містить два убіквітин-взаємодіючих мотиви (ubiquitin interaction motif, UIM), які зв'язують убіквітин *in vitro*, і в мутанта *da1-1* утворюються більші насінини в результаті впливу на материнські покриви сім'ябруньки (Li et al., 2008). Мутації в енансері *da1-1* (EOD1), який кодує убіквітин-лігазу E3 BIG BROTHER (BB) (Disch et al., 2006; Li et al., 2008), синергетично підсилюють фенотип розміру насіння *da1-1*. Це свідчить, що DA1 діє синергетично з EOD1/BB при здійсненні контролю розміру насіння.

Виявлення додаткових факторів, що контролюють підсумковий розмір насіння й органів, не тільки поліпшить розуміння механізмів контролю розміру в рослин, але може також знайти значне практичне застосування, наприклад, для поліпшення врожайності культур і біомаси рослин для одержання біопалива.

Короткий опис винаходу

Автори даного винаходу несподівано виявили, що порушення LIM-домена й/або LIM-подібного домена у білках DA1 рослин не перешкоджає гомодимеризації або активності DA, а замість цього надає домінантно-негативний фенотип.

В аспекті даного винаходу запропонований спосіб збільшення врожайності рослини або посилення пов'язаної з врожайністю ознаки в рослини, який включає здійснення експресії білка DA1, що містить інактивованій LIM-домен або LIM-подібний домен, у клітинах зазначеної рослини.

Білок DA1 може містити одну або декілька мутацій у порівнянні з послідовністю дикого типу, які порушують або інактивують LIM-домен або LIM-подібний домен білка DA1.

Експресія білка DA1 з порушенням або інактивованим LIM-доменом або LIM-подібним

доменом підсилює одну або декілька пов'язаних із врожайністю ознак і збільшує врожайність рослини.

Білок DA1, який містить інактивований LIM-домен або LIM-подібний домен, можна експресувати із кодуючої послідовності, гетерологічної нуклеїнової кислоти в одній або декількох клітинах рослини або можна експресувати із кодуючої послідовності ендегенної нуклеїнової кислоти в одній або декількох клітинах рослини.

В іншому аспекті даного винаходу запропонований спосіб одержання рослини із збільшеною врожайністю та/або з однією або декількома посиленними ознаками, пов'язаними з врожайністю, який включає:

10 введення в клітину рослини гетерологічної нуклеїнової кислоти, що кодує білок DA1, яка містить інактивований LIM-домен або LIM-подібний домен, або введення в нуклеотидну послідовність клітини рослини, що кодує білок DA1, мутації, внаслідок якої LIM-домен або LIM-подібний домен білка DA1 стає інактивованим, і регенерацію рослини із клітини рослини.

15 В іншому аспекті даного винаходу запропонована клітина рослини, яка містить гетерологічну нуклеїнову кислоту, що кодує білок DA1, яка містить інактивований LIM-домен або LIM-подібний домен.

20 В іншому аспекті даного винаходу запропонована рослина, яка містить одну або декілька клітин рослини, які містять гетерологічну нуклеїнову кислоту, що кодує білок DA1, яка містить інактивований LIM-домен або LIM-подібний домен.

Рослина може демонструвати збільшену врожайність або посилення пов'язаної з врожайністю ознаки у порівнянні з контролями.

Короткий опис креслень

25 На фігурі 1 представлені характеристики восьми залишків, які сполучають цинк (1 - 8), і відстані між ними в LIM-доміні, встановлені в результаті аналізу 135 послідовностей LIM людини. Рідко спостережувані ділянки (<10 %) консервативної послідовності та топографія LIM-доміна.

30 На фігурі 2 представлена топологія координації Zn в LIM-доміні. Фіолетові кола позначають залишки, що сполучають Zn. Напівконсервативні аліфатичні/об'ємні залишки показані зеленим кольором, неконсервативні залишки, розташовані на постійній відстані, - червоним. Пунктирні жовті кола означають змінне число залишків (X), можливе у просторі.

35 На фігурі 3 представлені результати імунопреципітації *in vitro*, які демонструють сполучення da1lim8 з DA1 дикого типу. Експресовані в *E. coli* білки-приманки, мічені GST (глутатіон-S-трансферазою), інкубували з експресованими в *E. coli* білками-здобичкою, міченими міткою FLAG, з наступним очищенням на гранулах глутатіон-сефарози й аналізом методом імуноблотингу для виявлення GST і FLAG. FLAG-DA1 і FLAG-da1lim8 були виділені разом з GST-DA1 і GST-da1lim8 (доріжки 5, 6, 8, 9), але не з негативним контролем GST-GUS (доріжки 2, 3); дані результати свідчать, що введення мутації в LIM-домен DA1 недостатньо для усунення фізичної взаємодії між білками DA1.

40 На фігурі 4 представлений ефект мутації lim8 на розмір насіння у раси Col.

Докладний опис варіантів реалізації винаходу

45 Даний винахід відноситься до експресії білків DA1, у яких LIM- або LIM-подібний домен є порушеним або інактивованим (у даній заявці в сукупності називаються білками DA1 з порушеним LIM), у рослин. Дана експресія може бути придатною для зміни ознак рослини, які впливають на врожайність, таких як розмір насіння й органів.

DA1 являє собою рецептор убіквітину рослин, що докладно описаний у публікаціях Li et al. (2008), Wang, et al. (2012) і WO 2009/047525.

Білки DA1 характеризуються наявністю LIM-доміна, LIM-подібного доміна, консервативного C-кінцевого доміна й одного або декількох UIM-домінів.

50 LIM-домен містить два мотиви "цинкового пальця" і може містити амінокислотну послідовність (SEQ ID NO:1):

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

де X являє собою будь-яку амінокислоту, і залишки, що координують Zn, підкреслені.

55 Залишки в LIM-доміні, які координують Zn, можуть являти собою C, H, D або E, переважно C.

Відповідно до деяких переважних варіантів реалізації даного винаходу LIM-домен може містити мотиви CXXC, HXXCXXCXXC і HxxC, де X являє собою будь-яку амінокислоту. Наприклад, LIM-домен може містити амінокислотну послідовність (SEQ ID NO:2):

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

60 де X являє собою будь-яку амінокислоту, і залишки, що координують Zn, підкреслені.

Відповідно до деяких варіантів реалізації даного винаходу LIM-домен може містити амінокислотну послідовність LIM-домена AtDA1:

CAGCNMEIGHGRFLNCLNSLWHPECFRCYGCSQPISEYEFSTSGNYPFHKACY

(SEQ ID NO: 3; залишки, що координують Zn, підкреслені)

5 Інші LIM-домени включають LIM-домен відповідно до амінокислотної послідовності DA1, представленої в таблиці 1 (пунктирний квадрат), наприклад, залишки з 141 по 193 SEQ ID NO: 4 (Si_GI-514815267.pro), залишки з 123 по 175 SEQ ID NO: 5 (Bd_GI-357157184.pro), залишки з 155 по 207 SEQ ID NO: 6 (Br_DA1b.pro), залишки з 172 по 224 SEQ ID NO: 7 (Br_DA1a.pro), залишки з 172 по 224 SEQ ID NO: 8 (At_GI-15221983.pro), залишки з 117 по 169 SEQ ID NO: 9 (Tc_GI-508722773.pro), залишки з 117 по 169 SEQ ID NO: 10 (Gm_GI-356564241.pro), залишки з 121 по 173 SEQ ID NO: 11 (Gm_GI-356552145.pro), залишки з 119 по 171 SEQ ID NO: 12 (Vv_GI-302142429.pro), залишки з 122 по 174 SEQ ID NO: 13 (Vv_GI-359492104.pro), залишки з 125 по 177 SEQ ID NO: 14 (Sl_GI-460385048.pro), залишки з 516 по 568 SEQ ID NO: 15 (Os_GI-218197709.pro), залишки з 124 по 176 SEQ ID NO: 16 (Os_GI-115466772.pro), залишки з 150 по 202 SEQ ID NO: 17 (Bd_GI-357160893.pro), залишки з 132 по 184 SEQ ID NO: 18 (Bd_GI-357164660.pro), залишки з 124 по 176 SEQ ID NO: 19 (Sb_GI-242092232.pro), залишки з 147 по 199 SEQ ID NO: 20 (Zm_GI-212275448.pro), залишки з 190 по 242 SEQ ID NO: 21 (At_GI-240256211.pro), залишки з 162 по 214 SEQ ID NO: 22 (At_GI-145360806.pro), залишки з 1240 по 1291 SEQ ID NO: 23 (At_GI-22326876.pro), залишки з 80 по 122 SEQ ID NO: 24 (At_GI-30698242.pro), залишки з 347 по 402 SEQ ID NO: 25 (At_GI-30698240.pro), залишки з 286 по 341 SEQ ID NO: 26 (At_GI-15240018.pro) або залишки з 202 по 252 SEQ ID NO: 27 (At_GI-334188680.pro).

Послідовності LIM-домена можна виявити із застосуванням стандартних методик аналізу послідовності (наприклад, Simple Modular Architecture Research Tool (SMART); EMBL Heidelberg, DE).

LIM-подібний домен містить два мотиви "цинкового пальця" і може містити мотиви CXXC, HXXXXXXXXXCHN і CxxC, де X являє собою будь-яку амінокислоту. Наприклад, LIM-подібний домен може містити амінокислотну послідовність (SEQ ID NO:28):

CX₂CX₁₆₋₂₃HX₇CX₂HX₇CX₂CX₁₉CX₂C,

30 де X являє собою будь-яку амінокислоту, залишки, що координують Zn, підкреслені суцільною рисою, і передбачувані залишки, що координують Zn, підкреслені пунктиром.

Переважно, LIM-подібний домен може містити амінокислотну послідовність (SEQ ID NO:29):

CXVCX₁₆₋₂₃HPFWX₃YCPXHX₇CCSCERXEX₅YX₂LXDXRXLCXXC,

35 де X являє собою будь-яку амінокислоту, залишки, що координують Zn, підкреслені суцільною рисою, і передбачувані залишки, що координують Zn, підкреслені пунктиром.

Більше переважно, LIM-подібний домен може містити амінокислотну послідовність (SEQ ID NO:30):

40 C(D/E/Y/H)VCXX(F/K)(I/K/F)(P/S/Відсутній)(T/R/V/Відсутній)(N/T/Відсутній)XX(G/Відсутній)(L/I/M/G)(R/K/I)(E/G/K/T)(Y/F)(R/H/S/N/K)(A/C/E/I/N)HPFWX(Q/E)(K/T/R)YCP(F/V/I/S/T)H(E/D)XD(G/K/R/S/A)T(P/T/A)(R/K)CCSCER(M/L)E(P/S/H)X₄YX₂LXD(G/F/N)R(R/K/S/W)LC(L/R/V)(E/K)C,

де X являє собою будь-яку амінокислоту, залишки, що координують Zn, підкреслені суцільною рисою, і передбачувані залишки, що координують Zn, підкреслені пунктиром.

Відповідно до деяких варіантів реалізації даного винаходу LIM-подібний домен може містити амінокислотну послідовність LIM-подібного домена AtDA1:

45 CDVCSHFIPTNHAGLIEYRAHPFWVQKYCPSHENDATPRCCSCERMEPRNTRYVELNDGRKLCLEC
(SEQ ID NO: 31)

50 Інші LIM-подібні домени включають LIM-домен відповідно до амінокислотної послідовності DA1, представленої в таблиці 1 (суцільний квадрат), наприклад, залишки з 200 по 266 SEQ ID NO: 4 (Si_GI-514815267.pro), залишки з 182 по 248 SEQ ID NO: 5 (Bd_GI-357157184.pro), залишки з 214 по 280 SEQ ID NO: 6 (Br_DA1b.pro), залишки з 231 по 297 SEQ ID NO: 7 (Br_DA1a.pro), залишки з 231 по 297 SEQ ID NO: 8 (At_GI-15221983.pro), залишки з 176 по 242 SEQ ID NO: 9 (Tc_GI-508722773.pro), залишки з 176 по 242 SEQ ID NO: 10 (Gm_GI-356564241.pro), залишки з 180 по 246 SEQ ID NO: 11 (Gm_GI-356552145.pro), залишки з 178 по 244 SEQ ID NO: 12 (Vv_GI-302142429.pro), залишки з 181 по 247 SEQ ID NO: 13 (Vv_GI-359492104.pro), залишки з 184 по 250 SEQ ID NO: 14 (Sl_GI-460385048.pro), залишки з 575 по 641 SEQ ID NO: 15 (Os_GI-218197709.pro), залишки з 183 по 149 SEQ ID NO: 16 (Os_GI-115466772.pro), залишки з 209 по 275 SEQ ID NO: 17 (Bd_GI-357160893.pro), залишки з 191 по 257 SEQ ID NO: 18 (Bd_GI-357164660.pro), залишки з 183 по 249 SEQ ID NO: 19 (Sb_GI-242092232.pro), залишки з 206 по 272 SEQ ID NO: 20 (Zm_GI-212275448.pro), залишки з 249 по

315 SEQ ID NO: 21 (At_GI-240256211.pro), залишки з 221 по 287 SEQ ID NO: 22 (At_GI-145360806.pro), залишки з 1298 по 1363 SEQ ID NO: 23 (At_GI-22326876.pro), залишки з 130 по 176 SEQ ID NO: 24 (At_GI-30698242.pro), залишки з 406 по 465 SEQ ID NO: 25 (At_GI-30698240.pro), залишки з 345 по 404 SEQ ID NO: 26 (At_GI-15240018.pro) або залишки з 256 по 319 SEQ ID NO: 27 (At_GI-334188680.pro).

Послідовності LIM-подібного домена в інших білках DA1 можна виявити із застосуванням стандартних методик аналізу послідовності, використовуючи інформацію, наведену вище (наприклад, Simple Modular Architecture Research Tool (SMART); EMBL Heidelberg, DE).

Крім LIM-домена та LIM-подібного домена, білок DA1 може додатково містити карбокси-кінцеву область, що містить амінокислотну послідовність, 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 % амінокислот ідентичну послідовності залишків з 198 по 504 SEQ ID NO: 4, залишків з 180 по 487 SEQ ID NO: 5, залишків з 212 по 514 SEQ ID NO: 6, залишків з 229 по 532 SEQ ID NO: 7, залишків з 229 по 532 SEQ ID NO: 8, залишків з 174 по 478 SEQ ID NO: 9, залишків з 174 по 474 SEQ ID NO: 10, залишків з 178 по 478 SEQ ID NO: 11, залишків з 176 по 462 SEQ ID NO: 12, залишків з 179 по 482 SEQ ID NO: 13, залишків з 182 по 486 SEQ ID NO: 14, залишків з 573 по 878 SEQ ID NO: 15, залишків з 181 по 486 SEQ ID NO: 16, залишків з 207 по 512 SEQ ID NO: 17, залишків з 189 по 491 SEQ ID NO: 18, залишків з 181 по 486 SEQ ID NO: 19, залишків з 204 по 508 SEQ ID NO: 20, залишків з 247 по 553 SEQ ID NO: 21, залишків з 219 по 528 SEQ ID NO: 22, залишків з 1296 по 1613 SEQ ID NO: 23, залишків з 128 по 450 SEQ ID NO: 24, залишків з 404 по 702 SEQ ID NO: 25, залишків з 343 по 644 SEQ ID NO: 26 або залишків з 256 по 587 SEQ ID NO: 27.

Карбокси-кінцева область білка DA1 може містити мотив активного сайту металопептидази HEMMH (SEQ ID NO: 32).

Карбокси-кінцева область може додатково містити мотив EK(X)₈R(X)₄SEEQ (SEQ ID NO: 33) або EK(X)₈R(X)₄SEQ (SEQ ID NO: 34), розташований між LIM-доменом і мотивом HEMMH.

Крім LIM-домена та консервативної карбокси-кінцевої області, білок DA1 може містити домен UIM1 і домен UIM2. Домени UIM1 і UIM2 можуть бути розташовані між N-кінцем і LIM-доменом білка DA1.

Домен UIM1 може складатись з послідовності SEQ ID NO: 35, а домен UIM2 може складатись з послідовності SEQ ID NO: 36.

p---pLpbAl pb.Sbp-.pp p (SEQ ID NO: 35)

p---pLpbAl pb.Sbp-spp p (SEQ ID NO:36),

де:

p являє собою залишок полярної амінокислоти, наприклад, C, D, E, H, K, N, Q, R, S або T;

b являє собою залишок великої амінокислоти, наприклад, E, F, H, I, K, L, M, Q, R, W або Y;

s являє собою залишок невеликої амінокислоти, наприклад, A, C, D, G, N, P, S, T або V;

l являє собою залишок аліфатичної амінокислоти, наприклад, I, L або V;

. відсутній або являє собою будь-яку амінокислоту, і

- являє собою будь-яку амінокислоту.

Додаткові приклади послідовностей доменів UIM1 і UIM2 можна виявити із застосуванням стандартних методик аналізу послідовності, описаних у даній заявці (наприклад, Simple Modular Architecture Research Tool (SMART); EMBL Heidelberg, DE).

Відповідно до деяких переважних варіантів реалізації даного винаходу білок DA1 може містити:

LIM-домен згідно з SEQ ID NO:1,

LIM-подібний домен згідно з SEQ ID NO: 28,

C-кінцеву область, яка характеризується ідентичністю послідовності щонайменше 20 % залишкам з 229 по 532 SEQ ID NO: 8, або еквівалентну область будь-якої з SEQ NO 4 - 7 або 9 - 27, викладених вище, і які містять мотив EK(X)₈R(X)₄SEEQ або EK(X)₈R(X)₄SEQ і мотив HEMMH,

домен UIM SEQ ID NO:35 і

домен UIM SEQ ID NO:36.

Білок DA1 може містити амінокислотну послідовність білка DA1 рослини, представлену в таблиці 1 (SEQ ID NO: 4 - 27), або може являти собою алель або варіант однієї з даних послідовностей, що має активність DA1.

Наприклад, білок 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 (ACR35367.1

Gl:238008664), переважно AtDA1, AtDAR1 BrDA1a, BrDA1b, OsDA1 або ZmDA1, або алель або варіант однієї з даних послідовностей.

Відповідно до деяких переважних варіантів реалізації даного винаходу білок DA1 може містити амінокислотну послідовність AtDA1 (SEQ ID NO: 8; AT1G19270; NP_173361.1 Gl: 15221983) або може являти собою алель або варіант даної послідовності, що має активність DA1.

Інші послідовності білка DA1, яким властиві характерні риси, викладені вище, і послідовності нуклеїнової кислоти, що кодують DA1, можна виявити із застосуванням стандартних інструментів для аналізу послідовності у будь-яких видах рослин, що представляють інтерес.

Білок DA1 у видів рослин, що представляють інтерес, може містити амінокислотну послідовність, що являє собою варіант еталонної амінокислотної послідовності білка DA1, викладеної в даній заявці.

Білок DA1, що являє собою гомолог або варіант еталонної послідовності DA1 рослини, такої як будь-яка з SEQ ID NO: 4 - 27, може містити амінокислотну послідовність, яка характеризується ідентичністю послідовності щонайменше 20 %, щонайменше 30 %, щонайменше 40 %, щонайменше 50 %, щонайменше 60 %, щонайменше 70 %, щонайменше 80 %, щонайменше 90 %, щонайменше 95 % або щонайменше 98 % еталонної послідовності.

Конкретні варіанти амінокислотної послідовності, які виникають у видів рослин, можуть відрізнятися від еталонної послідовності, викладеної в даній заявці, у результаті вставки, додавання, заміни або делеції 1 амінокислоти, 2, 3, 4, 5 - 10, 10 - 20, 20 - 30, 30 - 50 або більше 50 амінокислот.

Відповідно до деяких варіантів реалізації даного винаходу поліпептид DA1, що являє собою варіант послідовності AtDA1 відповідно до будь-якої з SEQ NO: 4 - 27, може містити LIM-домен, що містить послідовність SEQ ID NO: 3, і LIM-подібний домен, що містить послідовність SEQ ID NO: 31.

Нуклеїнова кислота, що кодує білок DA1, може містити нуклеотидну послідовність, викладену в записі бази даних, яку вибирають з групи, що включає NM_101785.3 Gl:42562170 (AtDA1); NM_001057237.1 Gl:115454202 (OsDA1); BT085014.1 Gl: 238008663 (ZmDA1), або може являти собою алель або варіант однієї з даних послідовностей, які кодують активний білок DA1.

Відповідно до деяких переважних варіантів реалізації даного винаходу нуклеїнова кислота, що кодує білок DA1, може містити нуклеотидну послідовність AtDA1 (NM_101785.3 Gl: 42562170), ZmDA1 (BT085014.1 Gl: 238008663), OsDA1 (NM_001057237.1 Gl:115454202) або може являти собою алель або варіант будь-якої з даних послідовностей, що кодують білок з активністю DA1.

Нуклеїнова кислота, що кодує білок DA1 у видів рослин, що представляють інтерес, може містити нуклеотидну послідовність, що являє собою варіант еталонної нуклеотидної послідовності DA1, викладеної в даній заявці.

Поліпептиди DA1 і кодуючі нуклеїнові кислоти можна виявити у видах рослин, зокрема, культурних рослин, таких як пшениця, ячмінь, маїс, рис та інші сільськогосподарські рослини, із застосуванням загальноприйнятих методик аналізу послідовності.

Наприклад, варіант нуклеотидної послідовності може являти собою гомолог еталонної послідовності DA1, викладеної в даній заявці, і може відрізнятися від еталонної нуклеотидної послідовності DA1 одним або декількома додаваннями, вставками, делеціями або замінами одного або декількох нуклеотидів у нуклеїновій кислоті, наприклад 2, 3, 4, 5 - 10, 10 - 20, 20 - 30, 30 - 50 або більше 50, що призводить до додавання, вставки, делеції або заміни однієї або декількох амінокислот у кодуючому білку. Зрозуміло, також включені зміни в нуклеїновій кислоті, які не впливають на кодуючу амінокислотну послідовність. Нуклеїнова кислота, що кодує білок DA1, може містити послідовність, яка характеризується ідентичністю послідовності щонайменше 20 % або щонайменше 30 % з послідовністю еталонної нуклеїнової кислоти, переважно щонайменше 40 %, щонайменше 50 %, щонайменше 60 %, щонайменше 65 %, щонайменше 70 %, щонайменше 80 %, щонайменше 90 %, щонайменше 95 % або щонайменше 98 %. Ідентичність послідовності описана в даній заявці.

Ідентичність послідовності зазвичай визначають на підставі алгоритму GAP (Wisconsin Package, Accelrys, San Diego, USA). В GAP використовується алгоритм Нідлмана-Вунша для вирівнювання двох повних послідовностей, що збільшує до максимуму кількість збігів і зменшує до мінімуму кількість пропусків. Як правило, використовують параметри за замовчуванням із штрафом за введення пропуску ("gap creation penalty") 12 і штрафом за подовження пропуску ("gap extension penalty") 4. Застосування GAP може бути бажаним, однак можна використовувати й інші алгоритми, наприклад, BLAST (у якому використовується спосіб Altschul et al. (1990) J. Mol. Biol. 215: 405-410), FASTA (у якому використовується спосіб Pearson and

Lipman (1988) PNAS USA 85: 2444-2448) або алгоритм Сміта-Вотермана (Smith and Waterman (1981) J. Mol Biol. 147: 195-197) або програму TBLASTN, Altschul et al. (1990) посилання вище, як правило, з використанням параметрів за замовчуванням. Зокрема, можна застосовувати алгоритм psi-Blast (Nucl. Acids Res. (1997) 25 3389-3402).

5 Порівняння послідовностей можна проводити за всією довжиною відповідної послідовності, описаної в даній заявці.

Нуклеотидну послідовність DA1, яка являє собою варіант еталонної послідовності нуклеїнової кислоти DA1, викладеної в даній заявці, можна селективно гібридизувати у суворих умовах з даною еталонною послідовністю нуклеїнової кислоти або послідовністю, 10 комплементарною зазначеній послідовності.

Суворі умови включають, наприклад, у випадку гібридизації послідовностей, які є ідентичними приблизно на 80 - 90 %, гібридизацію протягом ночі при температурі 42 °C в 0,25 M Na_2HPO_4 , pH 7,2, 6,5% SDS (додецилсульфаті натрію), 10 % сульфаті декстрану та завершальне промивання при температурі 55 °C в 0,1x SSC (цитраті та хлориді натрію), 0,1 % 15 SDS. Умови, що підходять для виявлення послідовностей, які ідентичні більше ніж приблизно на 90 %, включають гібридизацію протягом ночі при температурі 65 °C в 0,25 M Na_2HPO_4 , pH 7,2, 6,5 % SDS, 10% сульфаті декстрану та завершальне промивання при температурі 60 °C в 0,1x SSC, 0,1 % SDS.

Альтернативний варіант, що може бути особливо придатним у випадку препаратів 20 нуклеїнової кислоти рослин, являє собою 5x розчин SSPE (кінцева концентрація 0,9 M NaCl, 0,05 M фосфат натрію, 0,005 M EDTA, pH 7,7), 5x розчин Денхардта, 0,5 % SDS при температурі 50 °C або 65 °C протягом ночі. Промивання можна проводити в 0,2x SSC/0,1% SDS при температурі 65 °C або при температурі 50 - 60 °C в 1x SSC/0,1 % SDS, при необхідності.

Білки DA1 і кодуючі нуклеїнові кислоти можна виявити у видах рослин, зокрема, культурних 25 рослин, таких як пшениця, ячмінь, маїс, рис та інші сільськогосподарські рослини, із застосуванням загальноприйнятих методик аналізу послідовності та/або порівняння з еталонними послідовностями, викладеними в даній заявці.

LIM-домен, LIM-подібний домен або як LIM-домен, так і LIM-подібний домен білка DA1 для застосування, описаного в даній заявці, можуть бути інактивованими або порушеними ("білок 30 DA1 з порушенням LIM").

LIM-домени та LIM-подібні домени, які докладно описані вище, можна виявити в межах будь-якого білка DA1 із застосуванням стандартних методик аналізу послідовності.

Білок DA1 з інактивованим або порушеним LIM-доменом або LIM-подібним доменом може демонструвати порушену, наприклад, збільшену або активовану пептидазну активність. 35 Наприклад, інактивація або порушення LIM-домена або LIM-подібного домена може зменшити або запобігти взаємодії домена з С-кінцевою областю білка DA1 та інгібування пептидазної активності DA1.

Відповідно до деяких варіантів реалізації даного винаходу білок DA1 з інактивованим або порушеним LIM-доменом або LIM-подібним доменом може демонструвати зменшену 40 стабільність у клітині рослини після убівітинування у порівнянні з білком DA1 дикого типу.

Порушений або інактивований LIM-домен або LIM-подібний домен може бути нездатний координувати Zn або утворювати мотиви "цинкового пальця", що перешкоджає здійсненню функції домена, тобто порушений LIM- або LIM-подібний домен нездатний опосередковувати білок-білкові взаємодії. Наприклад, порушений LIM-домен або LIM-подібний домен може бути 45 нездатний внутрішньомолекулярно взаємодіяти з С-кінцевою областю білка DA1 для інгібування пептидазної активності.

Інактивований або порушений LIM-домен або LIM-подібний домен може містити зміну або мутацію послідовності, що усуває один або декілька мотивів "цинкового пальця" в LIM- або LIM-подібному домені.

Амінокислотна послідовність білка DA1 може бути змінена або мutowана за допомогою вставки, заміни або делеції однієї або декількох амінокислот у порівнянні з амінокислотою послідовністю дикого типу з метою інактивувати LIM-домен або LIM-подібний домен. Наприклад, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 або 10 або більше амінокислот можуть бути змінені, наприклад, делетовані або замінені, у порівнянні з амінокислотою послідовністю дикого типу. Відповідно до деяких 55 варіантів реалізації даного винаходу можуть бути змінені від 1 до 30, від 1 до 20 або від 1 до 10 залишків.

Одиничні заміни амінокислот у межах LIM-домених і LIM-подібних домених достатні, щоб викликати фенотип нокауту LIM. LIM-домени, наприклад, можна інактивувати за допомогою мутацій залишків, що координують Zn, або інших залишків у межах LIM-домена (McIntosh et al. 60 (1998) Am J Human Genet 63 1651-1658; Clough et al. (1999) Human mutation 14 459-465;

Hamlington et al. (2001) Human mutation 18 458-464; Taira et al., Nature 1994 372, 677-9; Agulnick et al., Nature 1996 384, 270-2). LIM-подібні домени можна також інактивувати у результаті мутацій залишків, що координують Zn (тобто консервативних залишків Cys), або інших залишків у межах LIM-подібного домена (Yang et al. Plant Journal, (2010), 63, 283-296).

5 Підходящі інактивуючі або порушуючі мутації розташовані переважно в межах LIM-домена або LIM-подібного домена або поблизу від даних доменів.

Інактивований або порушений LIM-домен або LIM-подібний домен може містити мутацію одного або декількох залишків, що координують Zn, або передбачуваних залишків, що координують Zn, наприклад, залишку цистеїну або гістидину в оточенні CxxC або CXXH, і/або мутацію одного або декількох амінокислотних залишків, що не координують Zn.

10 Інактивований або порушений LIM-домен може містити мутацію одного або декількох з першого, другого, третього, четвертого, п'ятого, шостого, сьомого та восьмого залишків, що координують Zn, в LIM-доміні, представленому в SEQ ID NO: 1 або SEQ ID NO: 2 вище. Наприклад, інактивований або порушений LIM-домен може містити мутацію одного або декількох залишків цистеїну в мотиві CXXC або залишків цистеїну або гістидину в мотиві HXXC, наприклад, залишків цистеїну/гістидину, представлених у положеннях 1, 4, 22, 25, 28, 31, 49 і 52 SEQ ID NO: 3 і підкреслених в SEQ ID NO 1 і 2 вище. LIM-домен зазначеного білка DA1 може містити мутацію одного або декількох підкреслених залишків LIM-домена DA1, представленого вище, переважно C141, C144, H162, C165, C168, C171, H189 і C192 у послідовності DA1 згідно з SEQ ID NO: 4, C123, C126, H144, C147, C150, C153, H171 і C174 у послідовності DA1 згідно з SEQ ID NO: 5, C155, C158, H176, C179, C182, C185, H203 і C206 у послідовності DA1 згідно з SEQ ID NO: 6, C172, C175, H193, C196, C199, C202, H220 і C223 у послідовності DA1 згідно з SEQ ID NO: 7, C172, C175, H193, C196, C199, C202, H220 і C223 у послідовності AtDA1 згідно з SEQ ID NO: 8, C117, C120, H138, C141, C144, C147, H165 і C168 у послідовності DA1 згідно з SEQ ID NO: 9, C177, C180, H198, C201, C204, C207, H225 і C228 у послідовності DA1 згідно з SEQ ID NO: 10, C121, C124, H142, C145, C148, C151, H169 і C172 у послідовності DA1 згідно з SEQ ID NO: 11, C119, C122, H140, C143, C146, C149, H167 і C170 у послідовності DA1 згідно з SEQ ID NO: 12, C122, C125, H143, C146, C149, C152, H170 і C173 у послідовності DA1 згідно з SEQ ID NO: 13, C125, C128, H146, C149, C152, C155, H173 і C176 у послідовності DA1 згідно з SEQ ID NO: 14, C516, C519, H537, C540, C543, C546, H564 і C567 у послідовності DA1 згідно з SEQ ID NO: 15, C124, C127, H145, C148, C151, C154, H172 і C175 у послідовності DA1 згідно з SEQ ID NO: 16, C150, C153, H171, C174, C177, C180, H198 і C201 у послідовності DA1 згідно з SEQ ID NO: 17, C132, C135, H153, C156, C159, C162, H180 і C183 у послідовності DA1 згідно з SEQ ID NO: 18, C124, C127, H145, C148, C151, C154, H172 і C175 у послідовності DA1 згідно з SEQ ID NO: 19, C147, C150, H168, C172, C175, C178, H196 і C199 у послідовності DA1 згідно з SEQ ID NO: 20, C190, C193, H211, C204, C207, C210, H228 і C231 у послідовності DA1 згідно з SEQ ID NO: 21, C162, C165, H183, C186, C189, C192, H210 і C213 у послідовності DA1 згідно з SEQ ID NO: 22, C1240, C1243, H1261, C1264, C1267, C1270, H1287 і C1290 у послідовності DA1 згідно з SEQ ID NO: 23, C347, C350, H368, C371, C374, C377, H398 і C401 у послідовності DA1 згідно з SEQ ID NO: 25, C286, C289, H307, C310, C313, C316, H337 і C340 у послідовності DA1 згідно з SEQ ID NO: 26, C201, C204, H222, C225, C228, C231, H248 і C251 у послідовності DA1 згідно з SEQ ID NO: 27 або еквівалентних залишків цистеїну в іншій послідовності білка DA1.

Наприклад, білок DA1 з порушеним LIM може містити заміну C на Y, C на G або інші заміни в одному або декількох з даних положень.

45 Залишки, що координують Zn, у межах LIM-домена білка DA1 можна виявити із застосуванням стандартних аналізів послідовності. Залишки цистеїну та гістидину, еквівалентні C172, C175, H193, C196, C199, C202, H220 і C223 в SEQ ID NO: 8, являють собою залишки послідовності, що перебувають у тому ж оточенні в іншій послідовності білка DA1, які можна виявити із застосуванням стандартних аналізів послідовності, представленої в таблиці 1.

50 Інактивований або порушений LIM-домен може містити мутацію одного або декількох залишків, що не координують Zn, в LIM-доміні, представленому в SEQ ID NO:1 або SEQ ID NO:2 вище. Залишок, що не координує Zn, може бути розташований у межах 4 залишків від залишку, що координує Zn, у послідовності LIM-домена або може бути розташований на 4 або більше залишків далі від залишку, що координує Zn.

55 Інактивований або порушений LIM-подібний домен може містити мутацію одного або декількох з першого, другого, третього, четвертого, п'ятого, шостого, сьомого та восьмого залишків, що координують Zn, або передбачуваних залишків, що координують Zn, в LIM-подібному домені, представленому в будь-якій з SEQ ID NO: 28 - 31 вище. Наприклад, інактивований або порушений LIM-подібний домен може містити мутацію одного або декількох залишків цистеїну в мотиві CXXC або залишку цистеїну або гістидину в мотиві CXXH,

наприклад, залишків цистеїну/гістидину, представлених у положеннях 1, 4, 29, 32, 40, 43, 63 або 66 SEQ ID NO: 31 і підкреслених в SEQ ID NO 28 - 31 вище. Два з трьох передбачуваних залишків, що координують Zn, H252, C260, H263 в LIM-подібному домені відповідають за координують Zn (тобто H252 і C260; H252 і H263; або C260 і H263). LIM-подібний домен зазначеного білка DA1 може містити мутацію одного або декількох підкреслених залишків AtDA1 LIM-подібного домена, представленого вище, переважно, C232, C235, H252, C260, H263, C271, C274, C294 і/або C297 послідовності AtDA1 згідно з SEQ ID NO: 8, або еквівалентних залишків цистеїну в послідовності іншого білка DA1. Наприклад, білок DA1 з порушенням LIM може містити заміни С на У, С на G або інші заміни в одному або декількох з даних положень.

Залишки цистеїну, еквівалентні C232, C235, H252, C260, H263, C271, C274, C294 і C297 в SEQ ID NO: 8, являють собою залишки послідовності, що перебувають у тому самому оточенні в різних послідовностях білка DA1, які можна виявити із застосуванням стандартних аналізів послідовності, представлених в таблиці 1.

Інактивований або порушений LIM-подібний домен може містити мутацію одного або декількох залишків в LIM-подібному домені, відмінних від консервативних залишків цистеїну або гістидину, показаних в SEQ ID NO:28 - SEQ ID NO:31 вище. Підходящі залишки можуть бути розташовані в межах 4 залишків від консервативного залишку цистеїну або гістидину в послідовності LIM-подібного домена або можуть бути розташовані на 4 або більше залишків далі від консервативного залишку цистеїну або гістидину.

Деякі переважні мутації включають перетворення залишку, що координує Zn, в LIM- або LIM-подібному домені, такого як цистеїн або гістидин, у нейтральну амінокислоту, таку як гліцин.

Фахівцю будуть очевидні інші мутації, які порушують мотиви "цинкового пальця" та є підходящими для усунення LIM- або LIM-подібної функції у білка DA1. На відміну від мутацій в інших доменах у межах білка DA1, мутації LIM-домена та LIM-подібного домена дестабілізують білок DA1 у присутності його взаємодіючого партнера EOD1 у клітині рослини. Внаслідок цього підходящі мутації LIM-домена та LIM-подібного домена можна виявити за допомогою визначення стабільності мутантного білка DA1 у присутності EOD1 із застосуванням стандартних методик проведення експериментів. Зменшення стабільності у порівнянні з DA1 дикого типу свідчить, що мутація порушує LIM- або LIM-подібний домен.

Білок DA1 з порушенням LIM, описаний у даній заявці, може містити консервативний залишок R, розташований в амінокислотній послідовності DA1 у положенні, що є еквівалентним положенню 358 в SEQ ID NO: 8 DA1 A. thaliana, положенню 333 в SEQ ID NO: 8 DA1 Z. mays або еквівалентним положенню в іншій амінокислотній послідовності DA1, наприклад, у послідовності DA1 відповідно до таблиці 1 (консервативний залишок R помічений стрілкою). Консервативний залишок R, який розташований в амінокислотній послідовності DA1 у положенні, що еквівалентно положенню 358 в SEQ ID NO: 8 DA1 A. thaliana або положенню 333 в DA1 Z. mays згідно з SEQ ID NO: 20, розташований у положенні в межах амінокислотної послідовності DA1, що відповідає R333 в SEQ ID NO:20 і R358 в SEQ ID NO:8, тобто перебуває в тому самому положенні щодо інших мотивів і доменів білка DA1. Консервативний залишок R розташований між LIM-доменом і мотивом пептидази HEMMH (SEQ ID NO: 32) С-кінцевої області й є повністю консервативним і знаходиться в тому самому оточенні у послідовностях білків DA1. Консервативний залишок R може міститись в мотиві EK(X)₈R(X)₄SEEQ (SEQ ID NO: 33) або EK(X)₈R(X)₄SEQ (SEQ ID NO: 34) у межах С-кінцевої області.

Дані, наведені в даній заявці, демонструють, що LIM-домен і LIM-подібний домен не опосередковують гомодимеризацію DA1, і білок DA1 з порушенням LIM зберігає здатність до зв'язування з DA1 дикого типу.

Експресія білка DA1 з порушенням LIM в одній або декількох клітинах рослини зменшує активність DA1 у клітинах і підсилює ознаки рослини, пов'язані з врожайністю, такі як розмір насіння або органів (див., наприклад, публікації Li et al. (2008); WO 2009/047525; Wang et al. 2012), за допомогою цього збільшуючи врожайність рослин. Рослина, експресуюча білок DA1 з порушенням LIM, може характеризуватися фенотипом da1-1 або фенотипом, подібним da1-1.

Відповідно до деяких варіантів реалізації даного винаходу білок DA1 з порушенням LIM можна експресувати із гетерологічної нуклеїнової кислоти в одній або декількох клітинах рослини.

Білок DA1 з порушенням LIM можна експресувати в одній або декількох клітинах рослини із застосуванням будь-якої придатної методики, і підходящі методики добре відомі в даній області техніки.

Нуклеїнову кислоту, що кодує білок DA1 з порушенням LIM, можна експресувати рекомбінантним способом у тому самому виді або різновиді рослини, з якого початково була виділена дана нуклеїнова кислота, або в іншому виді або різновиді рослини (тобто в

гетерологічній рослині).

Запропоновані нуклеїнові кислоти можуть бути двох- або одноланцюговими та можуть являти собою кДНК або геномну ДНК, або РНК. Нуклеїнова кислота може бути повністю або частково синтетичною, залежно від мети. Зрозуміло, фахівець розуміє, що, якщо нуклеїнова кислота містить РНК, послідовність, еталонна представлений послідовності, повинна бути сконструйована як еталонна послідовність до еквівалента РНК із заміною Т на U.

Термін "гетерологічний" вказує, що ген/послідовність нуклеотидів, про які йде мова, або послідовність, яка регулює ген/послідовність, про які йде мова, були введені в зазначені клітини рослини або її попередника із застосуванням способів генної інженерії або рекомбінантних способів, тобто за допомогою втручання людини. Нуклеотидні послідовності, які є гетерологічними стосовно клітини рослини, можуть бути не існуючими у природі в клітинах даного типу, різновиду або виду (тобто екзогенними або чужорідними) або можуть являти собою послідовності, які не присутні у природі в даному внутрішньоклітинному або геномному оточенні клітин, або можуть являти собою послідовності, які у природі не регулюються в клітинах, тобто які функціонально сполучені з штучним регуляторним елементом.

Нуклеїнова кислота, що кодує білок DA1 з порушенням LIM, може бути функціонально сполучена з гетерологічною регуляторною послідовністю, такою як промотор, наприклад, конститутивний, індукційний, тканиноспецифічний промотор або промотор, специфічний до стадії розвитку, як описано вище.

Нуклеїнова кислота, що кодує білок DA1 з порушенням LIM, може міститись в конструкції нуклеїнової кислоти або векторі. Конструкція або вектор є переважно підходящими для трансформації клітини рослини та/або експресії в клітині рослини. Вектор являє собою, серед іншого, будь-яку плазмиду, космиду, фаг або бінарний вектор *Agrobacterium* у двох- або одноланцюговій лінійній або циклічній формі, що може бути самопередавачим або мобілізуючим, або може не бути таким, і яким можна трансформувати прокаріотичного або еукаріотичного хазяїна, зокрема, рослину-хазяїн, за допомогою інтеграції в геном клітини або позахромосомного існування (наприклад, автономно реплікуюча плазміда із точкою початку реплікації).

Конкретно включені "шатл-вектори", під якими мають на увазі ДНК-носії, здатний від природи або в результаті конструювання до реплікації у двох різних організмах, які можуть бути вибрані з *Actinomycetes* і родинних видів, бактерій та еукаріотичних клітин (наприклад, клітин вищих рослин, ссавців, дріжджів або грибів).

Конструкція або вектор, які містять нуклеїнову кислоту, описані вище, не обов'язково повинні містити промотор або іншу регуляторну послідовність, особливо, якщо вектор призначений для введення нуклеїнової кислоти в клітини для рекомбінації в геном.

Конструкції та вектори можуть додатково містити селектовані генетичні маркери, що складаються з генів, які забезпечують селектовані фенотипи, наприклад, стійкість до антибіотиків, таких як канаміцин, гіроміцин, фосфіотрицин, хлорсульфурон, метотрексат, гентаміцин, спектиноміцин, імідазоліони, гліфосат та d-амінокислоти.

Фахівці в даній області техніки можуть конструювати вектори та розробити протоколи для експресії рекомбінантних генів, наприклад, у клітині мікроорганізмів або рослин. Можна вибрати або конструювати підходящі вектори, що містять відповідні регуляторні послідовності, включаючи послідовності промотору, термінуючі фрагменти, послідовності поліаденілювання, послідовності енхансера, гени-маркери та інші послідовності, при необхідності. Докладні вказівки див., наприклад, у керівництвах *Molecular Cloning: a Laboratory Manual: 3rd edition*, Sambrook et al., 2001, Cold Spring Harbor Laboratory Press і *Protocols in Molecular Biology*, Second Edition, Ausubel et al. eds. John Wiley & Sons, 1992. Конкретні процедури та вектори, які раніше з великим успіхом використовували в рослин, описані у публікаціях Bevan, Nucl. Acids Res. (1984) 12, 8711-8721), і Guerineau and Mullineaux, (1993) *Plant transformation and expression vectors*. In: *Plant Molecular Biology Labfax* (Croy RRD ed) (Croy RRD ed) Oxford, BIOS Scientific Publishers, pp 121-148.

При введенні вибраної генетичної конструкції в клітину варто взяти до уваги певні фактори, добре відомі фахівцям у даній області техніки. Нуклеїнова кислота, яку будуть вбудовувати, повинна бути зібрана в конструкції, що містять ефективні регуляторні елементи, які будуть керувати транскрипцією. Повинен бути спосіб переносу конструкції в клітину. Після того, як конструкція виявиться під мембраною клітини, відбудеться або не відбудеться інтеграція в ендогенний хромосомний матеріал. Нарешті, переважним цільовим типом клітин є такий, клітини якого можна регенерувати в цілі рослини.

Переважно застосування конструкції та способу трансформації, які підсилюють експресію нуклеїнової кислоти, що кодує білок DA1 з порушенням LIM- або LIM-подібним доменом.

Інтеграція однієї копії гена в геном клітини рослини може бути корисною для мінімізації ефектів придушення експресії гена. Аналогічно, щодо цього може бути корисним контроль повноти інтеграції. Особливий інтерес у цьому зв'язку являє собою трансформація клітин рослин із застосуванням мінімальної конструкції експресії гена згідно з, наприклад, європейським патентом № EP1407000B1, включеним в дану заявку за допомогою посилання з даною метою.

Методики, добре відомі фахівцям у даній області техніки, можна застосовувати для введення конструкцій нуклеїнової кислоти та векторів у клітини рослин для одержання трансгенних рослин, що мають ознаки, описані в даній заявці.

Трансформація агробактеріями являє собою спосіб, широко застосовуваний фахівцями в даній області техніки для трансформації видів рослин. Одержання стабільних і фертильних трансгенних рослин на сьогоднішній день є рутинним у даній області техніки (див., наприклад, публікації 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. (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; WO 92/14828; Nilsson, O. et al. (1992) *Transgenic Research* 1, 209-220).

Інші способи, такі як балістична трансфекція або бомбардування мікрочастинками (US 5100792, EP-A-444882, EP-A-434616), електропорація (EP 290395, WO 8706614), мікроін'єкція (WO 92/09696, WO 94/00583, EP 331083, EP 175966, Green et al. (1987) *Plant Tissue and Cell Culture*, Academic Press), безпосереднє поглинання ДНК (DE 4005152, WO 9012096, US 4684611), поглинання ДНК, опосередковане ліпосомами (наприклад, Freeman et al. *Plant Cell Physiol.* 29: 1353 (1984)), або спосіб із застосуванням вортেকса (наприклад, Kindle, *PNAS U.S.A.* 87: 1228 (1990d)) можуть бути переважними, якщо трансформація агробактеріями є малоефективною або неефективною, наприклад, у деяких видів голонасінних. Огляд фізичних способів трансформації клітин рослин наведений у публікації Oard, 1991, *Biotech. Adv.* 9: 1-11.

Як альтернатива, для збільшення ефективності процесу трансформації можна застосовувати комбінацію різних методик, наприклад, бомбардування мікрочастинками, покритими агробактеріями (EP-A-486234), або балістичну трансфекцію для утворення ушкоджень і наступного спільного культивування з агробактеріями (EP-A-486233).

Після трансформації рослину можна регенерувати, наприклад, з окремих клітин, тканини калюся або листових дисків, що є стандартом у даній області техніки. Практично будь-яку рослину можна повністю регенерувати із клітин, тканин та органів рослини. Огляд доступних методик наведений у керівництвах Vasil et al., *Cell Culture and Somatic Cell Genetics of Plants*, Vol I, II and III, *Laboratory Procedures and Their Applications*, Academic Press, 1984 та Weissbach and Weissbach, *Methods for Plant Molecular Biology*, Academic Press, 1989.

Конкретний вибір технології трансформації буде визначатися ефективністю такої технології трансформувати певні види рослин, а також досвіду та переваг особи, що реалізує даний винахід на практиці, і конкретно кращою методологією. Фахівцю очевидно, що конкретний вибір системи трансформації для введення нуклеїнової кислоти в клітини рослин не є важливим для даного винаходу або не є обмежуючим даний винахід, як і вибір методики для регенерації рослини.

Після трансформації клітину рослини, яка експресує білок DA1 з порушенням LIM, можна виявити та/або відібрати. Рослину можна регенерувати із клітини рослини.

Відповідно до інших варіантів реалізації даного винаходу можна ввести мутацію у послідовність нуклеїнової кислоти, що кодує білок DA1, у геномі клітини рослини, внаслідок чого нуклеїнова кислота буде кодувати білок DA1 з порушенням LIM. Наприклад, можна ввести мутацію у послідовність, що кодує LIM-домен або LIM-подібний домен білка DA1. Потім з мутантної клітини можна регенерувати рослину.

Нуклеїнову кислоту, що кодує білок DA1, можна піддати мутації за допомогою вставки, заміни або делеції одного або декількох нуклеотидів у порівнянні з нуклеотидною послідовністю дикого типу. Наприклад, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 або 10 або більше нуклеотидів можуть бути змінені у порівнянні з нуклеотидною послідовністю дикого типу з метою інактивувати кодований LIM- або LIM-подібний домен. Мутації інактивують або нокаутують LIM-домен та/або LIM-подібний домен і перебувають переважно в області послідовності нуклеїнової кислоти, що кодує

LIM-домен або LIM-подібний домен. Переважні мутації не викликають зрушень рамки зчитування.

Методики мутагенезу, інактивації або нокауту цільових генів добре відомі в даній області техніки (див., наприклад, керівництва *In Vitro Mutagenesis Protocols; Methods in Molecular Biology* (2nd edition) Ed Jeff 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). Відповідно до деяких варіантів реалізації даного винаходу мутації в цільову послідовність, що кодує DA1, можна ввести із застосуванням методик геномного редагування, наприклад, методик на основі нуклеази, що направляє РНК, така як методика на основі CRISPR (clustered regularly interspaced short palindromic repeats - короткі паліндромні повтори, регулярно розташовані групами), методик на основі нуклеаз "цинкових пальців" (zinc-finger nucleases, ZFN) і ефекторних нуклеаз, подібних до активаторів транскрипції (transactivator-like effector nucleases, 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)).

Рослину, яка експресує білок DA1 з порушенням LIM, описаний вище (тобто білок DA1 з інактивованим або порушенням LIM-доменом або LIM-подібним доменом), можна розмножити статевим шляхом або вегетативно або виростити для одержання нащадка або потомства. Нащадок або потомство рослини, регенованої з однієї або декількох клітин, можна розмножити статевим шляхом або вегетативно або виростити. Рослину або її нащадка або потомство можна схрестити з іншим рослинами або саму з собою.

Рослину або її нащадка або потомство можна досліджувати на предмет розміру насіння, розміру органів і/або врожайності рослин у порівнянні з контролями.

У рослини, яка експресує білок DA1 з порушенням LIM, описаний у даній заявці, може спостерігатися збільшений розмір насіння й/або органів у порівнянні з контролями, і така рослина може характеризуватися більшою врожайністю.

Ефект домінантно-негативних алелей DA1 на пов'язані з врожайністю ознаки рослин є посиленням у рослин, які є дефіцитними за експресією або активністю EOD1 (Li et al. (2008), WO 2009/047525).

Білок DA1 з порушенням LIM можна експресувати, як описано вище, у рослини, що є дефіцитною за експресією або активністю EOD1.

Білки EOD1 являють собою убіквітин-лігази E3 рослин (Disch et al. (2006), Li et al. (2008), WO 2009/047525). Білки EOD1 містять домен EOD. Домен EOD рослин може складатися з амінокислотної послідовності SEQ ID NO: 37:

(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: 37)

Відповідно до деяких переважних варіантів реалізації даного винаходу білок EOD1 може містити домен EOD, що містить амінокислотну послідовність залишків з 150 по 192 SEQ ID NO: 38, залишків з 187 по 229 SEQ ID NO: 39, залишків з 192 по 234 SEQ ID NO: 40, залишків з 189 по 231 SEQ ID NO: 41, залишків з 194 по 236 SEQ ID NO: 42, залишків з 194 по 236 SEQ ID NO: 43, залишків з 194 по 236 SEQ ID NO: 44, залишків з 195 по 237 SEQ ID NO: 45, залишків з 189 по 231 SEQ ID NO: 46, залишків з 195 по 237 SEQ ID NO: 47, залишків з 195 по 237 SEQ ID NO: 48, залишків з 195 по 237 SEQ ID NO: 49, залишків з 218 по 260 SEQ ID NO: 50, залишків з 196 по 238 SEQ ID NO: 51, залишків з 197 по 239 SEQ ID NO: 52 або залишків з 193 по 235 SEQ ID NO: 53.

Додаткові підходящі послідовності домена EOD можна виявити із застосуванням стандартних методик аналізу послідовності, описаних у даній заявці (наприклад, Simple Modular Architecture Research Tool (SMART); EMBL Heidelberg, DE).

Білок EOD1, експресія або активність якого зменшена в клітині рослини, експресуючій білок DA1 з порушенням LIM, може містити амінокислотну послідовність відповідно до будь-якої з SEQ ID NO 38 - 53, викладених у таблиці 2. Відповідно до деяких переважних варіантів реалізації даного винаходу білок EOD1 може містити амінокислотну послідовність SEQ ID NO: 45 (AtEOD1) або SEQ ID NO: 50, або 51 (OsEOD1) або може являти собою варіант даної послідовності, що зберігає активність убіквітин-лігази E3.

Білок EOD1, що являє собою варіант будь-якої з SEQ ID NO: 38 - 53 або іншої еталонної послідовності EOD1, може містити амінокислотну послідовність, яка характеризується ідентичністю послідовності щонайменше 20 %, щонайменше 30 %, щонайменше 40 %, щонайменше 50 %, щонайменше 60 %, щонайменше 70 %, щонайменше 80 %, щонайменше 90 %, щонайменше 95 % або щонайменше 98 % еталонної послідовності EOD1.

Білок EOD, що являє собою варіант будь-якої з SEQ ID NO: 38 - 53, може додатково містити

домен EOD, що містить послідовність SEQ ID NO: 37. Приклади підходящих послідовностей викладені вище.

Нуклеїнова кислота, яка кодує білок EOD1, може містити нуклеотидну послідовність, викладену в записі бази даних, яку вибирають з групи, що включає 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 являти собою варіант однієї з даних послідовностей.

Відповідно до деяких переважних варіантів реалізації даного винаходу нуклеотидна послідовність, що кодує білок EOD1 у рослини, може кодувати AtEOD1 або OsEOD1 або може являти собою варіант зазначених послідовностей.

Білки EOD1 і кодуючі нуклеїнові кислоти, експресія або активність яких може бути зменшена, як описано в даній заявці, можна легко виявити у будь-якому виді рослин, що представляють інтерес, зокрема, у культурній рослині, такий як пшениця, ячмінь, маїс, рис та інші сільськогосподарські рослини, із застосуванням загальноприйнятих методик аналізу послідовності.

Підходящі способи зменшення експресії або активності EOD1 добре відомі в даній області техніки.

Наприклад, активність EOD1 можна зменшити, переважно усунути, за допомогою введення мутації, такої як делеція, вставка або заміна, у положення, яке відповідає положенню 44 в SEQ ID NO: 45, наприклад, за допомогою заміни А на Т. Положення у послідовності білка EOD1, еквівалентне положенню 44 в SEQ ID NO: 45, можна виявити із застосуванням стандартних аналізів послідовності та інструментів вирівнювання.

Відповідно до деяких варіантів реалізації даного винаходу експресію білка EOD1 можна зменшити в клітинах рослини за допомогою експресії гетерологічної нуклеїнової кислоти, що кодує або транскрибує супресорну нуклеїнову кислоту, наприклад, супресорну молекулу РНК або РНКі, у клітинах зазначеної рослини. Супресорна РНК придушує експресію білка EOD1 у клітинах рослини, що експресує DA1 з порушенням LIM.

Підходяща послідовність РНКі може відповідати фрагменту еталонної нуклеотидної послідовності EOD1, викладеної в даній заявці, або може являти собою варіант зазначеної послідовності.

Відповідно до інших варіантів реалізації даного винаходу в послідовність нуклеїнової кислоти, що кодує білок EOD1, у геном клітини рослини можна ввести нокаут- або нокаун-мутацію, у результаті якої експресія або активність EOD1 зменшується. Потім з мутантної клітини можна регенерувати рослину.

Нуклеїнову кислоту, що кодує EOD1, можна піддати мутації за допомогою вставки, заміни або делеції одного або декількох нуклеотидів у порівнянні з нуклеотидною послідовністю дикого типу. Наприклад, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 або 10 або більше нуклеотидів можуть бути змінені у порівнянні з нуклеотидною послідовністю дикого типу.

Білки DA1 з порушенням LIM можна експресувати, як описано в даній заявці, у будь-якому виді рослин. Приклади рослин, що підходять для застосування відповідно до будь-якого аспекту даного винаходу, описаному в даній заявці, включають однодольні та дводольні вищі рослини, наприклад, сільськогосподарські або культурні рослини, такі як рослини, які вибирають з групи, що включає *Lithospermum erythrorhizon*, *Taxus* spp, тютюн, гарбуз, моркву, овочеву культуру роду Капуста, диню, перець однолітній, виноград, салат, полуницю, олійну культуру роду Капуста, цукровий буряк, пшеницю, ячмінь, маїс, рис, сою, горох, сорго, соняшник, помідор, картоплю, перець, хризантему, гвоздику, льон, коноплі та жито.

В іншому аспекті даного винаходу запропонована трансгенна рослина, яка експресує білок DA1 з порушенням LIM, як описано вище.

Рослина може містити екзогенну нуклеїнову кислоту, що кодує білок DA1 з порушенням LIM.

Одна або декілька ознак рослини, пов'язаних із врожайністю, можуть бути поліпшені, збільшені або посилені в рослині у порівнянні з контрольними рослинами, які не експресують білок DA1 з порушенням LIM. Пов'язані з врожаєм ознаки можуть включати тривалість життя, розмір органу та розмір насіння.

Рослина може мати збільшену врожайність у порівнянні з контрольними рослинами дикого типу (тобто ідентичними рослинами, які не експресують білок DA1 з порушенням LIM). Наприклад, маса насіння (наприклад, зерен) або іншого продукту рослинного походження на одиницю площі може бути збільшена у порівнянні з контрольними рослинами.

Підходяща рослина може бути отримана за допомогою способу, описаного вище.

Крім рослини, отриманої за допомогою способу, описаного в даній заявці, даний винахід охоплює будь-який клон такої рослини, насіння, самозапилення або гібридне потомство та нащадків, а також будь-яку частину або пагін, що служить для вегетативного розмноження, кожного із зазначених об'єктів, такі як черешки та насіння, які можна застосовувати для відтворення або статевого або вегетативного розмноження. Також даний винахід охоплює рослину, що являє собою нащадка, отриманого в результаті статевого або вегетативного розмноження, клон або нащадка такої рослини, або будь-яку частину або пагін, що служить для вегетативного розмноження, зазначеної рослини, нащадка, клону або потомства.

Рослина згідно з даним винаходом може являти собою рослину, що не здатна передавати одну або декілька ознак потомству. Можуть бути виключені різновиди рослин, особливо різновиди рослин, реєстровані відповідно до правил реєстрації нових сортів рослин (Plant Breeders Rights).

"Та/або" у даній заявці варто інтерпретувати як конкретну вказівку на кожну з двох зазначених ознак або компонентів у сполученні з іншим або без іншого. Наприклад, "А та/або В" варто інтерпретувати як конкретну вказівку на кожний з (i) А, (ii) В та (iii) А і В так, ніби кожний з даних варіантів був зазначений у даній заявці індивідуально.

Якщо контекст не диктує зворотнє, описи та визначення властивостей, викладених вище, не обмежені ніяким конкретним аспектом або варіантом реалізації даного винаходу, і застосовуються еквівалентно до всіх описаних аспектів і варіантів реалізації.

Всі документи, що згадують у даній специфікації, включені в дану заявку за допомогою посилання у всій своїй повноті для всіх цілей.

Зміст всіх записів баз даних, що згадують у даній специфікації, також включений в дану заявку за допомогою посилання у всій своїй повноті для всіх цілей. Такі записи включають версії будь-якої послідовності, які існують на дату подачі даної заявки.

Експерименти

1. Методи

1.1 Аналіз коімунопреципітації

Всі білки-примани для даних досліджень були позначені GST (глутатіон-S-трансферазою), і гранули глутатіон-сефарози (GE Life Science 17-0756-01) використовували для афінної адсорбції даних білків.

У колбу, яка містить 10 мл середовища LB з відповідними антибіотиками, інокулювали штам BL21 з відповідною експресуючою конструкцією у вихідному розчині гліцеролу та залишали вирощувати протягом ночі при температурі 37 °C і при 220 об./хв. На наступний ранок 10 мл прекультури використовували для інокуляції в колбу, яка містить LB об'ємом 100 мл (у співвідношенні 1:100), і дану культуру інкубували при температурі 37 °C протягом двох годин при 220 об./хв. Колбу виймали з інкубатора, додавали IPTG (ізопропілтіогалактозид, Melford MB1008) до кінцевої концентрації 1 mM, після чого інкубували культуру при температурі 28 °C (і 220 об./хв.) протягом ще трьох годин.

Після даної фази росту культури центрифугували при 4500g протягом 10 хвилин, супернатанти відкидали, і осад ресуспендували при температурі 4 °C в 2,5 мл буфера TGH (50 mM HEPES (pH 7,5), 150 mM NaCl, 1 % Triton-X-100, 10 % гліцерол, 1 mM DTT (дитіотреїтол), 1 таблетка повного інгібітора протеази, який не містить EDTA (complete EDTA-free protease inhibitor, на 50 мл, Roche 11873580001)). Потім бактеріальну суспензію обробляли ультразвуком (на льоді) протягом чотирьох циклів тривалістю по десять секунд, розділених інтервалами по 20 секунд, після чого центрифугували при 12000g протягом 20 хвилин, щоб осадити весь клітинний дебрис. Виділені зразки після обробки ультразвуком зберігали на льоді, поки не була приготовлена 50 % суспензія промитих гранул глутатіон-сефарози (GE Life Sciences 17-0756-01) відповідно до інструкцій виробника. Потім 20 мкл 50 % суспензії глутатіон-сефарози поєднували з 2,5 мл екстракту білка із клітин, експресуючих білок-приманку (мічений GST), і з 2,5 мл екстракту білка із клітин, експресуючих білок-здобич (мічений HA-/FLAG-/HIS). Дану суміш інкубували протягом 30 хвилин при температурі 4 °C на обертовому столі, після чого гранули глутатіон-сефарози промивали п'ять разів надлишком (500 мкл) буфера TGH (відповідно до інструкцій виробника). Після промивання білки елюювали 35 мкл буфера для елюювання GST (50 mM TRIS-гліцин (pH 8,0), 10 mM відновленого глутатіону) протягом більше 30 хвилин при температурі 4 °C з наступним аналізом методом вестерн-блоттингу.

1.2 Вестерн-блоттинг

20 %, 12 % або 4 - 20 % заздалегідь приготовлені SDS-поліакриламідні гелі (RunBlue NXG02012, NXG01227, NXG42027) занурювали у буфер для аналізу RunBlue SDS-TRIS-трицин (RunBlue NXB0500) у резервуарах для гелю (Atto Japan AE6450). Зразки змішували з 2x буфером для зразка Лемлі (Bio-Rad Ltd 161-0737), що поміщали в термоблок при температурі

96 °C протягом 10 хвилин, а потім наносили у промиті лунки в гелі в аліквотах по 10 мкл або 20 мкл. Гелі аналізували при 160 В протягом 60 хвилин разом з аліквотою попередньо пофарбованої «драбинки» маркерів молекулярної маси PageRuler Plus Prestained Protein Ladder, від 10 до 250 кДа (Fermentas 26619) об'ємом 3 мкл. При необхідності, на даній стадії гелі

5

офарблювали. Перенос проводили із застосуванням набору Bio-Rad Mini Trans-Blot® Cell (Bio-Rad 170-3836). Гелі видаляли із скляного каркаса та клали зверху на губку (з набору Bio-Rad Mini Trans-Blot® Cell), два листи хроматографічного паперу (VWR WHAT3030-917) і промиту метанолом PVDF (полівініліденфторидну) мембрану (Roche Diagnostics 03010040001). Пухирці повітря між гелем і мембраною видаляли, після чого на гелі клали два додаткових листи ватманського паперу і губку, і всю отриману конструкцію закривали в контейнері для втримання гелю (з набору Bio-Rad Mini Trans-Blot® Cell), занурювали у буфер для переносу (25 mM TRIS, 192 mM гліцин, 10 % (об./об.) метанол) і витримували при 90 В протягом 70 хвилин при температурі 4 °C.

10

Після переносу мембрану промивали протягом 10 хвилин в 50 мл ФБР (фосфатний буферний розчин, 140 mM NaCl, 2,7 mM KCl, 10 mM Na₂HPO₄, 1,8 mM KH₂PO₄, pH 7,3) при кімнатній температурі та струшували в 50 мл блокуючого розчину (5 % (мас./об.) сухе молоко, 0,1 % (об./об.) Tween-20) протягом однієї години при кімнатній температурі або протягом ночі при температурі 4 °C. Первинні антитіла розводили у блокуючому розчині до відповідної концентрації (див. таблицю 2.9) та інкубували з мембраною (10 мл на мембрану при легкому перемішуванні) протягом однієї години перед п'ятьма промиваннями 50 мл ФБР (ФБР із Tween, 140 mM NaCl, 2,7 mM KCl, 10 mM Na₂HPO₄, 1,8 mM KH₂PO₄, 0,1 % (об./об.) Tween-20, pH 7,3) при кімнатній температурі. Якщо було потрібне вторинне антитіло, етапи фарбування та промивання повторювали.

15

20

Промиту мембрану тримали пінцетом й акуратно промокували один кут на промокальному папері, щоб видалити надлишок вологи. Потім мембрану поміщали в чашку Петри та обробляли субстратом пероксидази (SuperSignal West FEMTO Max. Sensitivity substrate (Fisher Scientific PN34095)) у кількості 800 мкл субстрату на мембрану. Мембрани залишали в даному субстраті на п'ять хвилин, висушували, як описано раніше, і поміщали в рентгенівську касету для плівок під лист рентгенівської плівки (Fuji Film X-RAY, 18 x 24 см (FujiFilm 497772RXNO)). Рентгенівську плівку проявляли із застосуванням настільної проявляючої машини для рентгенівських плівок Konica SRX-101 (Konica 106931659).

25

30

При необхідності, після проведення аналізу мембрани промивали в 50 мл ФБРТ та офарблювали 10 мл розчину Ponceau S (Sigma-Aldrich P7170) протягом 30 хвилин після одного промивання в 50 мл ФБРТ і висушували при кімнатній температурі.

35

1.3 Визначення розміру насіння

Площу насіння використовували як репрезентативний показник розміру насіння. Насіння розкидали в чашці Петри та сканували проти білого фону із застосуванням настільного сканера (Hewlett Packard Scanjet 4370) при високій роздільній здатності (<3600 точок на дюйм). Зображення зберігали у вигляді чорно-білих зображень розміром 8 біт, і аналіз зображень проводили із застосуванням програмного забезпечення Image. Відкривали програму Image і встановлювали поріг (Ctrl+Shift+T) так, щоб все насіння було повністю червоним, потім вибирали все насіння за допомогою інструмента "прямокутного вибору" і вибирали варіант аналізу (Analyze > Analyze Particles). У діалоговому вікні встановлювали розмір порога, щоб виключити з аналізу менші (відмінні від насіння) структури та великі структури, такі як агрегати насіння. Довжину та ширину насіння розраховували за допомогою підгонки овалу до кожного насіння (Analyze > Set measurements > Fit ellipse). При виборі даного варіанта аналіз видає «Більше» і «Менше» значення, що відповідає довжині та ширині овалу, представляючи найбільш довгу та найбільш широку частини насіння. [J1]

40

45

2. Результати

LIM-домени (Prosite: PS00478) являють собою тандемні домени "цинкового пальця", які виступають як платформа для білок-білкових взаємодій (фіг. 1).

За допомогою програмного забезпечення для прогнозування доменів, доступного в мережі інтернет (Pfam, SMART, PROSITE), була спрогнозована наявність одного LIM-домена в DA1 (амінокислоти (AK) 170 - 230 AtDA1), що, як передбачалося, залучений в опосередкування передбачуваної гомодимеризації DA1-DA1 (Li et al., 2008).

55

Однак несподівано було виявлено, що при введенні расе Col арабідопсису варіант DA1 з мутантним LIM-доменом (надалі позначуваний "DA1lim8") викликає домінуючий негативний фенотип розміру органа, еквівалентний мутанту da-1 (фіг. 4). Отримані результати демонструють, що LIM-домен DA1 не залучений у гомодимеризацію DA1.

60

Для одержання мутанта DA1lim84 ключові амінокислоти, які координують цинк (C172, C175, C199 і C202), перетворювали в гліцин. Згідно з прогнозом, дані мутації усувають мотив "цинкового пальця", що утворюється в результаті координації Zn ділянками залишків цистеїну (C).

5 Рекombінантні білки-принади, мічені GST, інкубували з рекombінантним білками-здобищем, міченими FLAG, з наступною преципітацією мічених GST білків-принад на гранулах глутатіон-сефарози. Потім очищені білки елюювали та проводили аналіз методом електрофорезу в поліакриламідному гелі з додецилсульфатом натрію та імуноблотингу. Здатність β -глюкуронідази (GUS) утворювати гомотетрамер використовували для одержання позитивного контролю GST-GUS у порівнянні з FLAG-GUS. Також використовували два набори негативних контролю, які являли собою GST-GUS у порівнянні з FLAG-видобуток та GST-принада у порівнянні з FLAG-GUS.

10 Дані експерименти з коімунопреципітації *in vitro* продемонстрували, що DA1lim8 здатний сполучатись з білком DA1 дикого типу (фігура 3), і що фенотип розміру насіння lim8 у раси Col еквівалентний такому для da1-1 (фігура 4).

15 Потім послідовності білків DA1 аналізували із застосуванням двохетапного аналізу прогнозування доменів. Спочатку проводили початковий скринінг для виявлення гомології (HHpred) з метою виявлення білків з подібними доменами та структурами. Після цього проводили скринінг для прогнозування доменів (Pfam, SMART, PROSITE), при якому дані білки використовували як шукану послідовність. Дана стратегія дозволила встановити, що область амінокислот 230 - 297 AtDA1 має значну структурну гомологію з LIM-доменами інших білків (включаючи білок LHX3 LIM/гомеобокса миші). Даний новий передбачуваний домен був названий LIM-подібним доменом.

20 Передбачувана друга пара амінокислот, що координують цинк в LIM-подібному домені DA1, не була виявлена із застосуванням класичного програмного забезпечення для прогнозування доменів (Pfam, SMART, PROSITE) внаслідок значного відхилення послідовності від канонічної ділянки LIM. При аналізі спарювання CxxH у положенні амінокислот 261 - 264 у послідовності AtDA1 було очевидно, що вставка у перший домен "цинкового пальця" і міжпальцеву область викликає значне відхилення послідовності від консенсусної ділянки LIM, у результаті чого довжина "пальця" становить 24 АК і довжина міжпальцевої області становить 7 АК (замість 16 - 23 АК та 2 АК, відповідно).

30 Внаслідок цього LIM-подібний домен являє собою другий «цинковий палець», який містить LIM-домен у межах білка DA1.

| | | |
|---------------------|--|-----|
| Si_GI-514815267.pro | ----- | |
| | | |
| Bd_GI-357157184.pro | ----- | |
| Br_DAlb.pro | ----- | |
| Br_DAla.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 | MEPPAARVTPSIKADCSHSVNIICEETVLHSLVSHLSAALRREGISVVFVDACGLQETKFF | 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_DAlb.pro | ----- | |
| Br_DAla.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 | SIKQNQPLTDGARVLVVVISDEVEFYDPWFPKFLKVIQGWQNNGHVVPVVFYGVDSLTRV | 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_DAlb.pro | ----- | |
| Br_DAla.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 | YGWANSWLEAEKLTSHQSKILSNNVLTDSSELVEETVRDVYGKLYPAERVGIIYARLLEIEK | 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_Dalb.pro
Br_Dala.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
At_GI-30698242.pro
At_GI-30698240.pro
At_GI-15240018.pro
At_GI-334188680.pro
```

LLYKOHBDIRSIGIWGMPGIGKTTLAKAVFNHMS TDYDASCFTENFDEAFHKEGLHRLLLK 240

Si_GI-514815267.pro
Bd_GI-357157184.pro
Br_Dalb.pro
Br_Da.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-1154666772.pro
Bd_GI-357160893.pro
Bd_GI-357164660.pro
Sb_GI-240292232.pro
Zm_GI-212275448.pro
At_GI-240256211.pro
At_GI-145360806.pro
At_GI-22326876.pro
At_GI-30698242.pro
At_GI-30698240.pro
At_GI-15240018.pro
At_GI-334188680.pro

ERIGKILKDEFDISSYIMRPTLHRDKLYDKRILVVLDVDRDSLAAESFLKRLDWFGSGS 300

```

Si_GI-514815267.pro
Bd_GI-357157184.pro
Br_DAlb.pro
Br_DAla.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-24209232.pro
Zm_GI-21275448.pro
At_GI-240256211.pro
At_GI-145360806.pro
At_GI-22326876.pro
At_GI-30698242.pro
At_GI-30698240.pro

```

LIILTSVDPKOVFAFCOINOIYTVOGLNVHEALOLFSSOSVFGINEPEONDRKLSMKVIDYV 360

At_GI-15240018.pro
At_GI-334188680.pro

Si_GI-514815267.pro
Bd_GI-357157184.pro
Br_Dalb.pro
Br_Dala.pro
At_GI-15221983.pro
Tc_GI-508722773.pro
Gm_GI-356564241.pro
Gm_GI-356552145.pro
Vv_GI-302142429.pro
Vv_GI-3559492104.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-2236876.pro
At_GI-30698242.pro
At_GI-30698240.pro
At_GI-15240018.pro
At_GI-334188680.pro

NGNPLALSIYGRELMGKKSEMETAFFELKHCPPLKIODVLKNAYSALSDNEKNIVLDIAF 420

Si_GI-514815267.pro
Bd_GI-357157184.pro
Br_DalB.pro
Br_Dala.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
At_GI-30698242.pro
At_GI-30698240.pro
At_GI-15240018.pro
At_GI-334188680.pro

FFKGETVNYVMOLLEESHYFPRLAIDVLVDKCVLTISENTVOMNNLIQDTCQEIFNGEIE 480

Si_GI-514815267.pro
Bd_GI-357157184.pro
Br_DAlb.pro
Br_DAla.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
Si_GI-460385048.pro
Os_GI-218197709.pro
Os_GI-115466772.pro
Bd_GI-357160893.pro
Bd_GI-357164660.pro
Sb_GI-24209232.pro
Zm_GI-212275448.pro
At_GI-240256211.pro
At_GI-145360806.pro
At_GI-22326876.pro
At_GI-30698242.pro
At_GI-30698240.pro

TCTRMWEPSRIRYLLEYDELEGSGETKAMPKSGLVAEHIESIFLDTSNVKFDVKHDAFKN 540

| | | |
|---------------------|-------|---|
| At_GI-15240018.pro | ----- | |
| At_GI-334188680.pro | ----- | |
| Si_GI-514815267.pro | ----- | |
| Bd_GI-357157184.pro | ----- | |
| Br_DAlb.pro | ----- | |
| Br_DAla.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 | ----- | MFNLKFLKIYNCSKYISGLNFPKGLDSLPEYELRLHWHENYPLQSLPQDFDFGHLVKLSM 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_DAlb.pro | ----- | |
| Br_DAla.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 | ----- | PYSQLHKLGTTRVKDLVMLKRLILSHSLQLVESDILIIYAQNIELIDLQGCTGLQRFPPDTSQ 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_DAlb.pro | ----- | |
| Br_DAla.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 | ----- | -----MGDRP 5 |
| 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 | ----- | LQNLRVVNLSGCTEIKCFSGVPPNIEELHLOGTRIREIPIFNATHPPKVKLDRKKLWNL 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_DAlb.pro | ----- | |
| Br_DAla.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 | DMGAGVALRFSHNDWTLEEDSKALHFLQPDVLVLTG DYGNENVQLVKSI SDLQLPKAAIL | 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 | ENFSDVEHIDLECVTNLATVTSNNHVMGKLVCLNMKYCSNLRGLPDMVSLES LKVLVYLSG | 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_DAlb.pro | ----- | |
| Br_DAla.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 | GNHDCWHTYQFSEKKVDRVQLQLES LGQHVG YKCLDFPTIKLSVVGGRPFSCGGNRIFR | 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_DAlb.pro | ----- | |
| Br_DAla.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 | FSNCRYFSSQVIAEFVEKGLVASLARAKQEELIKAPEVIICIPMDTRQRSSFRLQAGRNA | 900 |
| At_GI-30698242.pro | ----- | |
| At_GI-30698240.pro | -----MPISDVASLVGGAALGAPLSE | 21 |

| | | |
|---------------------|--|------|
| At_GI-15240018.pro | -----MASDYSSDDEGFGKVLIG | 21 |
| At_GI-334188680.pro | -----MWCLSCFKPKSTKHDP | 15 |
| | | |
| Si_GI-514815267.pro | ----- | |
| Bd_GI-357157184.pro | ----- | |
| Br_DAlb.pro | ----- | |
| Br_DAla.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 | GDHGDPPDLEQAI SDLQRETGVSIPLVVFVGHMHKSLAYGRGLRKMIAFGANRTIYLNNAV | 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 | MTDLVPWMQKPISGFSMSVVVSFQDDYHNDVGLRIRCVGTWKTWNNQPDRIVERPFFQWA | 960 |
| At_GI-30698242.pro | ----- | |
| At_GI-30698240.pro | IFKLVIEEAKVKDFKP----- | L 39 |
| At_GI-15240018.pro | EKDRFEAETIHVIEVSQ----- | H 39 |
| At_GI-334188680.pro | SEDRFEEETNIVTGIS----- | 31 |
| | | |
| Si_GI-514815267.pro | ----- | |
| Bd_GI-357157184.pro | ----- | |
| Br_DAlb.pro | ----- | |
| Br_DAla.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 | ----- | |
| At_GI-22326876.pro | ----- | |
| 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_DAlb.pro | ----- | |
| Br_DAla.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 | ----- | |
| 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_DAlb.pro | ----- | |
| Br_DAla.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 | ----- | |
| 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_DAlb.pro | ----- | |
| Br_DAla.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 | ----- | |
| | | |

| | | |
|---------------------|---|------|
| At_GI-15240018.pro | VLQHEERE-----RLINKKTALEDEEDELARTLEESLKENRRRKMFEQVKNKDEQ | 150 |
| At_GI-334188680.pro | GLQYVEET-----ELDKSVVDEED-----QQ | 96 |
| Si_GI-514815267.pro | TQHTKSY----- | 36 |
| Bd_GI-357157184.pro | SENIR----- | 34 |
| Br_DAlb.pro | -HEHS-----EPSAETDA-----DHT | 48 |
| Br_DAla.pro | -HDEPSADTDPPDPDPDE-----THT | 52 |
| At_GI-15221983.pro | TASHDDEPSAADTDADNDPE-----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 | SNSAVVTMVYPLESTFGQLDLLLATDLRQLVIDDVDCCKLRQQAQPVHLHMYSLQLQLQ | 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 | RYSAEGSDFDKEEIECAIALSLS-----EQEHVIPQDDKGGKKIIE | 73 |
| At_GI-145360806.pro | VFPLPPS----- | 89 |
| At_GI-22326876.pro | LSSTSSKVRSGNVFWKWLGCFF-----LQPKNLRSSRRRTALEEA | 1122 |
| At_GI-30698242.pro | | |
| At_GI-30698240.pro | LCLVAQPEVVTKFWLKRPLMELKKMLFEDGV-----VTVVVSAPYALGKKTLYTK | 207 |
| At_GI-15240018.pro | LALIVQESLNMEEYPIR-LEEYK-----SISRRAPLDVDEQ-FAKA | 189 |
| At_GI-334188680.pro | LSKIVEESLKE----- | 107 |
| Si_GI-514815267.pro | -----GAGHNED-E-----DMDHAIASLSEQDQRKGKAITTEHLD-ED | 74 |
| Bd_GI-357157184.pro | -----GAYDESDNE-----DIDRAIALSLAEEDPNKGKAIIDPDYS----- | 70 |
| Br_DAlb.pro | QEPSTSEETWNGKENE-----EVDRVIALSILEE-ENQRPETNTG----- | 88 |
| Br_DAla.pro | QEPSTSEEDTS-GQENE-----DIDRAIALSLIENSQGGTNNTCAN----- | 93 |
| At_GI-15221983.pro | QEPSTSEDNTSNDQENE-----DIDRAIALSLLEE--NQEQTSISG----- | 94 |
| Tc_GI-508722773.pro | NAPSVS-GDAWQELNE-----DVDRAIALSLLGE--SQKGRKVID----- | 70 |
| Gm_GI-356564241.pro | GVTN-----NQENE-----DIDRAIALSLVEESRRANNNVNGER----- | 69 |
| Gm_GI-356552145.pro | GVTNDAWNQSQNQENE-----DIDRAIALSLVEETQKANNVN----- | 73 |
| Vv_GI-302142429.pro | ---SCSGDVWAETENE-----DIDRAIALSLSEE--EQKGGKVID----- | 68 |
| Vv_GI-359492104.pro | ---SCSGDVWAETENE-----DIDRAIALSLSEE--EQKGGKVIDE----- | 69 |
| Sl_GI-460385048.pro | ---STAEDSWSEIE-----EIDRAIALSLSEE--EQKGGKVID----- | 66 |
| Os_GI-218197709.pro | TSHAHQHGDVPSEFDNE-----DIARAIISLLEEEQRKAKAIEKD----- | 465 |
| Os_GI-115466772.pro | -----DVPSEFDNE-----DIARAIISLLEEEQRKAKAIEKD----- | 73 |
| Bd_GI-357160893.pro | -----DVLSEFDNE-----DIDRAIALSLSEE--QRKSGTGKD----- | 72 |
| Bd_GI-357164660.pro | -----YALSEFDNE-----DIDRAIALSLSEEEQRKSGTGKD----- | 73 |
| Sb_GI-242092232.pro | -----DIFSEFNNE-----DIDRAIALSLSEEEQRKAKTIDKD----- | 73 |
| Zm_GI-212275448.pro | -----DILSEFNNE-----DIDRAIALSLSEEEQRKAKTIDKD----- | 73 |
| At_GI-240256211.pro | YKSETEEDDDDEDEEYMRQALEAAEEERRVAQAQIEEEKRRAEQLEETEKLAK | 133 |
| At_GI-145360806.pro | ---SLDDRSRGARDKE-----ELDRSISLADN-TKRPHGYGWS----- | 125 |
| At_GI-22326876.pro | LEEALKEREKLEDREL-----QIALIESKKIKKIQADERDQIKHADER----- | 1167 |
| At_GI-30698242.pro | ---MVRKRQEEDEKI-----EIERVKESLKLAKQAEKRRLESKEQ----- | 41 |
| At_GI-30698240.pro | LCHDADVKEKFKQIFFI-----SVSKFPNVRLIGHKLEHIGCKANEYEN----- | 252 |
| At_GI-15240018.pro | VKESLKNKGKQFED-----QVKKDEQLALIVQESLNMVESPPPLEEN----- | 234 |
| At_GI-334188680.pro | -----KGKSKQFEDD-----QVENDEQQALMVQESLYMVELSAQLEED----- | 145 |
| Si_GI-514815267.pro | EQLARALQENTSPTLDEDEQLAR-----ALQESMNDEHP | 108 |
| Bd_GI-357157184.pro | -----LEEDEQLAR-----ALHESLNTGSP | 90 |
| Br_DAlb.pro | -----AWKHAM-MDDDEQLAR-----AIQESMIARN- | 113 |
| Br_DAla.pro | -----AGKYAM-VDEDEQLAR-----AIQESMVVGNT | 119 |
| At_GI-15221983.pro | -----KYSMPVDEDEQLAR-----ALQESMVVGNS | 119 |
| Tc_GI-508722773.pro | -----DEYQLEDEQLAR-----ALQESLNFEPP | 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 | -----SESQLEDEQLAR-----ALQESLNIESP | 90 |
| Os_GI-218197709.pro | -----MHLEDEQLAR-----AIQESLNIESP | 487 |
| Os_GI-115466772.pro | -----MHLEDEQLAR-----AIQESLNIESP | 95 |
| Bd_GI-357160893.pro | -----LHLEDEQLAR-----AIHESLNIESP | 94 |
| Bd_GI-357164660.pro | -----QHLEDEQLAR-----AIQESLNIESP | 95 |
| Sb_GI-242092232.pro | -----MHLEDEQLAR-----AIQESLNIESP | 95 |
| Zm_GI-212275448.pro | -----MHLEDEQLAR-----AIQESLNIESP | 95 |
| At_GI-240256211.pro | ARLEEEEMRRSKAQLLEDELLAK-----ALQESMNVGSP | 167 |
| At_GI-145360806.pro | -----MDNNRDFPR-----PFHGGLNPSSF | 145 |
| At_GI-22326876.pro | -----EQRKHSKDHEEEIESNEKEERRHSKYVIEELVLKGKGRKQLDDKKADEKEQ | 1221 |
| At_GI-30698242.pro | -----GKRIQVDDG-----QLAKTTSKDKGQ | 62 |
| At_GI-30698240.pro | -----DLDMALIYQQLLKLQGRNGSILLVLDDV-----WAEESLQKFL | 292 |

At_GI-15240018.pro
At_GI-334188680.pro

-----NNISTRAPVDEDEQLAK-----AVEESLKGKGO 262
-----KNISTIPPLNEDAQLQK-----VIWESAKGKGO 173

Si_GI-514815267.pro
Bd_GI-357157184.pro
Br_DAlb.pro
Br_DAla.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
At_GI-30698242.pro
At_GI-30698240.pro
At_GI-15240018.pro
At_GI-334188680.pro

PR-----QHIPIEDVHSESAPASSLPPYVFPNGSRVCA 142
PH-----QNVPPVDVPSEVPTRPPPPVFLSSGFRACA 124
-----GTT-----YDFGNAY-----GNGHMHGGGNYVDNGDIYPRPIAFSMDFRICA 156
PRQKHGSS-----YDIGNAYGAGDVYNGHMHGGGNYANGDIYPRPTAFPMDFRICA 173
PRHKSGST-----YDNGNAYGAGDLYGNGHMYGGGNYANGDIYPRPITFQMDFRICA 173
P-----QYENANMYQMPVHFPMPGYRICA 118
P-----RYGNENMYQPPIQYFPLG--ICA 118
P-----RYGNENMYQPPIQYFPMGSRICA 122
PQ-----HGNGN-----GNGNIYQIPFPYSTGFRICA 120
PQ-----HGNGN-----GNGNIYQIPFPYSTGFRICA 123
PQ-----HVSRRDHGGGNYGNGNFYHPVFPFYPASFRVCA 126
-----PRARENGNANGGNYQPLPFMFSSGFRTCA 517
-----PRARENGNANGGNYQPLPFMFSSGFRTCA 125
PCARDNGSPPH---ARDNSSPHARENSSHPRARENGIANGNGSIQHSFPMFSSGFRTCA 151
-----PRAREKSSHPRARENGSANGGNSYQL-PLMFSSGFRTCA 133
P-----PSRENGSANGGNYHPLPFMFSSGFRTCA 125
PRRNGSAN-----GGTMYHPPRETGNAYQPPRENGSANGGNYHPLPFMFSSGFRTCA 148
P-----RYDPGNILQPYFPLIPSSHRICV 191
IP-----PYEPSYQYRRRQRICG 163
IKH-----SKDHVEE-----EVNPPLSKCK 1241
INH-----SKDVVEE-----DVNPPPS-I 80
IQLPDYKILVTSRFEFTSFGPTFHLKPLIDVEVECRDEIEENEKLP---EVNPPLSMCG 348
IKQ-----SKDEVEGDGMLL---ELNPPPSLCG 287
IEH-----FKDPVEEDGNLPRVDLNVNHPHSICD 202

Si_GI-514815267.pro
Bd_GI-357157184.pro
Br_DAlb.pro
Br_DAla.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
At_GI-30698242.pro
At_GI-30698240.pro
At_GI-15240018.pro
At_GI-334188680.pro

GCKTPIGQGRFLSCMDSVWHHPQCFRCYGCIPISEYEFVAVHE---DHAYHRSCYKERF-H 198
GCNNPIGNRFLSCMDSVWHHPQCFRCFACNKPISEYEFAMHE---NQPYHKSCYKDF-H 180
GCNMEIGHGRFLNCLNALWHHPQCFRCYGCSPHPISEYEFSTSG---NYPFHKACYRERY-H 212
GCNMEIGHGRFLNCLNALWHHPQCFRCYGCSPHPISEYEFSTSG---NYPFHKACYRERY-H 229
GCNMEIGHGRFLNCLNSLWHHPQCFRCYGCSPHPISEYEFSTSG---NYPFHKACYRERY-H 229
GCNTEIGHGRFLNCLNALWHHPQCFRCYGCSPHPISEYEFSTSG---NYPFHKACYRERY-H 174
GCYTEIGHGRFLNCLNALWHHPQCFRCYGCSPHPISEYEFSTSG---NYPFHKACYRERY-H 174
GCYTEIGHGRFLNCLNALWHHPQCFRCYGCSPHPISEYEFSTSG---NYPFHKACYRERY-H 178
GCNTEIGHGRFLSCMGAVWHHPQCFRCYGCSPHPISEYEFSTSG---NYPFHKACYRERY-H 176
GCNTEIGHGRFLSCMGAVWHHPQCFRCYGCSPHPISEYEFSTSG---NYPFHKACYRERY-H 179
GCNTEIGHGRFLSCMGAVWHHPQCFRCYGCSPHPISEYEFSTSG---NYPFHKACYRERY-H 182
GCHSEIGHGRFLSCMGAVWHHPQCFRCYGCSPHPISEYEFSTSG---NYPFHKACYRERY-H 573
GCHSEIGHGRFLSCMGAVWHHPQCFRCYGCSPHPISEYEFSTSG---NYPFHKACYRERY-H 181
GCHSEIGHGRFLSCMGAVWHHPQCFRCYGCSPHPISEYEFSTSG---NYPFHKACYRERY-H 207
GCHSEIGHGRFLSCMGAVWHHPQCFRCYGCSPHPISEYEFSTSG---NYPFHKACYRERY-H 189
GCHREIGHGRFLSCMGAVWHHPQCFRCYGCSPHPISEYEFSTSG---NYPFHKACYRERY-H 181
GCHREIGHGRFLSCMGAVWHHPQCFRCYGCSPHPISEYEFSTSG---NYPFHKACYRERY-H 204
GCHREIGHGRFLSCMGAVWHHPQCFRCYGCSPHPISEYEFSTSG---NYPFHKACYRERY-H 247
GCQAEIGHGRFLSCMGAVWHHPQCFRCYGCSPHPISEYEFSTSG---NYPFHKACYRERY-H 219
GCNSDIGSGNYLGMGTFFHPECFRCYGCSPHPISEYEFSTSG---NYPFHKACYRERY-H 1296
DKSAIEDGISINAYGSVWHHPQCFRCYGCSPHPISEYEFSTSG---NYPFHKACYRERY-H 128
DGKSEIGDGTSVN---PRCLCCFCHRPFFVMHEILK---GKPHIDCYKEYRN 404
GCNSAVKHESVNILGLVWHHPQCFRCYGCSPHPISEYEFSTSG---NYPFHKACYRERY-H 343
GCNFAVEHGGSVNGLVWHHPQCFRCYGCSPHPISEYEFSTSG---NYPFHKACYRERY-H 256
GCKSAIEYGRSVHALGVNWHHPQCFRCYGCSPHPISEYEFSTSG---NYPFHKACYRERY-H

Si_GI-514815267.pro
Bd_GI-357157184.pro
Br_DAlb.pro
Br_DAla.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

PKCDVCNSFIPTNKNGLIEYRAHPFWQKYCPSHENDGTPRCCSCERMPEKHSQYITLDD 258
PKCDVCKDFIPTNKGDLIEYRAHPFWQKYCPSHEDDGTTPRCCSCERMPEPTDIKYIRLDD 240
PKCDVCSLFISTNHAGLIEYRAHPFWQKYCPSHEHDATPRCCSCERMPEPRNTGYFELND 272
PKCDVCSLFIPTNHAGLIEYRAHPFWQKYCPSHEHDATPRCCSCERMPEPRNTGYFELND 289
PKCDVCSHFIPITNHAGLIEYRAHPFWQKYCPSHEHDATPRCCSCERMPEPRNTRYVALND 289
PKCDVCNDFIPTNPAGLIEYRAHPFWQKYCPSHEHDSTPRCCSCERMPEQDTGYVALND 234
PKCDVCKHFIPITNPAGLIEYRAHPFWQKYCPSHEHDGTTPRCCSCERMESQEAGYIALKD 234
PKCDVCKHFIPITNPAGLIEYRAHPFWQKYCPSHEHDGTTPRCCSCERMESQEAGYIALKD 238
PKCDVCKHFIPITNPAGLIEYRAHPFWQKYCPSHEHDRTTPRCCSCERMPEPRDTRYVALND 236
PKCDVCKHFIPITNPAGLIEYRAHPFWQKYCPSHEHDRTTPRCCSCERMPEPRDTRYVALND 239
PKCDVCKHFIPITNPAGLIEYRAHPFWQKYCPSHEHDGTTPRCCSCERMPEPRDTRYIALDD 242
PKCDVCKQFIPTNMNGLIEYRAHPFWQKYCPSHEVDGTTPRCCSCERMPEPRESRYVLLDD 633
PKCDVCKQFIPTNMNGLIEYRAHPFWQKYCPSHEVDGTTPRCCSCERMPEPRESRYVLLDD 241
PKCDVCKQFIPTNMNGLIEYRAHPFWQKYCPSHEVDGTTPRCCSCERMPEPRESRYVLLDD 267
PKCDVCKQFIPTNMNGLIEYRAHPFWQKYCPSHEVDGTTPRCCSCERMPEPRESRYVLLDD 249
PKCDVCKQFIPTNMNGLIEYRAHPFWQKYCPSHEVDGTTPRCCSCERMPEPRESRYVLLDD 241


```

Zm_GI-212275448.pro  PKCDVCKQFIPTNMNGLIEYRAHPFWVQKYCPSHEMDGTPRCCSCERMEPRESKYVLLDD 264
At_GI-240256211.pro  PKCDVCHNFIPTNPAGLIEYRAHPFWMQKYCPSHERDGTTPRCCSCERMEPKDTKYLLDD 307
At_GI-145360806.pro  PKCEVCHHFIPTNDAGLIEYRCHFPWNQKYCPSHEYDKTARCCSCERLESWDVRYTLED 279
At_GI-22326876.pro   PNCYVCEKKIPRTAEG-L-KYHEHPFWMETPCPSHDGDTPKCCSCERLEHCGTQYVMLAD 1355
At_GI-30698242.pro   RNCYVCQOKIPVNAEGIRKFSEHPFWKEKYCPIHDEDTAKCCSCERLEPRGTNYVMLGD 188
At_GI-30698240.pro   -YCYVCKEKK-----MKTYNHHPFWEERYCVPVHEADGTPKCCSCERLEPRGTNYVMLGD 457
At_GI-15240018.pro   -YCYVCKEKK-----MKTYNHHPFWEERYCVPVHEADGTPKCCSCERLEPRESNYVMLAD 396
At_GI-334188680.pro  PNCVCHVCKKFP-----GRKYKEHPFWKEKYCFFHEVDGTPKCCSCERLEPWGTYVMLAD 311

```

```

Si_GI-514815267.pro  GRRLCLECLHTAIMDTNECQPLYLDIQEFYEGNMKVEQVPLLLVERQALNEAMEAEKI 318
Bd_GI-357157184.pro  GRKLCLECLTSATMDSPECQHLMDIQEFYEGNMKVEQVPLLLVERQALNEALEAEKS 300
Br_DAlb.pro          GRKLCLECLDSSVMDTFQCQPLYLQIQEFYEGNMKVEQVPLLLVERQALNEAREGERN 332
Br_DAla.pro          GRKLCLECLDSAVMDTFQCQPLYLQIQEFYEGLMKVEQVPLLLVERQALNEAREGEKN 349
At_GI-15221983.pro   GRKLCLECLDSAVMDTMQCQPLYLQIQNFYEGNMKVEQVPLLLVERQALNEAREGEKN 349
Tc_GI-508722773.pro  GRKLCLECLDSAVMDTKQCQPLYLDILEFYEGNMKVEQVPLLLVERQALNEAREGEKN 294
Gm_GI-356564241.pro  GRKLCLECLDSSIMDTNECQPLHADIQRFYDSLNMKLDQIQIPLLVERQALNEAREGEKN 294
Gm_GI-356552145.pro  GRKLCLECLDSAIMDTNECQPLHADIQRFYESLNMKLDQIQIPLLVERQALNEAREGEKN 298
Vv_GI-302142429.pro  GRKLCLECLDSAIMDTNECQPLYLDIQEFYEGNMKVEQVPLLLVERQALNEAMEGEKS 296
Vv_GI-359492104.pro  GRKLCLECLDSAIMDTNECQPLYLDIQEFYEGNMKVEQVPLLLVERQALNEAMEGEKS 299
Sl_GI-460385048.pro  GRKLCLECLDSAIMDTSQCQPLYLDIQEFYEGNMKVEQVPLLLVERQALNEAMDGERH 302
Os_GI-218197709.pro  GRKLCLECLDSAVMDTSECQPLYLEIQEFYEGNMKVEQVPLLLVERQALNEAMEGEKT 693
Os_GI-115466772.pro  GRKLCLECLDSAVMDTSECQPLYLEIQEFYEGNMKVEQVPLLLVERQALNEAMEGEKT 301
Bd_GI-357160893.pro  GRKLCLECLDSAVMDTTECQPLYLEIQEFYEGNMKVEQVPLLLVERQALNEAMEGEKT 327
Bd_GI-357164660.pro  GRKLCLECLDSAVMDTTECQPLYLEIQEFYEGNMKVEQVPLLLVERQALNEAMEGEKT 309
Sb_GI-242092232.pro  GRKLCLECLDSAVMDTNECQPLYLEIQEFYEGNMKVEQVPLLLVERQALNEAMEGEKA 301
Zm_GI-212275448.pro  GRKLCLECLDSAVMDTNECQPLYLEIQEFYEGNMKVEQVPLLLVERQALNEAMEGEKA 324
At_GI-240256211.pro  GRKLCLECLDSAIMDTNECQPLYLEIREFYEGLMKVEQVPLLLVERQALNEAMEGEKH 367
At_GI-145360806.pro  GRSLCLECLMETAITDTGECQPLYHAIRDYEGMYMKLDQIQIPMLLVQREALNDAIVGEKN 339
At_GI-22326876.pro  FRWLCRECHDSAIMDSDECQPLHFEIREFFEGFLHMKIEEFPVYLVKQALNKAKEEKEKI 1415
At_GI-30698242.pro   FRWLCECHMGSAMVMTNEVQPLHFEIREFFEGFLKVDKEFALLVEKQALNKAEEEEKI 248
At_GI-30698240.pro   GRWLCECHG-KSAMDSDECQPLYFDMRDFESLNMKIEKEFPFLILVRKELLNK--KEEKI 514
At_GI-15240018.pro   GRWLCECHMNSAMVMSDECQPLHFDMDRDFEGLNMKIEKEFPFLILVEKQALNKAKEEKEKI 456
At_GI-334188680.pro  NRWLCKVKMECAVMDTYECQPLHFEIREFFGLNMKVEKEFPPLLLVEKALNKAQAQEKI 371

```

```

Si_GI-514815267.pro  G-HHLP---ETRGLCLSEEQIVRTILRRPII-GPGNRIIDMITGPKYLVRRCEVTAILIL 373
Bd_GI-357157184.pro  G-HHLP---ETRGLCLSEEQIVRTILRRPTI-GPGNRIIDMITGPKYLVRRCEVTAILIL 355
Br_DAlb.pro          GHYHMP---ETRGLCLSEEQIVRTVTRKRSK---GNWSGNMITEQPKLTRRCEVTAILIL 385
Br_DAla.pro          GHYHMP---ETRGLCLSEEQIVTSTVTRKRSKH-GTGNWAGNMITEPYKLTRQCEVTAILIL 405
At_GI-15221983.pro   GHYHMP---ETRGLCLSEEQIVTSTVTRKRSKH-GTGKWAGN-ITEPYKLTRQCEVTAILIL 404
Tc_GI-508722773.pro  GHYHMP---ETRGLCLSEEQIVTSTILRQPRF-GTGNRAMDMITEPCKLTRRCEVTAILIL 350
Gm_GI-356564241.pro  GHYHMP---ETRGLCLSEE--LSTFSRRPRL-G---TAMDRAQPYRPTTRCDVTAILIL 345
Gm_GI-356552145.pro  GHYHMP---ETRGLCLSEE--LSTFSRRPRL-G---TAMDRAQPYRPTTRCDVTAILIL 349
Vv_GI-302142429.pro  GHYHMP---ETRGLCLSEEQIVTSTILRRPKI-GTGNRVNMITEPCKLTRRCDVTAILIL 352
Vv_GI-359492104.pro  GHYHMP---ETRGLCLSEEQIVTSTILRRPKI-GTGNRVNMITEPCKLTRRCDVTAILIL 355
Sl_GI-460385048.pro  GHYHMP---ETRGLCLSEEQIVTSTIQRPRRI-GAGNRVMDMRTEPYKLTRRCEVTAILIL 358
Os_GI-218197709.pro  GHYHMP---ETRGLCLSEEQIVTSTILRRPRM-AGN-KVMEMITEPYLTRRCEVTAILIL 748
Os_GI-115466772.pro  GHYHMP---ETRGLCLSEEQIVTSTILRRPRM-AGN-KVMEMITEPYLTRRCEVTAILIL 356
Bd_GI-357160893.pro  GHYHMP---ETRGLCLSEEQIVTSTILRRPRM-TGN-KIMEMITEPYLTRRCEVTAILIL 382
Bd_GI-357164660.pro  GHYHMP---ETRGLCLSEEQIVTSTILRRPRM-AGN-KIMEMITEPYLTRRCEVTAILIL 364
Sb_GI-242092232.pro  GHYHMP---ETRGLCLSEEQIVTSTILRRPRM-AGN-KIMEMITEPYLTRRCEVTAILIL 356
Zm_GI-212275448.pro  GHYHMP---ETRGLCLSEEQIVTSTILR-PRM-AGN-KIMEMITEPYLTRRCEVTAILIL 378
At_GI-240256211.pro  GHYHMP---ETRGLCLSEEQIVTSTVLRPRRI-GAGYKLIDMITEPCRLIRCEVTAILIL 423
At_GI-145360806.pro  GHYHMP---ETRGLCLSEEQIVTSTVLRPRRL-G-AHRLVGMRTQPORLTRRCEVTAILIL 394
At_GI-22326876.pro   DKQGDQCLMVVRGICLSEEQIVTSVSQGVRR-MLNKQILDVTESQVRVRKCEVTAILIL 1474
At_GI-30698242.pro   DYHR---AAVTRGLCMSEEQIVPSIIKGRPMGPDNLITDIVTESQVRS-GFEVTGILII 304
At_GI-30698240.pro   DNHY---EVLIRAYCMSEQIMTYVSEEPRT-GQNKQLIDMDTEPQGVVECKVTAILIL 570
At_GI-15240018.pro   DYQY---EVTTRGICLSEEQIVDSVSQRPVR-GPNKLVGMATESQKVTRCEVTAILIL 512
At_GI-334188680.pro  DNQH---GVVTRGICLSEGIVNSVFKKPTM-GPNGELVSLGTEPQKVVGCEVTAILIL 427

```

```

Si_GI-514815267.pro  YGLPRLTGSILAHEMMHAYLRLK-----GYRTLSPVE 406
Bd_GI-357157184.pro  YGLPRLTGSILAHEMMHAYLRLK-----GYRSLSPQV 388
Br_DAlb.pro          FGLPRLTGSILAHEMMHAWMLRK-----GFRPLSQDV 418
Br_DAla.pro          FGLPRLTGSILAHEMMHAWMLRK-----GFRTLSDQV 438
At_GI-15221983.pro   FGLPRLTGSILAHEMMHAWMLRK-----GFRTLSDQV 437
Tc_GI-508722773.pro  YGLPRLTGSILAHEMMHAWMLRQ-----GFRTLSDQV 383
Gm_GI-356564241.pro  YGLPRLTGSILAHEMMHAWLRLK-----GYRTLSDQV 378
Gm_GI-356552145.pro  YGLPRLTGSILAHEMMHAWLRLK-----GYRTLSDQV 382
Vv_GI-302142429.pro  YGLPRLTGSILAHEMMHAWLRLN-----GYRTLAQDV 385
Vv_GI-359492104.pro  YGLPRLTGSILAHEMMHAWLRLN-----GYRTLAQDV 388
Sl_GI-460385048.pro  YGLPRLTGSILAHEMMHAWLRLR-----GYRTLSDQV 391
Os_GI-218197709.pro  YGLPRLTGSILAHEMMHAWLRLK-----GYRTLSPDV 781
Os_GI-115466772.pro  YGLPRLTGSILAHEMMHAWLRLK-----GYRTLSPDV 389
Bd_GI-357160893.pro  YGLPRLTGSILAHEMMHAWLRLK-----GYRTLSPDI 415
Bd_GI-357164660.pro  YGLPRLTGSILAHEMMHAWLRLK-----GYRTLSPDI 397

```



```

Sb_GI-242092232.pro YGLPRLLTGSILAHMMHAWRLK-----GYRTLSPDV 389
Zm_GI-212275448.pro YGLPRLLTGSILAHMMHAWRLK-----GYRTLSPDV 411
At_GI-240256211.pro YGLPRLLTGSILAHMMHAWRLN-----GYPNLRPEV 456
At_GI-145360806.pro YGLPRLLTGAILAHMLHGWRLN-----GFRNLNPEV 427
At_GI-22326876.pro YGLPRLLTGYILAHMMHAYLRLN-----GYRNLNMVL 1507
At_GI-30698242.pro YGLPRLLTGYILAHMMHAWRLN-----GYKNLKLLEL 337
At_GI-30698240.pro YGLPRLLTGYILAHMMHAWRLN-----GHMNLNNIL 603
At_GI-15240018.pro YGLPRLLTGYILAHMMHAYLRLN-----GHRNLNNIL 545
At_GI-334188680.pro YGLPRLLTGYILAHMMHAWRLNGTTSTQFVFANQYGESSQLKVLFGTLTGYRNLKLLEL 487
:***** * :*****:*.::*.*. * :

Si_GI-514815267.pro EEGICQVLAHLWLESEITSGSGSMATTSAAASS-----SSTS--SSSKKGA-KTEFEKRL 458
Bd_GI-357157184.pro EEGICQVLSHMLWLESEI IAGASGNTASTSVPSS-----SSAP--TSSKKGA-KTEFEKRL 440
Br_Dalb.pro EEGICQVMAHKWLEAEALAAGSRNSNAASSSSSS-----Y-----GGVKKGP-RSQYERKL 467
Br_Dala.pro EEGICQVMAHKWLEAEALAAGSRNSNVASSSSS-----RGVKKGP-RSQYERKL 485
At_GI-15221983.pro EEGICQVMAHKWLEAEALAAGSTNSNAASSSSSS-----QGLKKGP-RSQYERKL 485
Tc_GI-508722773.pro EEGICQVLAHMLWLTQLEYAS--SSNVASASSA-----S-----SRLQKGP-RPQFEGKL 431
Gm_GI-356552145.pro EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA-----S-----HTSRKGP-RPQFERKL 427
Gm_GI-356552145.pro EEGICQVLSHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA-----S-----HTSRKGP-RPQFERKL 431
Vv_GI-302142429.pro EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA-----S-----HTSRKGP-RPQFERKL 431
Vv_GI-359492104.pro EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA-----S-----HTSRKGP-RPQFERKL 431
Vv_GI-359492104.pro EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA-----S-----HTSRKGP-RPQFERKL 431
Sl_GI-460385048.pro EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA-----S-----HTSRKGP-RPQFERKL 431
Os_GI-218197709.pro EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA-----S-----HTSRKGP-RPQFERKL 431
Os_GI-115466772.pro EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA-----S-----HTSRKGP-RPQFERKL 431
Bd_GI-357160893.pro EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA-----S-----HTSRKGP-RPQFERKL 431
Bd_GI-357160893.pro EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA-----S-----HTSRKGP-RPQFERKL 431
Sb_GI-242092232.pro EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA-----S-----HTSRKGP-RPQFERKL 431
Zm_GI-212275448.pro EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA-----S-----HTSRKGP-RPQFERKL 431
At_GI-240256211.pro EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA-----S-----HTSRKGP-RPQFERKL 431
At_GI-145360806.pro EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA-----S-----HTSRKGP-RPQFERKL 431
At_GI-22326876.pro EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA-----S-----HTSRKGP-RPQFERKL 431
At_GI-30698242.pro EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA-----S-----HTSRKGP-RPQFERKL 431
At_GI-30698240.pro EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA-----S-----HTSRKGP-RPQFERKL 431
At_GI-15240018.pro EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA-----S-----HTSRKGP-RPQFERKL 431
At_GI-334188680.pro EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA-----S-----HTSRKGP-RPQFERKL 431

Si_GI-514815267.pro GEFKKHQIETDPSVAYGDGFRAGMRAVERYG--LRSTLDHIKLTGSFP----- 504 SEQ 4
Bd_GI-357157184.pro GAFIKNQIETDSSVEYGDGFRAGNRAVERYG--LRSTLDHMKITGSFPY----- 487 SEQ 5
Br_Dalb.pro GEFKKHQIESDASPVYGDGFRAGRLAVNKY--LWRTLEHIQMTGRFPV----- 514 SEQ 6
Br_Dala.pro GEFKKHQIESDASPVYGDGFRAGRLAVNKY--LPKTLLEHIQMTGRFPV----- 532 SEQ 7
At_GI-15221983.pro GEFKKHQIESDASPVYGDGFRAGRLAVNKY--LRKTLLEHIQMTGRFPV----- 532 SEQ 8
Tc_GI-508722773.pro GEFKKHQIESDTSVPYGDGFRAGHQAVLYKY--LRRTLEHIRMTGRFPY----- 478 SEQ 9
Gm_GI-356552145.pro GEFKKHQIESDTSVPYGDGFRAGHQAVLYKY--LQRTLHHIRMTGTFFPY----- 474 SEQ 10
Gm_GI-356552145.pro GEFKKHQIESDTSVPYGDGFRAGHQAVLYKY--LQRTLHHIRMTGTFFPY----- 478 SEQ 11
Vv_GI-302142429.pro GQFFKHQIESDTSVYAGGFRAGHQAVLYKY--LPATLKHIHLTGNFPY----- 462 SEQ 12
Vv_GI-359492104.pro GQFFKHQIESDTSVYAGGFRAGHQAVLYKY--LPATLKHIHLTGNFPY----- 482 SEQ 13
Sl_GI-460385048.pro GDFFKHQIESDTSPIYNGFRAGNQAVLYKY--LERTLDHIRMTGTFFPY----- 486 SEQ 14
Os_GI-218197709.pro GDFFKHQIESDTSMAIYGDGFRAGNRAVLQY--LKRTLEHIRLTGTFFP----- 878 SEQ 15
Os_GI-115466772.pro GDFFKHQIESDTSMAIYGDGFRAGNRAVLQY--LKRTLEHIRLTGTFFP----- 486 SEQ 16
Bd_GI-357160893.pro GDFFKHQIESDTSVAYGNGFRSGNQAVLYQY--LKRTLEHIWLTGTWPF----- 512 SEQ 17
Bd_GI-357160893.pro GDFFKHQIESDTSVAYGNGFRSGNQAVLYQY--LKRTLEHIWLTGTWPF----- 486 SEQ 18
Sb_GI-242092232.pro GDFFKHQIESDTSVAYGNGFRSGNQAVLYQY--LKRTLEHIWLTGTWPF----- 486 SEQ 19
Zm_GI-212275448.pro GDFFKHQIETDTSMAIYGDGFRSGNQAVLYQY--LKRTLEHIWLTGTWPF----- 508 SEQ 20
At_GI-240256211.pro GEFKKHQIESDSSAYGDGFRQGNQAVLKHG--LRRTLDHIRLTGTFF----- 553 SEQ 21
At_GI-145360806.pro GEFKKHQIAHDASPAYGGGFRANAAACKY--LRRTLDHIRLTGTFF----- 528 SEQ 22
At_GI-22326876.pro VNFCKHQIETDESPFFGDGFRKVNMMASNNHSLKDTLKEIISIKTPQYSKL 1613 SEQ 23
At_GI-30698242.pro VEFCKNQIKEDDSPVYGLGFRQVYEMMVSNYNIKDTLKDIVSASNATPDSTV 450 SEQ 24
At_GI-30698240.pro VEFCKNQIETDESPVYGLGFRQVYEMMVSNYNIKDTLKDIVSASNATPDSTV 450 SEQ 24
At_GI-15240018.pro VEFCKNQIETDESPVYGLGFRQVYEMMVSNYNIKDTLKDIVSASNATPDSTV 450 SEQ 24
At_GI-334188680.pro VEFCKDQIETDDSPVYGLGFRQVYEMMVSNYNIKDTLKDIVSASNATPDSTV 450 SEQ 24

```

Таблиця 1. Вирівнювання білків DA1 (SEQ ID NO: 4-27)

| | | |
|---------------------|--|-----|
| Pt_GI-224059640.pro | -----MEVHYMNTDFPYTTTTFESFMDFFEGFLTHAPV | 30 |
| Rc_GI-255582236.pro | -----MEVHYINTGFPYTVTESFLDFFEGFLSHVPV | 30 |
| Pp_GI-462414664.pro | -----MNGN--GQMDVHYIDTDFPYTPTESFMDFFGGVTHVPV | 36 |
| Tc_GI-508704801.pro | -----MNGN--RQMEVHYIDTGFPPYATSFMDFFEGFLTHVPV | 36 |
| Vv_GI-359487286.pro | -----MNGN--RQMEVHYINTGFPYTTITSFMDFFEGFLGHVPV | 36 |
| Gm_GI-356548935.pro | -----MNDG--RQMGVHYVDAGFPYAVNDNFVDFPQGFTHVPV | 36 |
| Gm_GI-356544176.pro | -----MNDG--RQMGVNVVDAGFPYAVNENFVDFPQGFTHVPV | 36 |
| At_EOD1.pro | -----MNGDNRPVEDAHYTETGFPYATGSYMDYFGGAAQGPL | 38 |
| Cr_GI-482561003.pro | -----MNGD--RPVEDAHYTEAEFPYAASGSYIDFYGGAPOGPL | 37 |
| Sb_GI-242042045.pro | -----MNSC--RQMEHLHYINTGFPYTTITSFMDFFEGFLTYAHA | 36 |
| Zm_GI-223973923.pro | -----MNSS--RQMEHLHYINTGFPYTTITSFMDFFEGFLTYAHA | 36 |
| Zm_GI-226496789.pro | -----MTSS--RQMEHLHYINTGFPYTTITSFMDFFEGFLTYAHA | 36 |
| Os_GI-222624282.pro | MTESHERDTEVTRWQVHDPSEGMNGS--RQMEHLHYINTGFPYTTITSFMDFFEGFLTYAHA | 58 |
| Os_GI-115451045.pro | -----MNGS--RQMEHLHYINTGFPYTTITSFMDFFEGFLTYAHA | 36 |
| Bd_GI-357113826.pro | -----MNGS--RQMEHLHYINTGFPYTTITSFMDFFEGFLTYAHA | 36 |
| Sl_GI-460410949.pro | -----MNWN--QQTEIYYTNGAMPYNSIGSFMDFFGGVTYDHY | 36 |
| | * : : ** . : : * * | |
| Pt_GI-224059640.pro | NYAHNGPMHD---QDNAYWSMN-MNAYKFGFSGLSTSYSP---YEVNDNLPRMDVSRM | 83 |
| Rc_GI-255582236.pro | HYAHTGQVLQD-QVENAYWSMN-MNAYKFGFSGPGST-YYDP---YEVNDNLPRMDVSRM | 84 |
| Pp_GI-462414664.pro | NYGHAMPMD---QETAYWSMN-MHSYKFGFSGPGSNGSYGNY---YEVNDNLPRMDVSRM | 90 |
| Tc_GI-508704801.pro | NYTHTVPMQD---QENIYWSMS-MNAYKFGFSGPEST-FYSP---YEVSDNLPRMDVSRM | 88 |
| Vv_GI-359487286.pro | NYAQAEAMHNQSIQENFYWTMN-MNSYKFGFSGPGST-YYGP---YDVNEHVPGLIEVSRR | 91 |
| Gm_GI-356548935.pro | NYAFAGSIPD---QESVYWSMN-MNPYKFGFSGPGSTSYSS---YEVNGHLPRMEIDRA | 89 |
| Gm_GI-356544176.pro | NYAFAGSIPD---QESVYWSMN-MNPYKFGFSGPGSTSYSS---YEVNGHLPRMEIDRA | 89 |
| At_EOD1.pro | NYDHAATMHP---QDNLYWTMN-TNAYKFGFSGSDNASFYGS---YDMNDHLPRMSIGRT | 91 |
| Cr_GI-482561003.pro | NYAHAGTM-----DNLYWTMN-TNAYKFGFSGSDNPSFYNS---YDMTDHLSRMSIGRT | 87 |
| Sb_GI-242042045.pro | DFALMDGFDQ---QGNPYWAMMHTNSYKYGYSGPG---NYTYAHVYDIDDMHRADGGR | 91 |
| Zm_GI-223973923.pro | DFALTDGFDQ---QGNPYWAMMHTNSYKYGYSGPG---NYYSYAHVYDIDDMHRADGGR | 91 |
| Zm_GI-226496789.pro | DFALMDGFDQ---QGNPYWTMMHTNSYKYGYSGSG---NYYSYAHAYDIDDMHRADGGR | 91 |
| Os_GI-222624282.pro | DFAIADAFHD---QANPYWAMMHTNSYKYGYSGAG---NYYSYGHVYDMNDYMRADGGR | 113 |
| Os_GI-115451045.pro | DFAIADAFHD---QANPYWAMMHTNSYKYGYSGAG---NYYSYGHVYDMNDYMRADGGR | 91 |
| Bd_GI-357113826.pro | DFALADAFQD---QANPYWTMMQTNYSKYGYSGAS---NYYSYGHVYDMNDYMRADGGR | 91 |
| Sl_GI-460410949.pro | NYIFADPPYA---QES-LYPSISTNPYKFGYSEAGSFYSDYDREYVYDNDVHSGIEHHR | 92 |
| | : . : . : * : * : * : * | |
| Pt_GI-224059640.pro | AWEYPSVV-----IKALWQDDVDPDPT | 104 |
| Rc_GI-255582236.pro | TWEYPSVVN-MEEATTTDTQSEGDVAVGVHASPEECIPN-HT-SGDSPOQVWQDDVDPDN | 141 |
| Pp_GI-462414664.pro | TWEHPSVMN-SEEPANIDSHPEED-AVAEAAPEECIQN-QQ-NTNTSQVWQEDIDPDN | 146 |
| Tc_GI-508704801.pro | TWDYPTSLN-SEEPATIDMQPGGEAVGIIHAPEECITN-HQ-SNSNSQVWQEDIDPDN | 145 |
| Vv_GI-359487286.pro | PWEYPSMI-VEEPTTIEQTPTNEVMNVHAIEPECSN-HY-SATSSQAIWQDNVDPN | 148 |
| Gm_GI-356548935.pro | EWEYPTSTITTVEEPATTDSPRRDGVMTSMQTIPEECSPN-HHESNSSSQVWQDNIDPD | 148 |
| Gm_GI-356544176.pro | EWEYPTSTITTVEEPATTDSPRRDGVMTSMQTIPEECSPN-HHESNSSSQVWQDNIDPD | 148 |
| At_EOD1.pro | NWDYHPMVNVADDPENTVARSVQIGDTEHSEAEECIAN-EH-DPDSQVSWQDDIDPD | 149 |
| Cr_GI-482561003.pro | NWEYHPMVNVDD-PDITLARSVQIGDSEAEADCIAN-EH-DPDSQVSWQDDIDPD | 144 |
| Sb_GI-242042045.pro | VWDNTTPANNVDSANVVLQGS-EAPRTTANTTTEECIQQ-VHQSPGSPHVWQDNIDPD | 149 |
| Zm_GI-223973923.pro | IWDNTTPVNVNDSANVVLQGG-EAPHTTTNTINKECIQQ-VHQSPGSPQVWQDNIDPD | 149 |
| Zm_GI-226496789.pro | TWDNTTPVNVNDSANVVLQGG-EAPRTTANTTSEDICIQQ-VHQSPGSPQVWQDNIDPD | 149 |
| Os_GI-222624282.pro | IWDNATPVNNTESPNVVLQGG-ETPHANTSSSTTEECIQQVHQNSSSPQVWQDNIDPD | 172 |
| Os_GI-115451045.pro | IWDNATPVNNTESPNVVLQGG-ETPHANTSSSTTEECIQQVHQNSSSPQVWQDNIDPD | 150 |
| Bd_GI-357113826.pro | IWDNPTPASNTDSPNVVLQGAEEAPHPRASSTTEECIQQVHQNSSSPQVWQDNVDPN | 151 |
| Sl_GI-460410949.pro | HLNPSTTTVNVAANVHRE---EISGSNSLTNSVECPRG--QINTRDSEVVWQDNIDPD | 147 |
| | : . : . : * : * : * : * | |
| Pt_GI-224059640.pro | MTYEELVDLGETVGTQSKGLSPELISLPTSKCKFGSFFSRKRSK-ERVCICOMKYKRGD | 163 |
| Rc_GI-255582236.pro | MTYEELLDLGETVGTQSRGLSDELISLPTSKCKFRSFFLRKKAG-ERVCICOMKYKRGD | 200 |
| Pp_GI-462414664.pro | MTYEELLDLGEAVGTQSRGLSDELISLPTSKYKCGSFFSRKKSG-ERVCICOMKYKRGD | 205 |
| Tc_GI-508704801.pro | MTYEELLDLGETIGSQSRGLSQELIDLLPTSKCKFGSFFSTKR---ERVCICOMKYKRGE | 202 |
| Vv_GI-359487286.pro | MTYEELLDLGEAVGTQSRGLSQEHINLLPTCRYKSGRLFSRKRSA-ERVCICOMKYKRGD | 207 |
| Gm_GI-356548935.pro | MTYEELLDLGEAVGTQSRGLSQELIDMLPTSXYKFGSLFKRKNKG-KRVCICOMTYRRGD | 207 |
| Gm_GI-356544176.pro | MTYEELLDLGEAVGTQSRGLSQELIDMLPTSXYKFGSLFKRKNKG-KRVCICOMTYRRGD | 207 |
| At_EOD1.pro | MTYEELVELGEAVGTESRGLSQELIETLPTKKYKFGSIFSRKRAG-ERVCICOLKYKIGE | 208 |
| Cr_GI-482561003.pro | MTYEELVELGEAVGTESRGLSQELIETLPTKRKFSGSIFSRKRAG-ERVCICOLKYKIGE | 203 |
| Sb_GI-242042045.pro | MTYEELLDLGEVVGVTQSRGLSQERISSLPVTKYKCG-FFSRKKTRRERVCICOMEYRRGN | 208 |
| Zm_GI-223973923.pro | MTYEELLDLGEAVGTQSRGLSQERISSLPVTKYKCG-FFSRKKTRRERVCICOMEYRRGN | 208 |
| Zm_GI-226496789.pro | MTYEELLDLGEAVGTQSRGLSQECISLPLTKYKCG-FFSRKKTRRERVCICOMEYRRGN | 208 |
| Os_GI-222624282.pro | MTYEELLDLGEAVGTQSRGLSQERISSLPVTKYKCG-FFSRKKTRRERVCICOMEYRRGN</ | |

| | | |
|---------------------|---|-----|
| Pt_GI-224059640.pro | KQIKLLCKHAYHSECITKWLGINVKCPVCNDEVFGEEESRN----- | 203 |
| Rc_GI-255582236.pro | KQMKLPCKHVVHSECISKWLGINKVCPVCNNEVFGEDSRH----- | 240 |
| Pp_GI-462414664.pro | RQINLPCKHVVHSECISKWLGINKVCPVCNLEVSGEESRH----- | 245 |
| Tc_GI-508704801.pro | QQMKLPCKHVVHSQCITKWLKINKICPVCNNEVFGEEESRH----- | 242 |
| Vv_GI-359487286.pro | RQIKLPCKHVVHTDCGTKWLTINKVCPVCNIEVFGEEESRH----- | 247 |
| Gm_GI-356548935.pro | QQMKLPCKSHVYHGECITKWLKINKKCPVCNTEVFGEEESTH----- | 247 |
| Gm_GI-356544176.pro | QQMKLPCKSHVYHGECITKWLKINKKCPVCNTEVFGEEESTH----- | 247 |
| At_EOD1.pro | RQMNLPCKHVVHSECISKWLSINKVCPVCNNEVFGEDPSIH----- | 248 |
| Cr_GI-482561003.pro | RQMNLPCKHVVHSECISKWLSINKVCPVCNTEVFGEDPSIH----- | 243 |
| Sb_GI-242042045.pro | LQMTLPCKHVVHASCVTRWLSINKVCPVCFAEVPGEDPKRQ---- | 249 |
| Zm_GI-223973923.pro | LQMTLPCKHVVHASCVTRWLGINKVCPVCFAEVPGEDPEAMSQQL | 253 |
| Zm_GI-226496789.pro | LQITLPCKHVVHASCVTRWLSINKVCPVCFAEVPGEDSLRQ---- | 249 |
| Os_GI-222624282.pro | LQMTLPCKHVVHASCVTRWLSINKVCPVCFAEVPGEDPKRQ---- | 272 |
| Os_GI-115451045.pro | LQMTLPCKHVVHASCVTRWLSINKVCPVCFAEVPGEDPKRQ---- | 250 |
| Bd_GI-357113826.pro | LQMALPCKHVVHASCVTRWLSINKVCPVCFAEVPSEEPSRQ---- | 251 |
| Sl_GI-460410949.pro | QOVTLPCKHVVHAGCGSRWLSINKACPICYTEVVINTSKR----- | 246 |
| | *: * *.*,** * ::** ** ***: * ** : | |

Таблиця 2 (SEQ ID NO 38-53)

5

ПЕРЕЛІК ПОСЛІДОВНОСТЕЙ

<110> Plant Bioscience Limited

10

<120> Способи моделювання розміру насіння та органів у рослин

<130> NRS/LP7065238

<150> GB 1319876.7

15

<151> 2013-11-11

<160> 54

<170> PatentIn version 3.3

20

<210> 1

<211> 66

<212> PRT

<213> Штучна послідовність

25

<220>

<223> Синтетична послідовність: LIM-домен

<220>

30

<221> ВАРИАНТ

<222> (2)..(3)

<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

<220>

35

<221> ВАРИАНТ

<222> (5)..(27)

<223> Хаа у положеннях 5 - 27 являє собою будь-яку амінокислоту, та до семи із них можуть бути відсутні; являє собою діапазон 16 - 23 амінокислот.

40

<220>

<221> ВАРИАНТ

<222> (28)..(28)

<223> Хаа являє собою His або Cys

5 <220>
<221> ВАРИАНТ
<222> (29)..(32)
<223> Хаа у положеннях 29 - 32 являє собою будь-яку амінокислоту, або будь-які дві із них можуть бути відсутні; являє собою ланцюжок із 2 або 4 амінокислот.

10 <220>
<221> ВАРИАНТ
<222> (33)..(33)
<223> Хаа являє собою Cys, His або Glu

15 <220>
<221> ВАРИАНТ
<222> (34)..(35)
<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

20 <220>
<221> ВАРИАНТ
<222> (37)..(38)
<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

25 <220>
<221> ВАРИАНТ
<222> (40)..(60)
<223> Хаа у положеннях 40 - 60 являє собою будь-яку амінокислоту, та до семи із них можуть бути відсутні; являє собою діапазон 14 - 21 амінокислот.

30 <220>
<221> ВАРИАНТ
<222> (61)..(61)
<223> Хаа являє собою Cys або His

35 <220>
<221> ВАРИАНТ
<222> (62)..(64)
<223> Хаа у положеннях 62 - 64 являє собою будь-яку амінокислоту, та будь-яка одна або дві з них можуть бути відсутні; являє собою ланцюжок із 2 або 1, або 3 амінокислот.

40 <220>
<221> ВАРИАНТ
<222> (65)..(65)
<223> Хаа являє собою Cys, His, Asp або Glu

45 <220>
<221> ВАРИАНТ
<222> (66)..(66)
<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

50 <400> 1
Cys Хаа Хаа Cys Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа
1 5 10 15

55 Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа
20 25 30

60 Хаа Хаа Хаа Cys Хаа Хаа Cys Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа
35 40 45

| | |
|----|--|
| | Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa |
| 5 | 50 55 60 |
| | Xaa Xaa |
| 10 | 65 |
| | <210> 2 |
| | <211> 63 |
| | <212> PRT |
| 15 | <213> Штучна послідовність |
| | <220> |
| | <223> Синтетична послідовність: LIM-домен |
| | <220> |
| 20 | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (2)..(3) |
| | <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту |
| | <220> |
| 25 | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (5)..(27) |
| | <223> Хаа у положеннях 5 - 27 являє собою будь-яку амінокислоту, та до семи з них можуть бути відсутніми; являє собою діапазон 16 - 23 амінокислот. |
| | <220> |
| 30 | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (29)..(30) |
| | <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту |
| | <220> |
| 35 | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (32)..(33) |
| | <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту |
| | <220> |
| 40 | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (35)..(36) |
| | <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту |
| | <220> |
| 45 | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (38)..(58) |
| | <223> Хаа у положеннях 38 - 58 являє собою будь-яку амінокислоту, та до семи з них можуть бути відсутніми; являє собою діапазон 14 - 21 амінокислот. |
| 50 | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (60)..(61) |
| | <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту |
| 55 | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (63)..(63) |
| | <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту |
| 60 | |

<400> 2

Cys Xaa Xaa Cys Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
1 5 10 15

5

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa His Xaa Xaa Cys Xaa
20 25 30

10

Xaa Cys Xaa Xaa Cys Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
35 40 45

15

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa His Xaa Xaa Cys Xaa
50 55 60

<210> 3

20

<211> 53

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 3

25

Cys Ala Gly Cys Asn Met Glu Ile Gly His Gly Arg Phe Leu Asn Cys
1 5 10 15

30

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

35

His Lys Ala Cys Tyr
50

40

<210> 4

<211> 504

<212> PRT

45

<213> Setaria italica

<400> 4

Met Gly Trp Leu Ser Lys Ile Phe Lys Gly Ser Val Asn Arg Val Ser
1 5 10 15

50

Arg Gly His Tyr Asn Gly Asn Ser His Glu Gly Tyr Ser Thr Gln His
20 25 30

55

Thr Lys Ser Tyr Gly Ala His Gly Asn Glu Asp Glu Asp Met Asp His
35 40 45

60

| | |
|----|---|
| | Ala Ile Ala Leu Ser Leu Ser Glu Gln Asp Gln Arg Lys Gly Lys Ala |
| | 50 55 60 |
| 5 | Ile Asp Thr Glu His His Leu Asp Glu Asp Glu Gln Leu Ala Arg Ala |
| | 65 70 75 80 |
| 10 | Leu Gln Glu Asn Thr Ser Pro Thr Leu Asp Glu Asp Glu Gln Leu Ala |
| | 85 90 95 |
| 15 | Arg Ala Leu Gln Glu Ser Met Asn Asp Glu His Pro Pro Arg Gln His |
| | 100 105 110 |
| 20 | Ile Pro Ile Glu Asp Val His Ser Glu Ser Ala Pro Ala Ser Ser Leu |
| | 115 120 125 |
| 25 | Pro Pro Tyr Val Phe Pro Thr Asn Gly Ser Arg Val Cys Ala Gly Cys |
| | 130 135 140 |
| 30 | Lys Thr Pro Ile Gly Gln Gly Arg Phe Leu Ser Cys Met Asp Ser Val |
| | 145 150 155 160 |
| 35 | Trp His Pro Gln Cys Phe Arg Cys Tyr Gly Cys Asp Ile Pro Ile Ser |
| | 165 170 175 |
| 40 | Glu Tyr Glu Phe Ala Val His Glu Asp His Ala Tyr His Arg Ser Cys |
| | 180 185 190 |
| 45 | Tyr Lys Glu Arg Phe His Pro Lys Cys Asp Val Cys Asn Ser Phe Ile |
| | 195 200 205 |
| 50 | Pro Thr Asn Lys Asn Gly Leu Ile Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp |
| | 210 215 220 |
| 55 | Met Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu Asn Asp Gly Thr Pro Arg Cys |
| | 225 230 235 240 |
| 60 | Cys Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro Lys His Ser Gln Tyr Ile Thr Leu |
| | 245 250 255 |
| 65 | Asp Asp Gly Arg Arg Leu Cys Leu Glu Cys Leu His Thr Ala Ile Met |
| | 260 265 270 |
| 70 | 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 |
| 5 | Glu Arg Gln Ala Leu Asn Glu Ala Met Glu Ala Glu Lys Ile Gly His |
| | 305 310 315 320 |
| 10 | His Leu Pro Glu Thr Arg Gly Leu Cys Leu Ser Glu Glu Gln Ile Val |
| | 325 330 335 |
| 15 | Arg Thr Ile Leu Arg Arg Pro Ile Ile Gly Pro Gly Asn Arg Ile Ile |
| | 340 345 350 |
| 20 | Asp Met Ile Thr Gly Pro Tyr Lys Leu Val Arg Arg Cys Glu Val Thr |
| | 355 360 365 |
| 25 | Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Ser Ile |
| | 370 375 380 |
| 30 | Leu Ala His Glu Met Met His Ala Tyr Leu Arg Leu Lys Gly Tyr Arg |
| | 385 390 395 400 |
| 35 | Thr Leu Ser Pro Glu Val Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Leu Ala His |
| | 405 410 415 |
| 40 | Leu Trp Leu Glu Ser Glu Ile Thr Ser Gly Ser Gly Ser Met Ala Thr |
| | 420 425 430 |
| 45 | Thr Ser Ala Ala Ser Ser Ser Ser Ser Thr Ser Ser Ser Ser Lys Lys |
| | 435 440 445 |
| 50 | Gly Ala Lys Thr Glu Phe Glu Lys Arg Leu Gly Glu Phe Phe Lys His |
| | 450 455 460 |
| 55 | Gln Ile Glu Thr Asp Pro Ser Val Ala Tyr Gly Asp Gly Phe Arg Ala |
| | 465 470 475 480 |
| 60 | 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> 5 |
| | <211> 487 |
| | <212> PRT |
| | <213> Brachypodium distachyon |

<400> 5

| | |
|----|--|
| 5 | Met Gly Trp Leu Asn Lys Ile Phe Lys Gly Ser Val Asn Arg Val Ser |
| | 1 5 10 15 |
| 10 | Arg Gly Asn Tyr Asp Gly Asn Trp His Asp Gly Asn Ser Ser Glu Asn |
| | 20 25 30 |
| 15 | Ile Arg Gly Ala Tyr Asp Glu Ser Asp Asn Glu Asp Ile Asp Arg Ala |
| | 35 40 45 |
| 20 | Ile Ala Leu Ser Leu Ala Glu Glu Asp Pro Asn Lys Gly Lys Ala Ile |
| | 50 55 60 |
| 25 | Ile Asp Pro Asp Tyr Ser Leu Glu Glu Asp Glu Gln Leu Ala Arg Ala |
| | 65 70 75 80 |
| 30 | Leu His Glu Ser Leu Asn Thr Gly Ser Pro Pro His Gln Asn Val Pro |
| | 85 90 95 |
| 35 | Val Val Asp Val Pro Ser Glu Arg Val Pro Thr Arg Glu Pro Pro Pro |
| | 100 105 110 |
| 40 | Pro Val Phe Leu Ser Ser Gly Phe Arg Ala Cys Ala Gly Cys Asn Asn |
| | 115 120 125 |
| 45 | Pro Ile Gly Asn Gly Arg Phe Leu Ser Cys Met Asp Ser Val Trp His |
| | 130 135 140 |
| 50 | Pro Gln Cys Phe Arg Cys Phe Ala Cys Asn Lys Pro Ile Ser Glu Tyr |
| | 145 150 155 160 |
| 55 | Glu Phe Ala Met His Glu Asn Gln Pro Tyr His Lys Ser Cys Tyr Lys |
| | 165 170 175 |
| 60 | 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 |
| 5 | Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Thr Ser Ala Thr Met Asp Ser | | | |
| | 245 | 250 | 255 | |
| 10 | Pro Glu Cys Gln His Leu Tyr Met Asp Ile Gln Glu Phe Phe Glu Gly | | | |
| | 260 | 265 | 270 | |
| 15 | Leu Asn Met Lys Val Glu Gln Gln Val Pro Leu Leu Leu Val Glu Arg | | | |
| | 275 | 280 | 285 | |
| 20 | Gln Ala Leu Asn Glu Ala Leu Glu Ala Glu Lys Ser Gly His His Leu | | | |
| | 290 | 295 | 300 | |
| 25 | Pro Glu Thr Arg Gly Leu Cys Leu Ser Glu Glu Gln Ile Val Arg Thr | | | |
| | 305 | 310 | 315 | 320 |
| 30 | Ile Leu Arg Arg Pro Thr Ile Gly Pro Gly Asn Arg Ile Ile Asp Met | | | |
| | 325 | 330 | 335 | |
| 35 | Ile Thr Gly Pro Tyr Lys Leu Val Arg Arg Cys Glu Val Thr Ala Ile | | | |
| | 340 | 345 | 350 | |
| 40 | Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Pro Arg Leu Gln Thr Gly Ser Ile Leu Ala | | | |
| | 355 | 360 | 365 | |
| 45 | His Glu Met Met His Ala Tyr Leu Arg Leu Lys Gly Tyr Arg Ser Leu | | | |
| | 370 | 375 | 380 | |
| 50 | Ser Pro Gln Val Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Leu Ser His Met Trp | | | |
| | 385 | 390 | 395 | 400 |
| 55 | Leu Glu Ser Glu Ile Ile Ala Gly Ala Ser Gly Asn Thr Ala Ser Thr | | | |
| | 405 | 410 | 415 | |
| 60 | 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 |
| 5 | Ile Thr Gly Ser Phe Pro Tyr | | | |
| | 485 | | | |
| 10 | <210> 6 | | | |
| | <211> 514 | | | |
| | <212> PRT | | | |
| | <213> Brassica rapa | | | |
| | <400> 6 | | | |
| 15 | Met Gly Trp Leu Asn Lys Ile Phe Lys Gly Ser Asn Gln Arg His Pro | | | |
| | 1 5 10 15 | | | |
| 20 | Leu Gly Asn Glu His Tyr His His Asn Gly Gly Tyr Tyr Glu Asn Tyr | | | |
| | 20 25 30 | | | |
| 25 | Pro His Glu His Ser Glu Pro Ser Ala Glu Thr Asp Ala Asp His Thr | | | |
| | 35 40 45 | | | |
| 30 | Gln Glu Pro Ser Thr Ser Glu Glu Glu Thr Trp Asn Gly Lys Glu Asn | | | |
| | 50 55 60 | | | |
| 35 | Glu Glu Val Asp Arg Val Ile Ala Leu Ser Ile Leu Glu Glu Glu Asn | | | |
| | 65 70 75 80 | | | |
| 40 | Gln Arg Pro Glu Thr Asn Thr Gly Ala Trp Lys His Ala Met Met Asp | | | |
| | 85 90 95 | | | |
| 45 | Asp Asp Glu Gln Leu Ala Arg Ala Ile Gln Glu Ser Met Ile Ala Arg | | | |
| | 100 105 110 | | | |
| 50 | Asn Gly Thr Thr Tyr Asp Phe Gly Asn Ala Tyr Gly Asn Gly His Met | | | |
| | 115 120 125 | | | |
| 55 | His Gly Gly Gly Asn Val Tyr Asp Asn Gly Asp Ile Tyr Tyr Pro Arg | | | |
| | 130 135 140 | | | |
| 60 | Pro Ile Ala Phe Ser Met Asp Phe Arg Ile Cys Ala Gly Cys Asn Met | | | |
| | 145 150 155 160 | | | |
| 65 | Glu Ile Gly His Gly Arg Tyr Leu Asn Cys Leu Asn Ala Leu Trp His | | | |
| | 165 170 175 | | | |
| 70 | Pro Gln Cys Phe Arg Cys Tyr Gly Cys Ser His Pro Ile Ser Glu Tyr | | | |
| | 180 185 190 | | | |

5 Glu Phe Ser Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Phe His Lys Ala Cys Tyr Arg
 195 200 205

 10 Glu Arg Phe His Pro Lys Cys Asp Val Cys Ser Leu Phe Ile Ser Thr
 210 215 220

 15 Asn His Ala Gly Leu Ile Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Val Gln
 225 230 235 240

 20 Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu His Asp Ala Thr Pro Arg Cys Cys Ser
 245 250 255

 25 Cys Glu Arg Met Glu Pro Arg Asn Thr Gly Tyr Phe Glu Leu Asn Asp
 260 265 270

 30 Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ser Val Met Asp Thr
 275 280 285

 35 Phe Gln Cys Gln Pro Leu Tyr Leu Gln Ile Gln Glu Phe Tyr Glu Gly
 290 295 300

 40 Leu Asn Met Thr Val Glu Gln Glu Val Pro Leu Leu Leu Val Glu Arg
 305 310 315 320

 45 Gln Ala Leu Asn Glu Ala Arg Glu Gly Glu Arg Asn Gly His Tyr His
 325 330 335

 50 Met Pro Glu Thr Arg Gly Leu Cys Leu Ser Glu Glu Gln Thr Val Arg
 340 345 350

 55 Thr Val Arg Lys Arg Ser Lys Gly Asn Trp Ser Gly Asn Met Ile Thr
 355 360 365

 60 Glu Gln Phe Lys Leu Thr Arg Arg Cys Glu Val Thr Ala Ile Leu Ile
 370 375 380

 65 Leu Phe Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Ser Ile Leu Ala His Glu
 385 390 395 400

 70 Met Met His Ala Trp Met Arg Leu Lys Gly Phe Arg Pro Leu Ser Gln
 405 410 415

 75 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

5

Ser Ser Ser Tyr Gly Gly Val Lys Lys Gly Pro Arg Ser Gln Tyr Glu
450 455 460

10

Arg Lys Leu Gly Glu Phe Phe Lys His Gln Ile Glu Ser Asp Ala Ser
465 470 475 480

15

Pro Val Tyr Gly Asp Gly Phe Arg Ala Gly Arg Leu Ala Val Asn Lys
485 490 495

20

Tyr Gly Leu Trp Arg Thr Leu Glu His Ile Gln Met Thr Gly Arg Phe
500 505 510

Pro Val

25

<210> 7
<211> 532
<212> PRT
30 <213> Brassica rapa
<400> 7

35

Met Gly Trp Phe Asn Lys Ile Phe Lys Gly Ser Thr Gln Arg Phe Arg
1 5 10 15

40

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
35 40 45

45

Glu Thr His Thr Gln Glu Pro Ser Thr Ser Glu Glu Asp Thr Ser Gly
50 55 60

50

Gln Glu Asn Glu Asp Ile Asp Arg Ala Ile Ala Leu Ser Leu Ile Glu
65 70 75 80

55

Asn Ser Gln Gly Gln Thr Asn Asn Thr Cys Ala Ala Asn Ala Gly Lys
85 90 95

60

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 |
| 5 | Asp Ile Gly Asn Ala Tyr Gly Ala Gly Asp Val Tyr Gly Asn Gly His |
| | 130 135 140 |
| 10 | Met His Gly Gly Gly Asn Val Tyr Ala Asn Gly Asp Ile Tyr Tyr Pro |
| | 145 150 155 160 |
| 15 | Arg Pro Thr Ala Phe Pro Met Asp Phe Arg Ile Cys Ala Gly Cys Asn |
| | 165 170 175 |
| 20 | Met Glu Ile Gly His Gly Arg Tyr Leu Asn Cys Leu Asn Ala Leu Trp |
| | 180 185 190 |
| 25 | His Pro Glu Cys Phe Arg Cys Tyr Gly Cys Arg His Pro Ile Ser Glu |
| | 195 200 205 |
| 30 | Tyr Glu Phe Ser Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Phe His Lys Ala Cys Tyr |
| | 210 215 220 |
| 35 | Arg Glu Arg Tyr His Pro Lys Cys Asp Val Cys Ser Leu Phe Ile Pro |
| | 225 230 235 240 |
| 40 | Thr Asn His Ala Gly Leu Ile Gly Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Val |
| | 245 250 255 |
| 45 | Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu His Asp Ala Thr Pro Arg Cys Cys |
| | 260 265 270 |
| 50 | Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro Arg Asn Thr Gly Tyr Val Glu Leu Asn |
| | 275 280 285 |
| 55 | Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ala Val Met Asp |
| | 290 295 300 |
| 60 | 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
 5
 Ser Thr Val Arg Lys Arg Ser Lys His Gly Thr Gly Asn Trp Ala Gly
 370 375 380
 10
 Asn Met Ile Thr Glu Pro Tyr Lys Leu Thr Arg Gln Cys Glu Val Thr
 385 390 395 400
 15
 Ala Ile Leu Ile Leu Phe Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Ser Ile
 405 410 415
 20
 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
 25
 Lys Trp Leu Glu Ala Glu Leu Ala Ala Gly Ser Arg Asn Ser Asn Val
 450 455 460
 30
 Ala Ser Ser Ser Ser Ser Arg Gly Val Lys Lys Gly Pro Arg Ser Gln
 465 470 475 480
 35
 Tyr Glu Arg Lys Leu Gly Glu Phe Phe Lys His Gln Ile Glu Ser Asp
 485 490 495
 40
 Ala Ser Pro Val Tyr Gly Asp Gly Phe Arg Ala Gly Arg Leu Ala Val
 500 505 510
 45
 Asn Lys Tyr Gly Leu Pro Lys Thr Leu Glu His Ile Gln Met Thr Gly
 515 520 525
 Arg Phe Pro Val
 530
 50
 <210> 8
 <211> 532
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 55
 <400> 8
 Met Gly Trp Phe Asn Lys Ile Phe Lys Gly Ser Asn Gln Arg Leu Arg
 1 5 10 15
 60

| | |
|----|---|
| | Val Gly Asn Asn Lys His Asn His Asn Val Tyr Tyr Asp Asn Tyr Pro |
| | 20 25 30 |
| 5 | Thr Ala Ser His Asp Asp Glu Pro Ser Ala Ala Asp Thr Asp Ala Asp |
| | 35 40 45 |
| 10 | Asn Asp Glu Pro His His Thr Gln Glu Pro Ser Thr Ser Glu Asp Asn |
| | 50 55 60 |
| 15 | Thr Ser Asn Asp Gln Glu Asn Glu Asp Ile Asp Arg Ala Ile Ala Leu |
| | 65 70 75 80 |
| 20 | Ser Leu Leu Glu Glu Asn Gln Glu Gln Thr Ser Ile Ser Gly Lys Tyr |
| | 85 90 95 |
| 25 | Ser Met Pro Val Asp Glu Asp Glu Gln Leu Ala Arg Ala Leu Gln Glu |
| | 100 105 110 |
| 30 | Ser Met Val Val Gly Asn Ser Pro Arg His Lys Ser Gly Ser Thr Tyr |
| | 115 120 125 |
| 35 | Asp Asn Gly Asn Ala Tyr Gly Ala Gly Asp Leu Tyr Gly Asn Gly His |
| | 130 135 140 |
| 40 | Met Tyr Gly Gly Gly Asn Val Tyr Ala Asn Gly Asp Ile Tyr Tyr Pro |
| | 145 150 155 160 |
| 45 | Arg Pro Ile Thr Phe Gln Met Asp Phe Arg Ile Cys Ala Gly Cys Asn |
| | 165 170 175 |
| 50 | Met Glu Ile Gly His Gly Arg Phe Leu Asn Cys Leu Asn Ser Leu Trp |
| | 180 185 190 |
| 55 | His Pro Glu Cys Phe Arg Cys Tyr Gly Cys Ser Gln Pro Ile Ser Glu |
| | 195 200 205 |
| 60 | Tyr Glu Phe Ser Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Phe His Lys Ala Cys Tyr |
| | 210 215 220 |
| 65 | Arg Glu Arg Tyr His Pro Lys Cys Asp Val Cys Ser His Phe Ile Pro |
| | 225 230 235 240 |
| 70 | 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 |
| 5 | Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro Arg Asn Thr Arg Tyr Val Glu Leu Asn |
| | 275 280 285 |
| 10 | Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ala Val Met Asp |
| | 290 295 300 |
| 15 | Thr Met Gln Cys Gln Pro Leu Tyr Leu Gln Ile Gln Asn Phe Tyr Glu |
| | 305 310 315 320 |
| 20 | Gly Leu Asn Met Lys Val Glu Gln Glu Val Pro Leu Leu Leu Val Glu |
| | 325 330 335 |
| 25 | Arg Gln Ala Leu Asn Glu Ala Arg Glu Gly Glu Lys Asn Gly His Tyr |
| | 340 345 350 |
| 30 | Ser Thr Val Arg Lys Arg Ser Lys His Gly Thr Gly Lys Trp Ala Gly |
| | 370 375 380 |
| 35 | Asn Ile Thr Glu Pro Tyr Lys Leu Thr Arg Gln Cys Glu Val Thr Ala |
| | 385 390 395 400 |
| 40 | Ile Leu Ile Leu Phe Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Ser Ile Leu |
| | 405 410 415 |
| 45 | Ala His Glu Met Met His Ala Trp Met Arg Leu Lys Gly Phe Arg Thr |
| | 420 425 430 |
| 50 | Leu Ser Gln Asp Val Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Met Ala His Lys |
| | 435 440 445 |
| 55 | Trp Leu Asp Ala Glu Leu Ala Ala Gly Ser Thr Asn Ser Asn Ala Ala |
| | 450 455 460 |
| 60 | 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

5 His Lys Tyr Gly Leu Arg Lys Thr Leu Glu His Ile Gln Met Thr Gly
515 520 525

10 Arg Phe Pro Val
530

15 <210> 9
<211> 478
<212> PRT
<213> Theobroma cacao

<400> 9

20 Met Asp Trp Ile Lys Lys Ile Phe Lys Gly Cys Ala His Lys Phe Ser
1 5 10 15

25 Glu Gly His His His Gly Asn Tyr Val Glu Asp Pro His Pro Gln Phe
20 25 30

30 Asn Ala Pro Ser Val Ser Gly Asp Ala Trp Gln Glu Leu Glu Asn Glu
35 40 45

35 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

40 Leu Ala Arg Ala Leu Gln Glu Ser Leu Asn Phe Glu Pro Pro Pro Gln
85 90 95

45 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

50 Phe Leu Asn Cys Leu Asn Ala Phe Trp His Pro Glu Cys Phe Arg Cys
130 135 140

55 His Ala Cys Asn Leu Pro Ile Ser Asp Tyr Glu Phe Ser Met Ser Gly
145 150 155 160

60 Asn Tyr Arg Phe His Lys Ser Cys Tyr Lys Glu Arg Tyr His Pro Lys

| | 165 | 170 | 175 |
|----|--|-----|-----|
| 5 | Cys Asp Val Cys Asn Asp Phe Ile Pro Thr Asn Pro Ala Gly Leu Ile 180 185 190 | | |
| 10 | Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Ile Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His 195 200 205 | | |
| 15 | Glu His Asp Ser Thr Pro Arg Cys Cys Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro 210 215 220 | | |
| 20 | Gln Asp Thr Gly Tyr Val Ala Leu Asn Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu 225 230 235 240 | | |
| 25 | Glu Cys Leu Asp Ser Ala Val Met Asp Thr Lys Gln Cys Gln Pro Leu 245 250 255 | | |
| 30 | Tyr Leu Asp Ile Leu Glu Phe Tyr Glu Gly Leu Asn Met Lys Val Glu 260 265 270 | | |
| 35 | Gln Gln Val Pro Leu Leu Leu Val Glu Arg Gln Ala Leu Asn Glu Ala 275 280 285 | | |
| 40 | Arg Glu Gly Glu Lys Asn Gly His Tyr His Met Pro Glu Thr Arg Gly 290 295 300 | | |
| 45 | Leu Cys Leu Ser Glu Glu Gln Thr Val Ser Thr Ile Leu Arg Gln Pro 305 310 315 320 | | |
| 50 | Arg Phe Gly Thr Gly Asn Arg Ala Met Asp Met Ile Thr Glu Pro Cys 325 330 335 | | |
| 55 | Lys Leu Thr Arg Arg Cys Glu Val Thr Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly 340 345 350 | | |
| 60 | 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 |
| 5 | Ser Arg Leu Gln Lys Gly Lys Arg Pro Gln Phe Glu Gly Lys Leu Gly | | |
| | 420 | 425 | 430 |
| 10 | Glu Phe Phe Lys His Gln Ile Glu Ser Asp Thr Ser Pro Val Tyr Gly | | |
| | 435 | 440 | 445 |
| 15 | Asp Gly Phe Arg Ala Gly His Gln Ala Val Tyr Lys Tyr Gly Leu Arg | | |
| | 450 | 455 | 460 |
| 20 | Arg Thr Leu Glu His Ile Arg Met Thr Gly Arg Phe Pro Tyr | | |
| | 465 | 470 | 475 |
| 25 | <210> 10 | | |
| | <211> 474 | | |
| | <212> PRT | | |
| | <213> Glycine max | | |
| 30 | Met Gly Trp Leu Ser Arg Ile Phe Lys Gly Ser Asp His Asn Lys Leu | | |
| | 1 | 5 | 10 |
| 35 | Ser Glu Gly His Tyr Tyr Lys Glu Asp Ala Gly Tyr Tyr Leu Pro Ser | | |
| | 20 | 25 | 30 |
| 40 | Thr Ser Gly Val Thr Asn Asn Gln Asn Glu Asn Glu Asp Ile Asp Arg | | |
| | 35 | 40 | 45 |
| 45 | Ala Ile Ala Leu Ser Leu Val Glu Glu Ser Arg Arg Ala Asn Asn Asn | | |
| | 50 | 55 | 60 |
| 50 | Val Asn Gly Glu Arg Ile Leu Ser Leu Gln Thr Leu Leu Glu Glu Asp | | |
| | 65 | 70 | 75 |
| 55 | Glu Gln Leu Ala Arg Ala Ile Glu Gln Ser Leu Asn Leu Glu Ser Pro | | |
| | 85 | 90 | 95 |
| 60 | Pro Arg Tyr Gly Asn Glu Asn Met Tyr Gln Pro Pro Ile Gln Tyr Phe | | |
| | 100 | 105 | 110 |
| 65 | Pro Leu Gly Ile Cys Ala Gly Cys Tyr Thr Glu Ile Gly Phe Gly Arg | | |
| | 115 | 120 | 125 |
| 70 | Tyr Leu Asn Cys Leu Asn Ala Phe Trp His Pro Glu Cys Phe Arg Cys | | |
| | 130 | 135 | 140 |

5 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
 10 Cys Asp Val Cys Lys His Phe Ile Pro Thr Asn Pro Ala Gly Leu Ile
 180 185 190
 15 Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Ile Gln Lys Tyr Cys Pro Thr His
 195 200 205
 20 Glu His Asp Gly Thr Pro Arg Cys Cys Ser Cys Glu Arg Met Glu Ser
 210 215 220
 25 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
 30 His Ala Asp Ile Gln Arg Phe Tyr Asp Ser Leu Asn Met Lys Leu Asp
 260 265 270
 35 Gln Gln Ile Pro Leu Leu Leu Val Glu Arg Gln Ala Leu Asn Glu Ala
 275 280 285
 40 Arg Glu Gly Glu Lys Asn Gly His Tyr His Met Pro Glu Thr Arg Gly
 290 295 300
 45 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
 50 Cys Asp Val Thr Ala Ile Leu Val Leu Tyr Gly Leu Pro Arg Leu Leu
 340 345 350
 55 Thr Gly Ser Ile Leu Ala His Glu Met Met His Ala Trp Leu Arg Leu
 355 360 365
 60 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
 5
 Ser Asn Phe Val Ser Ala Ser Ser Ser Ser Ala Ser His Thr Ser Arg
 405 410 415
 10
 Lys Gly Lys Arg Pro Gln Phe Glu Arg Lys Leu Gly Glu Phe Phe Lys
 420 425 430
 15
 His Gln Ile Glu Ser Asp Ile Ser Pro Val Tyr Gly Asp Gly Phe Arg
 435 440 445
 20
 Ala Gly Gln Lys Ala Val Arg Lys Tyr Gly Leu Gln Arg Thr Leu His
 450 455 460
 25
 His Ile Arg Met Thr Gly Thr Phe Pro Tyr
 465 470
 30
 <210> 11
 <211> 478
 <212> PRT
 <213> Glycine max
 <400> 11
 35
 Met Gly Trp Leu Ser Arg Ile Phe Lys Gly Ser Asp His Asn Lys Leu
 1 5 10 15
 40
 Ser Glu Gly His Tyr Tyr Lys Glu Asp Ala Gly Tyr Tyr Leu Pro Ser
 20 25 30
 45
 Thr Ser Gly Val Thr Asn Asp Ala Trp Asn Gln Ser Gln Asn Gln Asn
 35 40 45
 50
 Glu Asn Glu Asp Ile Asp Arg Ala Ile Ala Leu Ser Leu Val Glu Glu
 50 55 60
 55
 Thr Gln Lys Ala Asn Asn Asn Val Asn Asp Tyr Arg Ser Gln Leu Glu
 65 70 75 80
 60
 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
 5
 Gly Tyr Gly Arg Tyr Leu Asn Cys Leu Asn Ala Phe Trp His Pro Glu
 130 135 140
 10
 Cys Phe Arg Cys Arg Ala Cys Asn Leu Pro Ile Ser Asp Tyr Glu Phe
 145 150 155 160
 15
 Ser Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Tyr His Lys Ser Cys Tyr Lys Glu Ser
 165 170 175
 20
 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
 25
 Cys Pro Thr His Glu His Asp Gly Thr Thr Arg Cys Cys Ser Cys Glu
 210 215 220
 30
 Arg Met Glu Ser Gln Glu Ala Gly Tyr Ile Ala Leu Lys Asp Gly Arg
 225 230 235 240
 35
 Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ala Ile Met Asp Thr Asn Glu
 245 250 255
 40
 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
 45
 Leu Asn Glu Ala Arg Glu Gly Glu Lys Asn Gly His Tyr His Met Pro
 290 295 300
 50
 Glu Thr Arg Gly Leu Cys Leu Ser Glu Glu Leu Ser Thr Phe Ser Arg
 305 310 315 320
 55
 Arg Pro Arg Leu Gly Thr Thr Met Asp Met Arg Ala Gln Pro Tyr Arg
 325 330 335
 60
 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

5 Trp Leu Arg Leu Lys Gly Tyr Arg Thr Leu Ser Gln Asp Val Glu Glu
370 375 380

10 Gly Ile Cys Gln Val Leu Ser His Met Trp Leu Glu Ser Glu Leu Ser
385 390 395 400

15 Ser Ala Ser Gly Ser Asn Phe Val Ser Ala Ser Ser Ser Ser Ala Ser
405 410 415

20 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

25 Gly Gly Phe Arg Ala Gly Gln Lys Ala Val Ser Lys Tyr Gly Leu Gln
450 455 460

30 Arg Thr Leu His His Ile Arg Met Thr Gly Thr Phe Pro Tyr
465 470 475

35 <210> 12
<211> 462
<212> PRT
<213> Vitis vinifera

40 <400> 12

Met Gly Trp Leu Asn Lys Ile Phe Lys Gly Ser Ser His Lys Ile Ser
1 5 10 15

45 Glu Gly Asn Tyr His Gly Arg Tyr Gln Gly Asp Thr Val Gln Asn Glu
20 25 30

50 Pro Ser Cys Ser Gly Asp Val Trp Ala Glu Thr Glu Asn Glu Asp Ile
35 40 45

55 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

60

| | | |
|----|---|--|
| | Arg Ala Ile Gln Glu Ser Leu Asn Ile Glu Ser Pro Pro Gln His Gly | |
| | 85 90 95 | |
| 5 | Asn Gly Asn Gly Asn Gly Asn Ile Tyr Gln Pro Ile Pro Phe Pro Tyr | |
| | 100 105 110 | |
| 10 | Ser Thr Gly Phe Arg Ile Cys Ala Gly Cys Asn Thr Glu Ile Gly His | |
| | 115 120 125 | |
| 15 | Gly Arg Phe Leu Ser Cys Met Gly Ala Val Trp His Pro Glu Cys Phe | |
| | 130 135 140 | |
| 20 | Arg Cys His Gly Cys Gly Tyr Pro Ile Ser Asp Tyr Glu Tyr Ser Met | |
| | 145 150 155 160 | |
| 25 | Asn Gly Asn Tyr Pro Tyr His Lys Ser Cys Tyr Lys Glu His Tyr His | |
| | 165 170 175 | |
| 30 | Pro Lys Cys Asp Val Cys Lys His Phe Ile Pro Thr Asn Pro Ala Gly | |
| | 180 185 190 | |
| 35 | Leu Ile Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Val Gln Lys Tyr Cys Pro | |
| | 195 200 205 | |
| 40 | Ser His Glu His Asp Arg Thr Pro Arg Cys Cys Ser Cys Glu Arg Met | |
| | 210 215 220 | |
| 45 | Glu Pro Arg Asp Thr Arg Tyr Val Ala Leu Asn Asp Gly Arg Lys Leu | |
| | 225 230 235 240 | |
| 50 | Cys Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ala Ile Met Asp Thr Asn Glu Cys Gln | |
| | 245 250 255 | |
| 55 | Pro Leu Tyr Leu Asp Ile Gln Glu Phe Tyr Glu Gly Leu Asn Met Lys | |
| | 260 265 270 | |
| 60 | 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

5 Pro Cys Lys Leu Thr Arg Arg Cys Asp Val Thr Ala Val Leu Ile Leu
340 345 350

10 Tyr Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Ser Ile Leu Ala His Glu Met
355 360 365

15 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

20 Glu Leu Thr Ser Gly Ser Gly Arg Ser Gln Cys Glu Arg Lys Leu Gly
405 410 415

25 Gln Phe Phe Lys His Gln Ile Glu Ser Asp Thr Ser Leu Val Tyr Gly
420 425 430

30 Ala Gly Phe Arg Ala Gly His Gln Ala Val Leu Lys Tyr Gly Leu Pro
435 440 445

35 Ala Thr Leu Lys His Ile His Leu Thr Gly Asn Phe Pro Tyr
450 455 460

<210> 13
<211> 482
<212> PRT
40 <213> Vitis vinifera

<400> 13

45 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

50 Pro Ser Cys Ser Gly Asp Val Trp Ala Glu Thr Glu Asn Glu Asp Ile
35 40 45

55 Asp Arg Ala Ile Ala Leu Ser Leu Ser Glu Glu Glu Gln Lys Gly Lys
50 55 60

60 Lys Val Ile Asp Glu Leu Asp Asn Glu Phe Gln Leu Glu Glu Asp Glu

| | 65 | 70 | 75 | 80 |
|----|---|-----|-----|-----|
| 5 | Gln Leu Ala Arg Ala Ile Gln Glu Ser Leu Asn Ile Glu Ser Pro Pro | 85 | 90 | 95 |
| 10 | Gln His Gly Asn Gly Asn Gly Asn Gly Asn Ile Tyr Gln Pro Ile Pro | 100 | 105 | 110 |
| 15 | Phe Pro Tyr Ser Thr Gly Phe Arg Ile Cys Ala Gly Cys Asn Thr Glu | 115 | 120 | 125 |
| 20 | Ile Gly His Gly Arg Phe Leu Ser Cys Met Gly Ala Val Trp His Pro | 130 | 135 | 140 |
| 25 | Glu Cys Phe Arg Cys His Gly Cys Gly Tyr Pro Ile Ser Asp Tyr Glu | 145 | 150 | 155 |
| 30 | Tyr Ser Met Asn Gly Asn Tyr Pro Tyr His Lys Ser Cys Tyr Lys Glu | 165 | 170 | 175 |
| 35 | His Tyr His Pro Lys Cys Asp Val Cys Lys His Phe Ile Pro Thr Asn | 180 | 185 | 190 |
| 40 | Pro Ala Gly Leu Ile Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Val Gln Lys | 195 | 200 | 205 |
| 45 | Tyr Cys Pro Ser His Glu His Asp Arg Thr Pro Arg Cys Cys Ser Cys | 210 | 215 | 220 |
| 50 | Glu Arg Met Glu Pro Arg Asp Thr Arg Tyr Val Ala Leu Asn Asp Gly | 225 | 230 | 235 |
| 55 | Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ala Ile Met Asp Thr Asn | 245 | 250 | 255 |
| 60 | 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 |
|----|---|-----|-----|-----|
| 5 | Ile Leu Arg Arg Pro Lys Ile Gly Thr Gly Asn Arg Val Met Asn Met | 325 | 330 | 335 |
| 10 | Ile Thr Glu Pro Cys Lys Leu Thr Arg Arg Cys Asp Val Thr Ala Val | 340 | 345 | 350 |
| 15 | Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Ser Ile Leu Ala | 355 | 360 | 365 |
| 20 | His Glu Met Met His Ala Trp Leu Arg Leu Asn Gly Tyr Arg Thr Leu | 370 | 375 | 380 |
| 25 | Ala Gln Asp Val Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Leu Ala Tyr Met Trp | 385 | 390 | 395 |
| 30 | Leu Asp Ala Glu Leu Thr Ser Gly Ser Gly Ser Asn Val Pro Ser Thr | 405 | 410 | 415 |
| 35 | Ser Ser Ala Ser Thr Ser Ser Lys Lys Gly Ala Gly Ser Gln Cys Glu | 420 | 425 | 430 |
| 40 | Arg Lys Leu Gly Gln Phe Phe Lys His Gln Ile Glu Ser Asp Thr Ser | 435 | 440 | 445 |
| 45 | Leu Val Tyr Gly Ala Gly Phe Arg Ala Gly His Gln Ala Val Leu Lys | 450 | 455 | 460 |
| 50 | Tyr Gly Leu Pro Ala Thr Leu Lys His Ile His Leu Thr Gly Asn Phe | 465 | 470 | 475 |
| 55 | Pro Tyr | | | |
| 60 | <210> 14 <211> 486 <212> PRT <213> Solanum lycopersicum <400> 14 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 | | | |

5 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
 10 Ile Asp Ser Glu Ser Gln Leu Lys Glu Asp Glu Gln Leu Ala Arg Ala
 65 70 75 80
 15 Leu Gln Glu Ser Leu Asn Val Glu Ser Pro Pro Gln His Val Ser Arg
 85 90 95
 20 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
 25 Ser Thr Glu Ile Gly His Gly Arg Phe Leu Ser Cys Met Gly Ala Val
 130 135 140
 30 Trp His Pro Glu Cys Phe Arg Cys His Ala Cys Asn Gln Pro Ile Ser
 145 150 155 160
 35 Asp Tyr Glu Phe Ser Met Ser Gly Asn Tyr Pro Tyr His Lys Thr Cys
 165 170 175
 40 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
 45 Ser Gln Lys Tyr Cys Pro Phe His Glu His Asp Gly Thr Pro Arg Cys
 210 215 220
 50 Cys Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro Arg Asp Thr Arg Tyr Ile Ala Leu
 225 230 235 240
 55 Asp Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ala Ile Met
 245 250 255
 60 Asp Thr Ser Gln Cys Gln Pro Leu Tyr Tyr Asp Ile Gln Glu Phe Tyr
 260 265 270

5 Glu Gly Leu Asn Met Lys Val Glu Gln Lys Val Pro Leu Leu Leu Val
 275 280 285

10 Glu Arg Gln Ala Leu Asn Glu Ala Met Asp Gly Glu Arg His Gly Tyr
 290 295 300

15 His His Met Pro Glu Thr Arg Gly Leu Cys Leu Ser Glu Glu Gln Thr
 305 310 315 320

20 Ile Ser Thr Ile Gln Arg Arg Pro Arg Ile Gly Ala Gly Asn Arg Val
 325 330 335

25 Met Asp Met Arg Thr Glu Pro Tyr Lys Leu Thr Arg Arg Cys Glu Val
 340 345 350

30 Thr Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Ser
 355 360 365

35 Ile Leu Ala His Glu Met Met His Ala Trp Leu Arg Leu Arg Gly Tyr
 370 375 380

40 Arg Thr Leu Ser Gln Asp Val Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Leu Ala
 385 390 395 400

45 His Met Trp Leu Glu Thr Gln Ile Ala Ser Ile Ser Ser Ser Asn Gly
 405 410 415

50 Gly Ala Ser Thr Ser Ser Gly Met Ser Ser Ser Lys Gln Gly Ile Arg
 420 425 430

55 Ser Pro Phe Glu Arg Lys Leu Gly Asp Phe Phe Lys His Gln Ile Glu
 435 440 445

60 Ser Asp Thr Ser Pro Ile Tyr Gly Asn Gly Phe Arg Ala Gly Asn Gln
 450 455 460

65 Ala Val Leu Lys Tyr Gly Leu Glu Arg Thr Leu Asp His Ile Arg Met
 465 470 475 480

70 Thr Gly Thr Phe Pro Tyr
 485

75 <210> 15
 <211> 878

<212> PRT

<213> Oryza sativa

<400> 15

5

Met Gly Asp Arg Pro Asp Met Gly Ala Gly Val Ala Leu Arg Phe Ser
1 5 10 15

10

His Asn Asp Trp Thr Leu Glu Glu Asp Ser Lys Ala Leu His Phe Leu
20 25 30

15

Gln Pro Asp Leu Val Leu Phe Thr Gly Asp Tyr Gly Asn Glu Asn Val
35 40 45

20

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

25

Val Asp Arg Val Gln Leu Gln Leu Glu Ser Leu Gly Glu Gln His Val
85 90 95

30

Gly Tyr Lys Cys Leu Asp Phe Pro Thr Ile Lys Leu Ser Val Val Gly
100 105 110

35

Gly Arg Pro Phe Ser Cys Gly Gly Asn Arg Ile Phe Arg Pro Lys Leu
115 120 125

40

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

45

Leu Ala His Asn Gly Pro Thr Gly Leu Gly Ser Arg Met Glu Asp Ile
165 170 175

50

Cys Gly Arg Asp Trp Val Ala Gly Gly Gly Asp His Gly Asp Pro Asp
180 185 190

55

Leu Glu Gln Ala Ile Ser Asp Leu Gln Arg Glu Thr Gly Val Ser Ile
195 200 205

60

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
 5
 Asn Gly Ala Val Val Pro Arg Val Asn His Ala Gln Ser Ser Arg Gln
 245 250 255
 10
 Pro Ala Ile Ser Thr Ser Glu Lys Thr Gly Leu Glu Gly Leu Thr Gly
 260 265 270
 15
 Leu Met Val Pro Thr Ser Arg Ala Phe Thr Ile Val Asp Leu Phe Glu
 275 280 285
 20
 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
 25
 Ser Val Pro Ser Asn Ile Ala Ile Trp Ser Thr Met Gly Trp Leu Thr
 325 330 335
 30
 Lys Phe Phe Arg Gly Ser Thr His Lys Ile Ser Glu Gly Gln Tyr His
 340 345 350
 35
 Ser Lys Pro Ala Glu Glu Thr Ile Trp Asn Gly Pro Ser Asn Ser Ala
 355 360 365
 40
 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
 45
 Asp Cys Cys Lys Leu Arg Gln Gln Ala Gln Pro Val Leu His Leu Met
 405 410 415
 50
 Tyr Ser Gln Leu Gln Leu Leu Gln Thr Ser His Ala His Gln His Gly
 420 425 430
 55
 Asp Val Pro Ser Glu Phe Asp Asn Glu Asp Ile Ala Arg Ala Ile Ser
 435 440 445
 60
 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 |
| 5 | Ser Leu Asn Val Glu Ser Pro Pro Arg Ala Arg Glu Asn Gly Asn Ala |
| | 485 490 495 |
| 10 | Asn Gly Gly Asn Met Tyr Gln Pro Leu Pro Phe Met Phe Ser Ser Gly |
| | 500 505 510 |
| 15 | Phe Arg Thr Cys Ala Gly Cys His Ser Glu Ile Gly His Gly Arg Phe |
| | 515 520 525 |
| 20 | Leu Ser Cys Met Gly Ala Val Trp His Pro Glu Cys Phe Arg Cys His |
| | 530 535 540 |
| 25 | Ala Cys Asn Gln Pro Ile Tyr Asp Tyr Glu Phe Ser Met Ser Gly Asn |
| | 545 550 555 560 |
| 30 | His Pro Tyr His Lys Thr Cys Tyr Lys Glu Arg Phe His Pro Lys Cys |
| | 565 570 575 |
| 35 | Asp Val Cys Lys Gln Phe Ile Pro Thr Asn Met Asn Gly Leu Ile Glu |
| | 580 585 590 |
| 40 | Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Leu Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu |
| | 595 600 605 |
| 45 | Val Asp Gly Thr Pro Arg Cys Cys Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro Arg |
| | 610 615 620 |
| 50 | Glu Ser Arg Tyr Val Leu Leu Asp Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu |
| | 625 630 635 640 |
| 55 | Cys Leu Asp Ser Ala Val Met Asp Thr Ser Glu Cys Gln Pro Leu Tyr |
| | 645 650 655 |
| 60 | Leu Glu Ile Gln Glu Phe Tyr Glu Gly Leu Asn Met Lys Val Glu Gln |
| | 660 665 670 |
| 65 | Gln Val Pro Leu Leu Leu Val Glu Arg Gln Ala Leu Asn Glu Ala Met |
| | 675 680 685 |
| 70 | 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

 5 Met Ala Gly Asn Lys Val Met Glu Met Ile Thr Glu Pro Tyr Arg Leu
 725 730 735

 10 Thr Arg Arg Cys Glu Val Thr Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Pro
 740 745 750

 15 Arg Leu Leu Thr Gly Ser Ile Leu Ala His Glu Met Met His Ala Trp
 755 760 765

 20 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

 25 Gly Ser Gly Ser Asn Gly Ala Ser Thr Ser Ser Ser Ser Ala Ser
 805 810 815

 30 Thr Ser Ser Lys Lys Gly Gly Arg Ser Gln Phe Glu Arg Lys Leu Gly
 820 825 830

 35 Asp Phe Phe Lys His Gln Ile Glu Ser Asp Thr Ser Met Ala Tyr Gly
 835 840 845

 40 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

 45 <210> 16
 <211> 486
 <212> PRT
 <213> Oryza sativa

 50 <400> 16

 Met Gly Trp Leu Thr Lys Phe Phe Arg Gly Ser Thr His Lys Ile Ser
 1 5 10 15

 55 Glu Gly Gln Tyr His Ser Lys Pro Ala Glu Glu Thr Ile Trp Asn Gly
 20 25 30

 60

| | |
|----|---|
| | Pro Ser Asn Ser Ala Val Val Thr Asp Val Pro Ser Glu Phe Asp Asn |
| | 35 40 45 |
| 5 | Glu Asp Ile Ala Arg Ala Ile Ser Leu Ser Leu Leu Glu Glu Glu Gln |
| | 50 55 60 |
| 10 | Arg Lys Ala Lys Ala Ile Glu Lys Asp Met His Leu Glu Glu Asp Glu |
| | 65 70 75 80 |
| 15 | Gln Leu Ala Arg Ala Ile Gln Glu Ser Leu Asn Val Glu Ser Pro Pro |
| | 85 90 95 |
| 20 | Arg Ala Arg Glu Asn Gly Asn Ala Asn Gly Gly Asn Met Tyr Gln Pro |
| | 100 105 110 |
| 25 | Leu Pro Phe Met Phe Ser Ser Gly Phe Arg Thr Cys Ala Gly Cys His |
| | 115 120 125 |
| 30 | Ser Glu Ile Gly His Gly Arg Phe Leu Ser Cys Met Gly Ala Val Trp |
| | 130 135 140 |
| 35 | His Pro Glu Cys Phe Arg Cys His Ala Cys Asn Gln Pro Ile Tyr Asp |
| | 145 150 155 160 |
| 40 | Tyr Glu Phe Ser Met Ser Gly Asn His Pro Tyr His Lys Thr Cys Tyr |
| | 165 170 175 |
| 45 | Lys Glu Arg Phe His Pro Lys Cys Asp Val Cys Lys Gln Phe Ile Pro |
| | 180 185 190 |
| 50 | Thr Asn Met Asn Gly Leu Ile Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Leu |
| | 195 200 205 |
| 55 | Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu Val Asp Gly Thr Pro Arg Cys Cys |
| | 210 215 220 |
| 60 | 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

5 Arg Gln Ala Leu Asn Glu Ala Met Glu Gly Glu Lys Thr Gly His His
 290 295 300

10 His Leu Pro Glu Thr Arg Gly Leu Cys Leu Ser Glu Glu Gln Thr Val
 305 310 315 320

15 Ser Thr Ile Leu Arg Arg Pro Arg Met Ala Gly Asn Lys Val Met Glu
 325 330 335

20 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

25 Ala His Glu Met Met His Ala Trp Leu Arg Leu Lys Gly Tyr Arg Thr
 370 375 380

30 Leu Ser Pro Asp Val Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Leu Ala His Met
 385 390 395 400

35 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

40 Ser Gln Phe Glu Arg Lys Leu Gly Asp Phe Phe Lys His Gln Ile Glu
 435 440 445

45 Ser Asp Thr Ser Met Ala Tyr Gly Asp Gly Phe Arg Ala Gly Asn Arg
 450 455 460

50 Ala Val Leu Gln Tyr Gly Leu Lys Arg Thr Leu Glu His Ile Arg Leu
 465 470 475 480

55 Thr Gly Thr Phe Pro Phe
 485

<210> 17
 <211> 512
 <212> PRT
 60 <213> Brachypodium distachyon

<400> 17

| | |
|----|--|
| 5 | Met Gly Trp Leu Thr Lys Ile Phe Arg Gly Ser Thr Tyr Lys Ile Ser |
| | 1 5 10 15 |
| 10 | Glu Gly Gln Arg Gln Ser Arg Pro Ala Glu Glu Ala Val Trp Asn Glu |
| | 20 25 30 |
| 15 | Pro Ser Ser Ser Thr Val Val Thr Asp Val Leu Ser Glu Phe Asp Asn |
| | 35 40 45 |
| 20 | Glu Asp Ile Asp Arg Ala Ile Ala Leu Ser Leu Ser Glu Glu Gln Arg |
| | 50 55 60 |
| 25 | Lys Ser Lys Gly Thr Gly Lys Asp Leu His Leu Asp Glu Asp Glu Gln |
| | 65 70 75 80 |
| 30 | Leu Ala Arg Ala Ile His Glu Ser Leu Asn Val Glu Ser Pro Pro Cys |
| | 85 90 95 |
| 35 | Ala Arg Asp Asn Gly Ser Pro Pro His Ala Arg Asp Asn Ser Ser Pro |
| | 100 105 110 |
| 40 | Pro His Ala Arg Glu Asn Ser Ser His Pro Arg Ala Arg Glu Asn Gly |
| | 115 120 125 |
| 45 | Ile Ala Asn Gly Gly Asn Ser Ile Gln His Ser Pro Phe Met Phe Ser |
| | 130 135 140 |
| 50 | Ser Gly Phe Arg Thr Cys Ala Gly Cys His Ser Glu Ile Gly His Gly |
| | 145 150 155 160 |
| 55 | Arg Phe Leu Ser Cys Met Gly Ala Val Trp His Pro Glu Cys Phe Cys |
| | 165 170 175 |
| 60 | Cys His Ala Cys Ser Gln Pro Ile Tyr Asp Tyr Glu Phe Ser Met Ser |
| | 180 185 190 |
| 65 | Gly Asn His Pro Tyr His Lys Thr Cys Tyr Lys Glu Arg Phe His Pro |
| | 195 200 205 |
| 70 | Lys Cys Asp Val Cys Lys Gln Phe Ile Pro Thr Asn Met Asn Gly Leu |
| | 210 215 220 |
| 75 | Ile Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Leu Gln Lys Tyr Cys Pro Ser |

| | | | | |
|----|---|-----|-----|-----|
| | 225 | 230 | 235 | 240 |
| 5 | His Glu Val Asp Gly Thr Pro Arg Cys Cys Ser Cys Glu Arg Met Glu | 245 | 250 | 255 |
| 10 | Pro Arg Glu Ser Arg Tyr Val Leu Leu Asp Asp Gly Arg Lys Leu Cys | 260 | 265 | 270 |
| 15 | Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ala Val Met Asp Thr Thr Glu Cys Gln Pro | 275 | 280 | 285 |
| 20 | Leu Tyr Leu Glu Ile Gln Glu Phe Tyr Glu Gly Leu Asn Met Lys Val | 290 | 295 | 300 |
| 25 | Glu Gln Gln Val Pro Leu Leu Leu Val Glu Arg Gln Ala Leu Asn Glu | 305 | 310 | 315 |
| 30 | Ala Met Glu Gly Glu Lys Thr Gly His His His Leu Pro Glu Thr Arg | 325 | 330 | 335 |
| 35 | Gly Leu Cys Leu Ser Glu Glu Gln Thr Val Ser Thr Ile Leu Arg Arg | 340 | 345 | 350 |
| 40 | Pro Arg Met Thr Gly Asn Lys Ile Met Glu Met Ile Thr Glu Pro Tyr | 355 | 360 | 365 |
| 45 | Arg Leu Thr Arg Arg Cys Glu Val Thr Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly | 370 | 375 | 380 |
| 50 | Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Ser Ile Leu Ala His Glu Met Met His | 385 | 390 | 395 |
| 55 | Ala Trp Leu Arg Leu Lys Gly Tyr Arg Thr Leu Ser Pro Glu Ile Glu | 405 | 410 | 415 |
| 60 | 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 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 |
| 5 | Tyr Gly Asn Gly Phe Arg Ser Gly Asn Gln Ala Val Leu Gln Tyr Gly | | | |
| | 485 | 490 | 495 | |
| 10 | Leu Lys Arg Thr Leu Glu His Ile Trp Leu Thr Gly Thr Trp Pro Phe | | | |
| | 500 | 505 | 510 | |
| 15 | <210> 18 | | | |
| | <211> 491 | | | |
| | <212> PRT | | | |
| | <213> Brachypodium distachyon | | | |
| | <400> 18 | | | |
| 20 | Met Gly Trp Leu Thr Lys Phe Phe Arg Gly Ser Thr His Asn Ile Ser | | | |
| | 1 | 5 | 10 | 15 |
| 25 | Glu Gly Gln Asp Gln Ser Lys Pro Ala Glu Glu Thr Val Trp Asn Glu | | | |
| | 20 | 25 | 30 | |
| 30 | Pro Ser Ser Ser Thr Ala Val Asn Tyr Ala Leu Ser Glu Phe Asp Asn | | | |
| | 35 | 40 | 45 | |
| 35 | Glu Asp Ile Asp Arg Ala Ile Ala Leu Ser Leu Ser Glu Glu Glu Gln | | | |
| | 50 | 55 | 60 | |
| 40 | Arg Lys Ser Lys Gly Thr Gly Lys Asp Gln His Leu Asp Glu Asp Glu | | | |
| | 65 | 70 | 75 | 80 |
| 45 | Gln Leu Ala Arg Ala Ile Gln Glu Ser Leu Asn Val Glu Ser Pro Pro | | | |
| | 85 | 90 | 95 | |
| 50 | Arg Ala Arg Glu Lys Ser Ser His Pro Arg Ala Arg Glu Asn Gly Ser | | | |
| | 100 | 105 | 110 | |
| 55 | Ala Asn Gly Gly Asn Ser Tyr Gln Leu Pro Leu Met Phe Ser Ser Gly | | | |
| | 115 | 120 | 125 | |
| 60 | Phe Arg Thr Cys Ala Gly Cys His Ser Glu Ile Gly His Gly Arg Phe | | | |
| | 130 | 135 | 140 | |
| 65 | Leu Ser Cys Met Gly Ala Val Trp His Pro Glu Cys Phe Cys Cys His | | | |
| | 145 | 150 | 155 | 160 |
| 70 | Gly Cys Ser Gln Pro Ile Tyr Asp Tyr Glu Phe Ser Met Ser Gly Asn | | | |
| | 165 | 170 | 175 | |

5 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
 10 Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Leu Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu
 210 215 220
 15 Val Asp Gly Thr Pro Arg Cys Cys Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro Arg
 225 230 235 240
 20 Glu Ser Arg Tyr Val Leu Leu Asp Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu
 245 250 255
 25 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
 30 Gln Val Pro Leu Leu Leu Val Glu Arg Gln Ala Leu Asn Glu Ala Met
 290 295 300
 35 Glu Gly Glu Lys Thr Gly His His His Leu Pro Glu Thr Arg Gly Leu
 305 310 315 320
 40 Cys Leu Ser Glu Glu Gln Thr Val Ser Thr Ile Leu Arg Arg Pro Arg
 325 330 335
 45 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
 50 Arg Leu Leu Thr Gly Ser Ile Leu Ala His Glu Met Met His Ala Trp
 370 375 380
 55 Leu Arg Leu Lys Gly Tyr Arg Thr Leu Ser Pro Asp Ile Glu Glu Gly
 385 390 395 400
 60 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
 5
 Lys Lys Gly Gly Arg Ser Gln Phe Glu Arg Lys Leu Gly Asp Phe Phe
 435 440 445
 10
 Lys His Gln Ile Glu Ser Asp Thr Ser Val Ala Tyr Gly Asp Gly Phe
 450 455 460
 15
 Arg Ala Gly Asn Gln Ala Val Leu Gln Tyr Gly Leu Lys Arg Thr Leu
 465 470 475 480
 20
 Glu His Ile Arg Leu Thr Gly Thr Leu Pro Phe
 485 490
 25
 <210> 19
 <211> 486
 <212> PRT
 <213> Sorghum bicolor
 <400> 19
 30
 Met Gly Trp Leu Thr Lys Phe Phe Arg Gly Ser Thr His Asn Ile Ser
 1 5 10 15
 35
 Glu Gly Gln Tyr His Ser Arg Pro Ala Glu Asp Thr Ala Trp Asn Glu
 20 25 30
 40
 Pro Ser Ser Ser Pro Val Val Thr Asp Ile Phe Ser Glu Phe Asn Asn
 35 40 45
 45
 Glu Asp Ile Asp Arg Ala Ile Ala Leu Ser Leu Ser Glu Glu Glu Gln
 50 55 60
 50
 Arg Lys Ala Lys Thr Ile Asp Lys Asp Met His Leu Glu Glu Asp Glu
 65 70 75 80
 55
 Gln Leu Ala Arg Ala Ile Gln Glu Ser Leu Asn Val Glu Ser Pro Pro
 85 90 95
 60
 Pro Ser Arg Glu Asn Gly Ser Ala Asn Gly Gly Asn Ala Tyr His Pro
 100 105 110
 65
 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
 5
 His Pro Glu Cys Phe Arg Cys His Ala Cys Ser Gln Pro Ile Tyr Asp
 145 150 155 160
 10
 Tyr Glu Phe Ser Met Ser Gly Asn His Pro Tyr His Lys Thr Cys Tyr
 165 170 175
 15
 Lys Glu Gln Phe His Pro Lys Cys Asp Val Cys Lys Gln Phe Ile Pro
 180 185 190
 20
 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
 25
 Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro Arg Glu Ser Arg Tyr Val Leu Leu Asp
 225 230 235 240
 30
 Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ala Val Met Asp
 245 250 255
 35
 Thr Asn Glu Cys Gln Pro Leu Tyr Leu Glu Ile Gln Glu Phe Tyr Glu
 260 265 270
 40
 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
 45
 His Leu Pro Glu Thr Arg Gly Leu Cys Leu Ser Glu Glu Gln Thr Val
 305 310 315 320
 50
 Ser Thr Ile Leu Arg Arg Pro Arg Met Ala Gly Asn Lys Ile Met Gly
 325 330 335
 55
 Met Ile Thr Glu Pro Tyr Arg Leu Thr Arg Arg Cys Glu Val Thr Ala
 340 345 350
 60
 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

5 Leu Ser Pro Asp Val Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Leu Ala His Leu
385 390 395 400

10 Trp Ile Glu Ser Glu Ile Met Ala Gly Ser Gly Ser Gly Ala Ala Ser
405 410 415

15 Ser Ser Ser Gly Ser Ser Ser Ser Met Ser Ser Lys Lys Ala Gly Arg
420 425 430

20 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

25 Ala Val Leu Gln Tyr Gly Leu Lys Arg Thr Leu Glu His Ile Arg Leu
465 470 475 480

30 Thr Gly Thr Phe Pro Phe
485

35 <210> 20
<211> 508
<212> PRT
<213> Zea mays

40 <400> 20

Met Gly Trp Leu Thr Lys Phe Phe Arg Gly Ser Thr His Asn Ile Ser
1 5 10 15

45 Glu Glu Gln Tyr His Ser Arg Pro Ala Glu Asp Thr Ala Trp Asn Glu
20 25 30

50 Pro Ser Ser Ser Pro Val Val Thr Asp Ile Leu Ser Glu Phe Asn Asn
35 40 45

55 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

60

| | |
|----|---|
| | Gln Leu Ala Arg Ala Ile Gln Glu Ser Leu Asn Val Glu Ser Pro Pro |
| | 85 90 95 |
| 5 | Arg Arg Asn Gly Ser Ala Asn Gly Gly Thr Met Tyr His Pro Pro Arg |
| | 100 105 110 |
| 10 | Glu Thr Gly Asn Ala Tyr Gln Pro Pro Arg Glu Asn Gly Ser Ala Asn |
| | 115 120 125 |
| 15 | Gly Gly Asn Ala Tyr His Pro Leu Pro Phe Met Phe Ser Ser Gly Phe |
| | 130 135 140 |
| 20 | Arg Ala Cys Ala Gly Cys His Arg Glu Ile Gly His Gly Arg Phe Leu |
| | 145 150 155 160 |
| 25 | Ser Cys Met Gly Ala Val Trp His Pro Glu Cys Phe Arg Cys His Ala |
| | 165 170 175 |
| 30 | Cys Ser Gln Pro Ile Tyr Asp Tyr Glu Phe Ser Met Ser Gly Asn His |
| | 180 185 190 |
| 35 | Pro Tyr His Lys Thr Cys Tyr Lys Glu Gln Phe His Pro Lys Cys Asp |
| | 195 200 205 |
| 40 | Val Cys Lys Gln Phe Ile Pro Thr Asn Met Asn Gly Leu Ile Glu Tyr |
| | 210 215 220 |
| 45 | Arg Ala His Pro Phe Trp Val Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu Met |
| | 225 230 235 240 |
| 50 | Asp Gly Thr Pro Arg Cys Cys Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro Arg Glu |
| | 245 250 255 |
| 55 | Ser Lys Tyr Val Leu Leu Asp Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys |
| | 260 265 270 |
| 60 | Leu Asp Ser Ala Val Met Asp Thr Asn Asp Cys Gln Pro Leu Tyr Leu |
| | 275 280 285 |
| 65 | Glu Ile Gln Glu Phe Tyr Glu Gly Leu Asn Met Lys Val Glu Gln Gln |
| | 290 295 300 |
| 70 | 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
 5 Leu Ser Glu Glu Gln Thr Val Ser Thr Ile Leu Arg Pro Arg Met Ala
 340 345 350
 10 Gly Asn Lys Ile Met Gly Met Ile Thr Glu Pro Tyr Arg Leu Thr Arg
 355 360 365
 15 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
 20 Leu Lys Gly Tyr Arg Thr Leu Ser Pro Asp Val Glu Glu Gly Ile Cys
 405 410 415
 25 Gln Val Leu Ala His Met Trp Ile Glu Ser Glu Ile Met Ala Gly Ser
 420 425 430
 30 Gly Ser Ser Ala Ala Ser Ser Ser Ser Gly Ser Ser Ser Thr Ser
 435 440 445
 35 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
 40 Phe Arg Thr Gly Asn Arg Ala Val Leu His Tyr Gly Leu Lys Arg Thr
 485 490 495
 45 Leu Glu His Ile Arg Leu Thr Gly Thr Phe Pro Phe
 500 505
 50 <210> 21
 <211> 553
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 55 <400> 21
 Met Gly Trp Leu Thr Lys Ile Leu Lys Gly Ser Ser His Lys Phe Ser
 1 5 10 15
 60 Asp Gly Gln Cys Asn Gly Arg Tyr Arg Glu Asp Arg Asn Leu Glu Gly

| | 20 | 25 | 30 |
|----|---|-----|-----|
| 5 | Pro Arg Tyr Ser Ala Glu Gly Ser Asp Phe Asp Lys Glu Glu Ile Glu | 35 | 40 |
| 10 | Cys Ala Ile Ala Leu Ser Leu Ser Glu Gln Glu His Val Ile Pro Gln | 50 | 60 |
| 15 | Asp Asp Lys Gly Lys Lys Ile Ile Glu Tyr Lys Ser Glu Thr Glu Glu | 65 | 80 |
| 20 | Asp Asp Asp Asp Asp Glu Asp Glu Asp Glu Glu Tyr Met Arg Ala Gln | 85 | 95 |
| 25 | Leu Glu Ala Ala Glu Glu Glu Glu Arg Arg Val Ala Gln Ala Gln Ile | 100 | 110 |
| 30 | Glu Glu Glu Glu Lys Arg Arg Ala Glu Ala Gln Leu Glu Glu Thr Glu | 115 | 125 |
| 35 | Lys Leu Leu Ala Lys Ala Arg Leu Glu Glu Glu Glu Met Arg Arg Ser | 130 | 140 |
| 40 | Lys Ala Gln Leu Glu Glu Asp Glu Leu Leu Ala Lys Ala Leu Gln Glu | 145 | 160 |
| 45 | Ser Met Asn Val Gly Ser Pro Pro Arg Tyr Asp Pro Gly Asn Ile Leu | 165 | 175 |
| 50 | Gln Pro Tyr Pro Phe Leu Ile Pro Ser Ser His Arg Ile Cys Val Gly | 180 | 190 |
| 55 | Cys Gln Ala Glu Ile Gly His Gly Arg Phe Leu Ser Cys Met Gly Gly | 195 | 205 |
| 60 | Val Trp His Pro Glu Cys Phe Cys Cys Asn Ala Cys Asp Lys Pro Ile | 210 | 220 |
| | Ile Asp Tyr Glu Phe Ser Met Ser Gly Asn Arg Pro Tyr His Lys Leu | 225 | 240 |
| | Cys Tyr Lys Glu Gln His His Pro Lys Cys Asp Val Cys His Asn Phe | 245 | 255 |
| | Ile Pro Thr Asn Pro Ala Gly Leu Ile Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe | | |

| | 260 | 265 | 270 |
|----|--|-----|-----|
| 5 | Trp Met Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu Arg Asp Gly Thr Pro Arg 275 280 285 | | |
| 10 | Cys Cys Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro Lys Asp Thr Lys Tyr Leu Ile 290 295 300 | | |
| 15 | Leu Asp Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ala Ile 305 310 315 320 | | |
| 20 | Met Asp Thr His Glu Cys Gln Pro Leu Tyr Leu Glu Ile Arg Glu Phe 325 330 335 | | |
| 25 | Tyr Glu Gly Leu His Met Lys Val Glu Gln Gln Ile Pro Met Leu Leu 340 345 350 | | |
| 30 | Val Glu Arg Ser Ala Leu Asn Glu Ala Met Glu Gly Glu Lys His Gly 355 360 365 | | |
| 35 | His His His Leu Pro Glu Thr Arg Gly Leu Cys Leu Ser Glu Glu Gln 370 375 380 | | |
| 40 | Thr Val Thr Thr Val Leu Arg Arg Pro Arg Ile Gly Ala Gly Tyr Lys 385 390 395 400 | | |
| 45 | Leu Ile Asp Met Ile Thr Glu Pro Cys Arg Leu Ile Arg Arg Cys Glu 405 410 415 | | |
| 50 | Val Thr Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly 420 425 430 | | |
| 55 | Ser Ile Leu Ala His Glu Met Met His Ala Trp Leu Arg Leu Asn Gly 435 440 445 | | |
| 60 | 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 |
|----|--|-----|-----|
| 5 | His Gln Ile Glu Ser Asp Ser Ser Ser Ala Tyr Gly Asp Gly Phe Arg 515 520 525 | | |
| 10 | Gln Gly Asn Gln Ala Val Leu Lys His Gly Leu Arg Arg Thr Leu Asp 530 535 540 | | |
| 15 | His Ile Arg Leu Thr Gly Thr Phe Pro 545 550 | | |
| 20 | <210> 22 <211> 528 <212> PRT <213> Arabidopsis thaliana <400> 22 | | |
| 25 | Met Asp Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Pro Ser Ser Ser Tyr 1 5 10 15 | | |
| 30 | Gly Val Ala Arg Val Ser His Ile Ser Asn Pro Cys Ile Phe Gly Glu 20 25 30 | | |
| 35 | Val Gly Ser Ser Ser Ser Ser Thr Tyr Arg Asp Lys Lys Trp Lys Leu 35 40 45 | | |
| 40 | Met Lys Trp Val Ser Lys Leu Phe Lys Ser Gly Ser Asn Gly Gly Gly 50 55 60 | | |
| 45 | Ser Gly Ala His Thr Asn His His Pro Pro Gln Phe Gln Glu Asp Glu 65 70 75 80 | | |
| 50 | Asn Met Val Phe Pro Leu Pro Pro Ser Ser Leu Asp Asp Arg Ser Arg 85 90 95 | | |
| 55 | Gly Ala Arg Asp Lys Glu Glu Leu Asp Arg Ser Ile Ser Leu Ser Leu 100 105 110 | | |
| 60 | Ala Asp Asn Thr Lys Arg Pro His Gly Tyr Gly Trp Ser Met Asp Asn 115 120 125 | | |
| 65 | Asn Arg Asp Phe Pro Arg Pro Phe His Gly Gly Leu Asn Pro Ser Ser 130 135 140 | | |
| 70 | Phe Ile Pro Pro Tyr Glu Pro Ser Tyr Gln Tyr Arg Arg Arg Gln Arg 145 150 155 160 | | |

| | | | | |
|----|---|-----|-----|-----|
| 5 | Ile Cys Gly Gly Cys Asn Ser Asp Ile Gly Ser Gly Asn Tyr Leu Gly | 165 | 170 | 175 |
| 10 | Cys Met Gly Thr Phe Phe His Pro Glu Cys Phe Arg Cys His Ser Cys | 180 | 185 | 190 |
| 15 | Gly Tyr Ala Ile Thr Glu His Glu Phe Ser Leu Ser Gly Thr Lys Pro | 195 | 200 | 205 |
| 20 | Tyr His Lys Leu Cys Phe Lys Glu Leu Thr His Pro Lys Cys Glu Val | 210 | 215 | 220 |
| 25 | Cys His His Phe Ile Pro Thr Asn Asp Ala Gly Leu Ile Glu Tyr Arg | 225 | 230 | 235 |
| 30 | Cys His Pro Phe Trp Asn Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu Tyr Asp | 245 | 250 | 255 |
| 35 | Lys Thr Ala Arg Cys Cys Ser Cys Glu Arg Leu Glu Ser Trp Asp Val | 260 | 265 | 270 |
| 40 | Arg Tyr Tyr Thr Leu Glu Asp Gly Arg Ser Leu Cys Leu Glu Cys Met | 275 | 280 | 285 |
| 45 | Glu Thr Ala Ile Thr Asp Thr Gly Glu Cys Gln Pro Leu Tyr His Ala | 290 | 295 | 300 |
| 50 | Ile Arg Asp Tyr Tyr Glu Gly Met Tyr Met Lys Leu Asp Gln Gln Ile | 305 | 310 | 315 |
| 55 | Pro Met Leu Leu Val Gln Arg Glu Ala Leu Asn Asp Ala Ile Val Gly | 325 | 330 | 335 |
| 60 | 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 |

5 Leu Thr Gly Ala Ile Leu Ala His Glu Leu Met His Gly Trp Leu Arg
 405 410 415
 10 Leu Asn Gly Phe Arg Asn Leu Asn Pro Glu Val Glu Glu Gly Ile Cys
 420 425 430
 15 Gln Val Leu Ser Tyr Met Trp Leu Glu Ser Glu Val Leu Ser Asp Pro
 435 440 445
 20 Ser Thr Arg Asn Leu Pro Ser Thr Ser Ser Val Ala Thr Ser Ser Ser
 450 455 460
 25 Ser Ser Phe Ser Asn Lys Lys Gly Gly Lys Ser Asn Val Glu Lys Lys
 465 470 475 480
 30 Leu Gly Glu Phe Phe Lys His Gln Ile Ala His Asp Ala Ser Pro Ala
 485 490 495
 35 Tyr Gly Gly Gly Phe Arg Ala Ala Asn Ala Ala Ala Cys Lys Tyr Gly
 500 505 510
 40 Leu Arg Arg Thr Leu Asp His Ile Arg Leu Thr Gly Thr Phe Pro Leu
 515 520 525
 45 <210> 23
 <211> 1613
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 50 <400> 23
 Met Glu Pro Pro Ala Ala Arg Val Thr Pro Ser Ile Lys Ala Asp Cys
 1 5 10 15
 55 Ser His Ser Val Asn Ile Ile Cys Glu Glu Thr Val Leu His Ser Leu
 20 25 30
 60 Val Ser His Leu Ser Ala Ala Leu Arg Arg Glu Gly Ile Ser Val Phe
 35 40 45
 65 Val Asp Ala Cys Gly Leu Gln Glu Thr Lys Phe Phe Ser Ile Lys Gln
 50 55 60
 70 Asn Gln Pro Leu Thr Asp Gly Ala Arg Val Leu Val Val Ile Ser
 65 70 75 80

| | | |
|----|---|--|
| | Asp Glu Val Glu Phe Tyr Asp Pro Trp Phe Pro Lys Phe Leu Lys Val | |
| | 85 90 95 | |
| 5 | Ile Gln Gly Trp Gln Asn Asn Gly His Val Val Val Pro Val Phe Tyr | |
| | 100 105 110 | |
| 10 | Gly Val Asp Ser Leu Thr Arg Val Tyr Gly Trp Ala Asn Ser Trp Leu | |
| | 115 120 125 | |
| 15 | Glu Ala Glu Lys Leu Thr Ser His Gln Ser Lys Ile Leu Ser Asn Asn | |
| | 130 135 140 | |
| 20 | Val Leu Thr Asp Ser Glu Leu Val Glu Glu Ile Val Arg Asp Val Tyr | |
| | 145 150 155 160 | |
| 25 | Gly Lys Leu Tyr Pro Ala Glu Arg Val Gly Ile Tyr Ala Arg Leu Leu | |
| | 165 170 175 | |
| 30 | Gly Ile Trp Gly Met Pro Gly Ile Gly Lys Thr Thr Leu Ala Lys Ala | |
| | 195 200 205 | |
| 35 | Val Phe Asn His Met Ser Thr Asp Tyr Asp Ala Ser Cys Phe Ile Glu | |
| | 210 215 220 | |
| 40 | Asn Phe Asp Glu Ala Phe His Lys Glu Gly Leu His Arg Leu Leu Lys | |
| | 225 230 235 240 | |
| 45 | Glu Arg Ile Gly Lys Ile Leu Lys Asp Glu Phe Asp Ile Glu Ser Ser | |
| | 245 250 255 | |
| 50 | Tyr Ile Met Arg Pro Thr Leu His Arg Asp Lys Leu Tyr Asp Lys Arg | |
| | 260 265 270 | |
| 55 | Ile Leu Val Val Leu Asp Asp Val Arg Asp Ser Leu Ala Ala Glu Ser | |
| | 275 280 285 | |
| 60 | 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 | |
| 5 | Gln Ser Val Phe Gly Ile Asn Glu Pro Glu Gln Asn Asp Arg Lys Leu | |
| | 340 345 350 | |
| 10 | Ser Met Lys Val Ile Asp Tyr Val Asn Gly Asn Pro Leu Ala Leu Ser | |
| | 355 360 365 | |
| 15 | Ile Tyr Gly Arg Glu Leu Met Gly Lys Lys Ser Glu Met Glu Thr Ala | |
| | 370 375 380 | |
| 20 | 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 | |
| 25 | Asp Ile Ala Phe Phe Phe Lys Gly Glu Thr Val Asn Tyr Val Met Gln | |
| | 420 425 430 | |
| 30 | Leu Leu Glu Glu Ser His Tyr Phe Pro Arg Leu Ala Ile Asp Val Leu | |
| | 435 440 445 | |
| 35 | Val Asp Lys Cys Val Leu Thr Ile Ser Glu Asn Thr Val Gln Met Asn | |
| | 450 455 460 | |
| 40 | 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 | |
| 45 | Tyr Asp Glu Leu Glu Gly Ser Gly Glu Thr Lys Ala Met Pro Lys Ser | |
| | 500 505 510 | |
| 50 | Gly Leu Val Ala Glu His Ile Glu Ser Ile Phe Leu Asp Thr Ser Asn | |
| | 515 520 525 | |
| 55 | Val Lys Phe Asp Val Lys His Asp Ala Phe Lys Asn Met Phe Asn Leu | |
| | 530 535 540 | |
| 60 | 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 |
| 5 | His Trp Glu Asn Tyr Pro Leu Gln Ser Leu Pro Gln Asp Phe Asp Phe |
| | 580 585 590 |
| 10 | Gly His Leu Val Lys Leu Ser Met Pro Tyr Ser Gln Leu His Lys Leu |
| | 595 600 605 |
| 15 | Gly Thr Arg Val Lys Asp Leu Val Met Leu Lys Arg Leu Ile Leu Ser |
| | 610 615 620 |
| 20 | 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 |
| 25 | Asp Thr Ser Gln Leu Gln Asn Leu Arg Val Val Asn Leu Ser Gly Cys |
| | 660 665 670 |
| 30 | Thr Glu Ile Lys Cys Phe Ser Gly Val Pro Pro Asn Ile Glu Glu Leu |
| | 675 680 685 |
| 35 | His Leu Gln Gly Thr Arg Ile Arg Glu Ile Pro Ile Phe Asn Ala Thr |
| | 690 695 700 |
| 40 | 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 |
| 45 | Leu Ala Thr Val Thr Ser Asn Asn His Val Met Gly Lys Leu Val Cys |
| | 740 745 750 |
| 50 | Leu Asn Met Lys Tyr Cys Ser Asn Leu Arg Gly Leu Pro Asp Met Val |
| | 755 760 765 |
| 55 | Ser Leu Glu Ser Leu Lys Val Leu Tyr Leu Ser Gly Cys Ser Glu Leu |
| | 770 775 780 |
| 60 | 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 |
| 5 | Leu Asn Ala His Gly Cys Lys His Leu Lys Ser Ile Asn Leu Asp Phe |
| | 820 825 830 |
| 10 | Glu Gln Leu Pro Arg His Phe Ile Phe Ser Asn Cys Tyr Arg Phe Ser |
| | 835 840 845 |
| 15 | Ser Gln Val Ile Ala Glu Phe Val Glu Lys Gly Leu Val Ala Ser Leu |
| | 850 855 860 |
| 20 | 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 |
| 25 | Gly Arg Asn Ala Met Thr Asp Leu Val Pro Trp Met Gln Lys Pro Ile |
| | 900 905 910 |
| 30 | Ser Gly Phe Ser Met Ser Val Val Val Ser Phe Gln Asp Asp Tyr His |
| | 915 920 925 |
| 35 | Asn Asp Val Gly Leu Arg Ile Arg Cys Val Gly Thr Trp Lys Thr Trp |
| | 930 935 940 |
| 40 | 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 |
| 45 | Asp Thr Lys Met His Pro Ser Asp Ser Glu Glu Asn His Ile Ser Met |
| | 980 985 990 |
| 50 | Trp Ala His Glu Val Lys Phe Glu Phe His Thr Val Ser Gly Glu Asn |
| | 995 1000 1005 |
| 55 | Asn Pro Leu Gly Ala Ser Cys Lys Val Thr Glu Cys Gly Val Glu |
| | 1010 1015 1020 |
| 60 | 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 Ile | Glu Lys | Glu Asp | Thr Ile |
| | 1040 | | 1045 | | | 1050 | | |
| 5 | Ile Asp | Glu Glu | Asp Thr | Pro Leu | Leu Ser | Arg Lys | Pro Glu | Glu |
| | 1055 | | 1060 | | | 1065 | | |
| 10 | Thr Asn | Arg Ser | Arg Ser | Ser Ser | Ser Glu | Leu Gln | Lys Leu | Ser Ser |
| | 1070 | | 1075 | | | 1080 | | |
| 15 | Thr Ser | Ser Lys | Val Arg | Ser Lys | Gly Asn | Val Phe | Trp Lys | Trp |
| | 1085 | | 1090 | | | 1095 | | |
| 20 | 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 | | |
| 25 | Glu Arg | Glu Lys | Leu Glu | Asp Thr | Arg Glu | Leu Gln | Ile Ala | Leu |
| | 1130 | | 1135 | | | 1140 | | |
| 30 | Ile Glu | Ser Lys | Lys Ile | Lys Lys | Ile Lys | Gln Ala | Asp Glu | Arg |
| | 1145 | | 1150 | | | 1155 | | |
| 35 | Asp Gln | Ile Lys | His Ala | Asp Glu | Arg Glu | Gln Arg | Lys His | Ser |
| | 1160 | | 1165 | | | 1170 | | |
| 40 | 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 | | |
| 45 | Gly Lys | Gly Lys | Arg Lys | Gln Leu | Asp Asp | Asp Lys | Ala Asp | Glu |
| | 1205 | | 1210 | | | 1215 | | |
| 50 | Lys Glu | Gln Ile | Lys His | Ser Lys | Asp His | Val Glu | Glu Glu | Val |
| | 1220 | | 1225 | | | 1230 | | |
| 55 | Asn Pro | Pro Leu | Ser Lys | Cys Lys | Asp Cys | Lys Ser | Ala Ile | Glu |
| | 1235 | | 1240 | | | 1245 | | |
| 60 | 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 | | | | |
| 5 | Ile Ser | Asp Leu | Arg Gly | Met | Tyr His | Lys Pro | Cys | Tyr Lys | Glu |
| | 1280 | | 1285 | | 1290 | | | | |
| 10 | Leu Arg | His Pro | Asn Cys | Tyr | Val Cys | Glu Lys | Lys | Ile Pro | Arg |
| | 1295 | | 1300 | | 1305 | | | | |
| 15 | Thr Ala | Glu Gly | Leu Lys | Tyr | His Glu | His Pro | Phe | Trp Met | Glu |
| | 1310 | | 1315 | | 1320 | | | | |
| 20 | Thr Tyr | Cys Pro | Ser His | Asp | Gly Asp | Gly Thr | Pro | Lys Cys | Cys |
| | 1325 | | 1330 | | 1335 | | | | |
| 25 | Ser Cys | Glu Arg | Leu Glu | His | Cys Gly | Thr Gln | Tyr | Val Met | Leu |
| | 1340 | | 1345 | | 1350 | | | | |
| 30 | Ala Asp | Phe Arg | Trp Leu | Cys | Arg Glu | Cys Met | Asp | Ser Ala | Ile |
| | 1355 | | 1360 | | 1365 | | | | |
| 35 | Met Asp | Ser Asp | Glu Cys | Gln | Pro Leu | His Phe | Glu | Ile Arg | Glu |
| | 1370 | | 1375 | | 1380 | | | | |
| 40 | Phe Phe | Glu Gly | Leu His | Met | Lys Ile | Glu Glu | Glu | Phe Pro | Val |
| | 1385 | | 1390 | | 1395 | | | | |
| 45 | Tyr Leu | Val Glu | Lys Asn | Ala | Leu Asn | Lys Ala | Glu | Lys Glu | Glu |
| | 1400 | | 1405 | | 1410 | | | | |
| 50 | Lys Ile | Asp Lys | Gln Gly | Asp | Gln Cys | Leu Met | Val | Val Arg | Gly |
| | 1415 | | 1420 | | 1425 | | | | |
| 55 | Ile Cys | Leu Ser | Glu Glu | Gln | Ile Val | Thr Ser | Val | Ser Gln | Gly |
| | 1430 | | 1435 | | 1440 | | | | |
| 60 | Val Arg | Arg Met | Leu Asn | Lys | Gln Ile | Leu Asp | Thr | Val Thr | Glu |
| | 1445 | | 1450 | | 1455 | | | | |
| 65 | Ser Gln | Arg Val | Val Arg | Lys | Cys Glu | Val Thr | Ala | Ile Leu | Ile |
| | 1460 | | 1465 | | 1470 | | | | |
| 70 | 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
 5
 Asn Met Val Leu Glu Glu Gly Leu Cys Gln Val Leu Gly Tyr Met
 1505 1510 1515
 10
 Trp Leu Glu Cys Gln Thr Tyr Val Phe Asp Thr Ala Thr Ile Ala
 1520 1525 1530
 15
 Ser Ser Ser Ser Ser Arg Thr Pro Leu Ser Thr Thr Thr Ser
 1535 1540 1545
 20
 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
 25
 Gly Phe Arg Lys Val Asn Lys Met Met Ala Ser Asn Asn His Ser
 1580 1585 1590
 30
 Leu Lys Asp Thr Leu Lys Glu Ile Ile Ser Ile Ser Lys Thr Pro
 1595 1600 1605
 35
 Gln Tyr Ser Lys Leu
 1610
 <210> 24
 <211> 450
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 <400> 24
 45
 Met Val Arg Arg Lys Arg Gln Glu Glu Asp Glu Lys Ile Glu Ile Glu
 1 5 10 15
 50
 Arg Val Lys Glu Glu Ser Leu Lys Leu Ala Lys Gln Ala Glu Glu Lys
 20 25 30
 55
 Arg Arg Leu Glu Glu Ser Lys Glu Gln Gly Lys Arg Ile Gln Val Asp
 35 40 45
 60
 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 | |
| 5 | Asp Gly Lys Ser Glu Ile Gly Asp Gly Thr Ser Val Asn Pro Arg Cys | |
| | 85 90 95 | |
| 10 | Leu Cys Cys Phe His Cys His Arg Pro Phe Val Met His Glu Ile Leu | |
| | 100 105 110 | |
| 15 | Lys Lys Gly Lys Phe His Ile Asp Cys Tyr Lys Glu Tyr Tyr Arg Asn | |
| | 115 120 125 | |
| 20 | Arg Asn Cys Tyr Val Cys Gln Gln Lys Ile Pro Val Asn Ala Glu Gly | |
| | 130 135 140 | |
| 25 | Ile Arg Lys Phe Ser Glu His Pro Phe Trp Lys Glu Lys Tyr Cys Pro | |
| | 145 150 155 160 | |
| 30 | Ile His Asp Glu Asp Gly Thr Ala Lys Cys Cys Ser Cys Glu Arg Leu | |
| | 165 170 175 | |
| 35 | Glu Pro Arg Gly Thr Asn Tyr Val Met Leu Gly Asp Phe Arg Trp Leu | |
| | 180 185 190 | |
| 40 | Cys Ile Glu Cys Met Gly Ser Ala Val Met Asp Thr Asn Glu Val Gln | |
| | 195 200 205 | |
| 45 | Pro Leu His Phe Glu Ile Arg Glu Phe Phe Glu Gly Leu Phe Leu Lys | |
| | 210 215 220 | |
| 50 | Val Asp Lys Glu Phe Ala Leu Leu Leu Val Glu Lys Gln Ala Leu Asn | |
| | 225 230 235 240 | |
| 55 | Lys Ala Glu Glu Glu Glu Lys Ile Asp Tyr His Arg Ala Ala Val Thr | |
| | 245 250 255 | |
| 60 | 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

 5 Met His Ala Trp Leu Arg Leu Asn Gly Tyr Lys Asn Leu Lys Leu Glu
 325 330 335

 10 Leu Glu Glu Gly Leu Cys Gln Ala Leu Gly Leu Arg Trp Leu Glu Ser
 340 345 350

 15 Gln Thr Phe Ala Ser Thr Asp 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

 20 Lys Lys Ser Asp Asp Trp Ser Ile Phe Glu Lys Lys Leu Val Glu Phe
 385 390 395 400

 25 Cys Met Asn Gln Ile Lys Glu Asp Asp Ser Pro Val Tyr Gly Leu Gly
 405 410 415

 30 Phe Lys Gln Val Tyr Glu Met Met Val Ser Asn Asn Tyr Asn Ile Lys
 420 425 430

 35 Asp Thr Leu Lys Asp Ile Val Ser Ala Ser Asn Ala Thr Pro Asp Ser
 435 440 445

 Thr Val
 450

 40 <210> 25
 <211> 702
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

 45 <400> 25

 Met Pro Ile Ser Asp Val Ala Ser Leu Val Gly Gly Ala Ala Leu Gly
 1 5 10 15

 50 Ala Pro Leu Ser Glu Ile Phe Lys Leu Val Ile Glu Glu Ala Lys Lys
 20 25 30

 55 Val Lys Asp Phe Lys Pro Leu Ser Gln Asp Leu Ala Ser Thr Met Glu
 35 40 45

 60 Arg Leu Val Pro Ile Phe Asn Glu Ile Asp Met Met Gln Gln Gly Ser

| | 50 | 55 | 60 |
|----|---|---------|---------|
| 5 | Asn Arg Gly Thr Ser Glu Leu Lys Val Leu Thr Glu Thr Met Glu Arg | | |
| | 65 | 70 | 75 80 |
| 10 | Ala Gly Glu Met Val His Lys Cys Ser Arg Ile Gln Trp Tyr Ser Ile | | |
| | | 85 90 | 95 |
| 15 | Ala Lys Lys Ala Leu Tyr Thr Arg Glu Ile Lys Ala Ile Asn Gln Asp | | |
| | 100 | 105 | 110 |
| 20 | Phe Leu Lys Phe Cys Gln Ile Glu Leu Gln Leu Ile Gln His Arg Asn | | |
| | 115 | 120 | 125 |
| 25 | Gln Leu Gln Tyr Met Arg Ser Met Gly Met Ala Ser Val Ser Thr Lys | | |
| | 130 | 135 | 140 |
| 30 | Ala Asp Leu Leu Ser Asp Ile Gly Asn Glu Phe Ser Lys Leu Cys Leu | | |
| | 145 | 150 | 155 160 |
| 35 | Val Ala Gln Pro Glu Val Val Thr Lys Phe Trp Leu Lys Arg Pro Leu | | |
| | | 165 170 | 175 |
| 40 | Met Glu Leu Lys Lys Met Leu Phe Glu Asp Gly Val Val Thr Val Val | | |
| | 180 | 185 | 190 |
| 45 | Val Ser Ala Pro Tyr Ala Leu Gly Lys Thr Thr Leu Val Thr Lys Leu | | |
| | 195 | 200 | 205 |
| 50 | Cys His Asp Ala Asp Val Lys Glu Lys Phe Lys Gln Ile Phe Phe Ile | | |
| | 210 | 215 | 220 |
| 55 | Ser Val Ser Lys Phe Pro Asn Val Arg Leu Ile Gly His Lys Leu Leu | | |
| | 225 | 230 | 235 240 |
| 60 | Glu His Ile Gly Cys Lys Ala Asn Glu Tyr Glu Asn Asp Leu Asp Ala | | |
| | | 245 250 | 255 |
| 65 | Met Leu Tyr Ile Gln Gln Leu Leu Lys Gln Leu Gly Arg Asn Gly Ser | | |
| | 260 | 265 | 270 |
| 70 | Ile Leu Leu Val Leu Asp Asp Val Trp Ala Glu Glu Glu Ser Leu Leu | | |
| | 275 | 280 | 285 |
| 75 | Gln Lys Phe Leu Ile Gln Leu Pro Asp Tyr Lys Ile Leu Val Thr Ser | | |

| | 290 | 295 | 300 |
|----|---|---------|---------|
| 5 | Arg Phe Glu Phe Thr Ser Phe Gly Pro Thr Phe His Leu Lys Pro Leu | | |
| | 305 | 310 | 315 320 |
| 10 | Ile Asp Asp Glu Val Glu Cys Arg Asp Glu Ile Glu Glu Asn Glu Lys | | |
| | | 325 330 | 335 |
| 15 | Leu Pro Glu Val Asn Pro Pro Leu Ser Met Cys Gly Gly Cys Asn Ser | | |
| | | 340 345 | 350 |
| 20 | Ala Val Lys His Glu Glu Ser Val Asn Ile Leu Gly Val Leu Trp His | | |
| | | 355 360 | 365 |
| 25 | Pro Gly Cys Phe Cys Cys Arg Ser Cys Asp Lys Pro Ile Ala Ile His | | |
| | | 370 375 | 380 |
| 30 | Glu Leu Glu Asn His Val Ser Asn Ser Arg Gly Lys Phe His Lys Ser | | |
| | | 385 390 | 395 400 |
| 35 | Cys Tyr Glu Arg Tyr Cys Tyr Val Cys Lys Glu Lys Lys Met Lys Thr | | |
| | | 405 410 | 415 |
| 40 | Tyr Asn Ile His Pro Phe Trp Glu Glu Arg Tyr Cys Pro Val His Glu | | |
| | | 420 425 | 430 |
| 45 | Ala Asp Gly Thr Pro Lys Cys Cys Ser Cys Glu Arg Leu Glu Pro Arg | | |
| | | 435 440 | 445 |
| 50 | Gly Thr Lys Tyr Gly Lys Leu Ser Asp Gly Arg Trp Leu Cys Leu Glu | | |
| | | 450 455 | 460 |
| 55 | Cys Gly Lys Ser Ala Met Asp Ser Asp Glu Cys Gln Pro Leu Tyr Phe | | |
| | | 465 470 | 475 480 |
| 60 | 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 |
| 5 | Asn Lys Gln Leu Ile Asp Met Asp Thr Glu Pro Gln Gly Val Val His | | |
| | 545 | 550 | 555 560 |
| 10 | Glu Cys Lys Val Thr Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Pro Arg Leu | | |
| | 565 | 570 | 575 |
| 15 | Leu Thr Gly Tyr Ile Leu Ala His Glu Met Met His Ala Trp Leu Arg | | |
| | 580 | 585 | 590 |
| 20 | Leu Asn Gly His Met Asn Leu Asn Asn Ile Leu Glu Glu Gly Ile Cys | | |
| | 595 | 600 | 605 |
| 25 | Gln Val Leu Gly His Leu Trp Leu Glu Ser Gln Thr Tyr Ala Thr Ala | | |
| | 610 | 615 | 620 |
| 30 | Asp Thr Thr Ala Asp Ala Ala Ser Ala Ser Ser Ser Ser Ser Arg Thr | | |
| | 625 | 630 | 635 640 |
| 35 | Pro Pro Ala Ala Ser Ala Ser Lys Lys Gly Glu Trp Ser Asp Phe Asp | | |
| | 645 | 650 | 655 |
| 40 | Lys Lys Leu Val Glu Phe Cys Lys Asn Gln Ile Glu Thr Asp Glu Ser | | |
| | 660 | 665 | 670 |
| 45 | Pro Val Tyr Gly Leu Gly Phe Arg Thr Val Asn Glu Met Val Thr Asn | | |
| | 675 | 680 | 685 |
| 50 | Ser Ser Leu Gln Glu Thr Leu Lys Glu Ile Leu Arg Arg Arg | | |
| | 690 | 695 | 700 |
| 55 | <210> 26 | | |
| | <211> 644 | | |
| | <212> PRT | | |
| | <213> Arabidopsis thaliana | | |
| 60 | <400> 26 | | |
| | Met Ala Ser Asp Tyr Tyr Ser Ser Asp Asp Glu Gly Phe Gly Glu Lys | | |
| | 1 | 5 | 10 15 |
| 65 | Val Gly Leu Ile Gly Glu Lys Asp Arg Phe Glu Ala Glu Thr Ile His | | |
| | 20 | 25 | 30 |
| 70 | 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
 5
 Glu Ala Glu Gln Leu Asp Leu Ala Ile Gln Glu Phe Ser Arg Gln Glu
 65 70 75 80
 10
 Glu Glu Glu Glu Arg Arg Arg Thr Arg Glu Leu Glu Asn Asp Ala Gln
 85 90 95
 15
 Ile Ala Asn Val Leu Gln His Glu Glu Arg Glu Arg Leu Ile Asn Lys
 100 105 110
 20
 Lys Thr Ala Leu Glu Asp Glu Glu Asp Glu Leu Leu Ala Arg Thr Leu
 115 120 125
 25
 Glu Glu Ser Leu Lys Glu Asn Asn Arg Arg Lys Met Phe Glu Glu Gln
 130 135 140
 30
 Val Asn Lys Asp Glu Gln Leu Ala Leu Ile Val Gln Glu Ser Leu Asn
 145 150 155 160
 35
 Met Glu Glu Tyr Pro Ile Arg Leu Glu Glu Tyr Lys Ser Ile Ser Arg
 165 170 175
 40
 Arg Ala Pro Leu Asp Val Asp Glu Gln Phe Ala Lys Ala Val Lys Glu
 180 185 190
 45
 Ser Leu Lys Asn Lys Gly Lys Gly Lys Gln Phe Glu Asp Glu Gln Val
 195 200 205
 50
 Lys Lys Asp Glu Gln Leu Ala Leu Ile Val Gln Glu Ser Leu Asn Met
 210 215 220
 55
 Val Glu Ser Pro Pro Arg Leu Glu Glu Asn Asn Asn Ile Ser Thr Arg
 225 230 235 240
 60
 Ala Pro Val Asp Glu Asp Glu Gln Leu Ala Lys Ala Val Glu Glu Ser
 245 250 255
 65
 Leu Lys Gly Lys Gly Gln Ile Lys Gln Ser Lys Asp Glu Val Glu Gly
 260 265 270
 70
 Asp Gly Met Leu Leu Glu Leu Asn Pro Pro Pro Ser Leu Cys Gly Gly
 275 280 285

5 Cys Asn Phe Ala Val Glu His Gly Gly Ser Val Asn Ile Leu Gly Val
 290 295 300
 10 Leu Trp His Pro Gly Cys Phe Cys Cys Arg Ala Cys His Lys Pro Ile
 305 310 315 320
 15 Ala Ile His Asp Ile Glu Asn His Val Ser Asn Ser Arg Gly Lys Phe
 325 330 335
 20 Met Lys Thr Tyr Asn Asn His Pro Phe Trp Glu Glu Arg Tyr Cys Pro
 355 360 365
 25 Val His Glu Ala Asp Gly Thr Pro Lys Cys Cys Ser Cys Glu Arg Leu
 370 375 380
 30 Glu Pro Arg Glu Ser Asn Tyr Val Met Leu Ala Asp Gly Arg Trp Leu
 385 390 395 400
 35 Cys Leu Glu Cys Met Asn Ser Ala Val Met Asp Ser Asp Glu Cys Gln
 405 410 415
 40 Pro Leu His Phe Asp Met Arg Asp Phe Phe Glu Gly Leu Asn Met Lys
 420 425 430
 45 Ile Glu Lys Glu Phe Pro Phe Leu Leu Val Glu Lys Gln Ala Leu Asn
 435 440 445
 50 Lys Ala Glu Lys Glu Glu Lys Ile Asp Tyr Gln Tyr Glu Val Val Thr
 450 455 460
 55 Arg Gly Ile Cys Leu Ser Glu Glu Gln Ile Val Asp Ser Val Ser Gln
 465 470 475 480
 60 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

5 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
 10 Gln Thr Tyr Ala Thr Ala Asp Ala Thr Ala Asp Ala Ser Ser Ser Ala
 565 570 575
 15 Ser Ser Ser Ser Arg Thr Pro Pro Ala Ala Ser Ala Ser Lys Lys Gly
 580 585 590
 20 Glu Trp Ser Asp Phe Asp Lys Lys Leu Val Glu Phe Cys Lys Asn Gln
 595 600 605
 25 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
 30 Leu Arg Gln Arg
 35 <210> 27
 <211> 587
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 40 <400> 27
 Met Trp Cys Leu Ser Cys Phe Lys Pro Ser Thr Lys His Asp Pro Ser
 1 5 10 15
 45 Glu Asp Arg Phe Glu Glu Glu Thr Asn Ile Val Thr Gly Ile Ser Leu
 20 25 30
 50 Tyr Glu Asp Val Ile Leu Arg Gln Arg Arg Ser Glu Ala Asp Gln Ile
 35 40 45
 55 Glu Trp Ala Ile Gln Asp Ser Phe Asn Pro Gln Glu Thr Ser Arg Cys
 50 55 60
 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 | |
| 5 | Leu Ser Lys Ile Val Glu Glu Ser Leu Lys Glu Lys Gly Lys Ser Lys | |
| | 100 105 110 | |
| 10 | Gln Phe Glu Asp Asp Gln Val Glu Asn Asp Glu Gln Gln Ala Leu Met | |
| | 115 120 125 | |
| 15 | Val Gln Glu Ser Leu Tyr Met Val Glu Leu Ser Ala Gln Leu Glu Glu | |
| | 130 135 140 | |
| 20 | Asp Lys Asn Ile Ser Thr Ile Pro Pro Leu Asn Glu Asp Ala Gln Leu | |
| | 145 150 155 160 | |
| 25 | Gln Lys Val Ile Trp Glu Ser Ala Lys Gly Lys Gly Gln Ile Glu His | |
| | 165 170 175 | |
| 30 | Phe Lys Asp Pro Val Glu Glu Asp Gly Asn Leu Pro Arg Val Asp Leu | |
| | 180 185 190 | |
| 35 | Asn Val Asn His Pro His Ser Ile Cys Asp Gly Cys Lys Ser Ala Ile | |
| | 195 200 205 | |
| 40 | Glu Tyr Gly Arg Ser Val His Ala Leu Gly Val Asn Trp His Pro Glu | |
| | 210 215 220 | |
| 45 | Cys Phe Cys Cys Arg Tyr Cys Asp Lys Pro Ile Ala Met His Glu Phe | |
| | 225 230 235 240 | |
| 50 | Ser Asn Thr Lys Gly Arg Cys His Ile Thr Cys Tyr Glu Arg Ser His | |
| | 245 250 255 | |
| 55 | Pro Asn Cys His Val Cys Lys Lys Lys Phe Pro Gly Arg Lys Tyr Lys | |
| | 260 265 270 | |
| 60 | 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 |
| 5 | Ile Arg Glu Phe Phe Gly Ser Leu Asn Met Lys Val Glu Lys Glu Phe |
| | 340 345 350 |
| 10 | Pro Leu Leu Leu Val Glu Lys Glu Ala Leu Lys Lys Ala Glu Ala Gln |
| | 355 360 365 |
| 15 | Glu Lys Ile Asp Asn Gln His Gly Val Val Thr Arg Gly Ile Cys Leu |
| | 370 375 380 |
| 20 | Ser Glu Gly Gln Ile Val Asn Ser Val Phe Lys Lys Pro Thr Met Gly |
| | 385 390 395 400 |
| 25 | Pro Asn Gly Glu Leu Val Ser Leu Gly Thr Glu Pro Gln Lys Val Val |
| | 405 410 415 |
| 30 | Gly Gly Cys Glu Val Thr Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Pro Arg |
| | 420 425 430 |
| 35 | Leu Leu Thr Gly Tyr Ile Leu Ala His Glu Met Met His Ala Trp Leu |
| | 435 440 445 |
| 40 | Arg Leu Asn Gly Thr Thr Ser Thr Gln Phe Val Phe Ala Asn Gln Tyr |
| | 450 455 460 |
| 45 | Gly Glu Ser Ser Gln Leu Lys Val Leu Phe Gly Leu Ile Thr Gly Tyr |
| | 465 470 475 480 |
| 50 | Arg Asn Leu Lys Leu Glu Leu Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Leu Gly |
| | 485 490 495 |
| 55 | His Met Trp Leu Glu Ser Gln Thr Tyr Ser Ser Ser Ala Ala Ala Ser |
| | 500 505 510 |
| 60 | 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

5

Ile Gln His Trp Thr Lys Pro Asp Ser Asn Leu
580 585

10

<210> 28
<211> 73
<212> PRT
<213> Штучна послідовність

15

<220>
<223> Синтетична послідовність: LIM-подібний домен

20

<220>
<221> ВАРИАНТ
<222> (2)..(3)
<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

25

<220>
<221> ВАРИАНТ
<222> (5)..(27)
<223> Хаа у положеннях 5 - 27 являє собою будь-яку амінокислоту, та до семи з них можуть бути відсутніми; являє собою діапазон 16 - 23 амінокислот.

30

<220>
<221> ВАРИАНТ
<222> (29)..(35)
<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

35

<220>
<221> ВАРИАНТ
<222> (37)..(38)
<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

40

<220>
<221> ВАРИАНТ
<222> (40)..(46)
<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

45

<220>
<221> ВАРИАНТ
<222> (48)..(49)
<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

50

<220>
<221> ВАРИАНТ
<222> (51)..(69)
<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

55

<220>
<221> ВАРИАНТ
<222> (71)..(72)
<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

60

<400> 28

Cys Xaa Xaa Cys Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
1 5 10 15

5 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa His Xaa Xaa Xaa Xaa
20 25 30

10 Xaa Xaa Xaa Cys Xaa Xaa His Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Cys Xaa
35 40 45

15 Xaa Cys Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
50 55 60

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Cys Xaa Xaa Cys
65 70

20 <210> 29
<211> 73
<212> PRT
<213> Штучна послідовність

25 <220>
<223> Синтетична послідовність: LIM-подібний домен

30 <220>
<221> ВАРИАНТ
<222> (2)..(2)
<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

35 <220>
<221> ВАРИАНТ
<222> (5)..(27)
<223> Хаа у положеннях 5 - 27 являє собою будь-яку амінокислоту, та до семи з них можуть бути відсутніми; являє собою діапазон 16 - 23 амінокислот.

40 <220>
<221> ВАРИАНТ
<222> (32)..(34)
<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

45 <220>
<221> ВАРИАНТ
<222> (38)..(38)
<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

50 <220>
<221> ВАРИАНТ
<222> (40)..(46)
<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

55 <220>
<221> ВАРИАНТ
<222> (53)..(53)
<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

60

<220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (55)..(59)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
 5
 <220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (61)..(62)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
 10
 <220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (64)..(64)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
 15
 <220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (66)..(66)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
 20
 <220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (68)..(68)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
 25
 <220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (71)..(72)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
 30
 <400> 29
 Cys Xaa Val Cys Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 1 5 10 15
 35
 Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa His Pro Phe Trp Xaa
 20 25 30
 40
 Xaa Xaa Tyr Cys Pro Xaa His Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Cys Cys
 35 40 45
 45
 Ser Cys Glu Arg Xaa Glu Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Tyr Xaa Xaa Leu Xaa
 50 55 60
 50
 Asp Xaa Arg Xaa Leu Cys Xaa Xaa Cys
 65 70
 55
 <210> 30
 <211> 66
 <212> PRT
 <213> Штучна послідовність
 60
 <220>
 <223> Синтетична послідовність: LIM-подібний домен

| | |
|----|--|
| | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (2)..(2) |
| 5 | <223> Хаа являє собою Asp, Glu, Tyr або His |
| | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (5)..(6) |
| 10 | <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту |
| | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (7)..(7) |
| 15 | <223> Хаа являє собою Phe або Lys |
| | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (8)..(8) |
| 20 | <223> Хаа являє собою Ile, Lys або Phe |
| | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (9)..(9) |
| 25 | <223> Може бути присутнім або відсутнім. У випадку наявності, Хаа являє собою Pro або Ser |
| | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (10)..(10) |
| 30 | <223> Може бути присутнім або відсутнім. У випадку наявності, Хаа являє собою Thr, Arg або Val |
| | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (11)..(11) |
| 35 | <223> Може бути присутнім або відсутнім. У випадку наявності, Хаа являє собою Asn або Thr |
| | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (12)..(13) |
| 40 | <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту |
| | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (14)..(14) |
| 45 | <223> Може бути присутнім або відсутнім. У випадку наявності, Хаа являє собою Gly |
| | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (15)..(15) |
| 50 | <223> Хаа являє собою Leu, Ile, Met або Gly |
| | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (16)..(16) |
| 55 | <223> Хаа являє собою Arg, Lys або Ile |
| | <220> |
| 60 | <221> ВАРИАНТ |

| | |
|----|--|
| | <222> (17)..(17) |
| | <223> Хаа являє собою Glu, Gly, Lys або Thr |
| 5 | <220> <221> ВАРИАНТ <222> (18)..(18) <223> Хаа являє собою Tyr або Phe |
| 10 | <220> <221> ВАРИАНТ <222> (19)..(19) <223> Хаа являє собою Arg, His, Ser, Asn або Lys |
| 15 | <220> <221> ВАРИАНТ <222> (20)..(20) <223> Хаа являє собою Ala, Cys, Glu, Ile або Asn |
| 20 | <220> <221> ВАРИАНТ <222> (25) <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту |
| 25 | <220> <221> ВАРИАНТ <222> (26)..(26) <223> Хаа являє собою Gln або Glu |
| 30 | <220> <221> ВАРИАНТ <222> (27)..(27) <223> Хаа являє собою Lys, Thr або Arg |
| 35 | <220> <221> ВАРИАНТ <222> (31)..(31) <223> Хаа являє собою Phe, Val, Ile, Ser або Thr |
| 40 | <220> <221> ВАРИАНТ <222> (33)..(33) <223> Хаа являє собою Glu або Asp |
| 45 | <220> <221> ВАРИАНТ <222> (34)..(34) <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту |
| 50 | <220> <221> ВАРИАНТ <222> (36)..(36) <223> Хаа являє собою Gly, Lys, Arg, Ser або Ala |
| 55 | <220> <221> ВАРИАНТ <222> (38)..(38) <223> Хаа являє собою Pro, Thr або Ala |
| 60 | <220> <221> ВАРИАНТ |

<222> (39)..(39)
 <223> Хаа являє собою Arg або Lys

5 <220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (46)..(46)
 <223> Хаа являє собою Met або Leu

10 <220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (48)..(48)
 <223> Хаа являє собою Pro, Ser або His

15 <220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (49)..(52)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

20 <220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (54)..(55)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

25 <220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (57)..(57)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

30 <220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (59)..(59)
 <223> Хаа являє собою Gly, Phe або Asn

35 <220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (61)..(61)
 <223> Хаа являє собою Arg, Lys, Ser або Trp

40 <220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (64)..(64)
 <223> Хаа являє собою Leu, Arg або Val

45 <220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (65)..(65)
 <223> Хаа являє собою Glu або Lys

50 <400> 30
 Cys Xaa Val Cys Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
 1 5 10 15

55 Xaa Xaa Xaa Xaa His Pro Phe Trp Xaa Xaa Xaa Tyr Cys Pro Xaa His
 20 25 30

60 Xaa Xaa Asp Xaa Thr Xaa Xaa Cys Cys Ser Cys Glu Arg Xaa Glu Xaa
 35 40 45

Xaa Xaa Xaa Xaa Tyr Xaa Xaa Leu Xaa Asp Xaa Arg Xaa Leu Cys Xaa
 50 55 60
 5

Xaa Cys
 65
 10

<210> 31
 <211> 66
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 15

<400> 31
 Cys Asp Val Cys Ser His Phe Ile Pro Thr Asn His Ala Gly Leu Ile
 1 5 10 15
 20

Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Val Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His
 20 25 30
 25

Glu His Asp Ala Thr Pro Arg Cys Cys Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro
 35 40 45
 30

Arg Asn Thr Arg Tyr Val Glu Leu Asn Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu
 50 55 60
 35

Glu Cys
 65
 40

<210> 32
 <211> 5
 <212> PRT
 <213> Штучна послідовність
 <220>
 <223> Синтетична послідовність: мотив активного сайту металопептидази
 45

<400> 32
 His Glu Met Met His
 1 5
 50

<210> 33
 <211> 19
 <212> PRT
 <213> Штучна послідовність
 55

<220>
 <223> Синтетична послідовність: мотив карбоксикінцевої області
 60

<220>

<221> ВАРИАНТ
 <222> (3)..(10)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

5

<220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (12)..(15)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

10

<400> 33

Glu Lys Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Arg Xaa Xaa Xaa Xaa Ser
 1 5 10 15

15

Glu Glu Gln

20

<210> 34
 <211> 18
 <212> PRT
 <213> Штучна послідовність

25

<220>
 <223> Синтетична послідовність: мотив карбоксикінцевої області
 <220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (3)..(10)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

30

<220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (12)..(15)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

35

<400> 34

Glu Lys Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Arg Xaa Xaa Xaa Xaa Ser
 1 5 10 15

40

Glu Gln

45

<210> 35
 <211> 21
 <212> PRT
 <213> Штучна послідовність

50

<220>
 <223> Синтетична послідовність: домен UIM1

55

<220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (1)..(1)
 <223> Хаа являє собою залишок полярної амінокислоти, наприклад, Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr

60

| | |
|----|---|
| | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (2)..(4) |
| 5 | <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту |
| | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (5)..(5) |
| 10 | <223> Хаа являє собою залишок полярної амінокислоти, наприклад Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr |
| | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (7)..(7) |
| 15 | <223> Хаа являє собою залишок полярної амінокислоти, наприклад Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr |
| | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (8)..(8) |
| 20 | <223> Хаа являє собою залишок великої амінокислоти, наприклад Glu, Phe, His, Ile, Lys, Met, Gln, Arg, Trp або Tyr |
| | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (10)..(10) |
| 25 | <223> Хаа являє собою залишок аліфатичної амінокислоти, наприклад Ile, Leu або Val |
| | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (11)..(11) |
| 30 | <223> Хаа являє собою залишок полярної амінокислоти, наприклад, Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr |
| 35 | |
| | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (12)..(12) |
| 40 | <223> Хаа являє собою залишок великої амінокислоти, наприклад Glu, Phe, His, Ile, Lys, Met, Gln, Arg, Trp або Tyr |
| | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (13)..(13) |
| 45 | <223> Може бути присутнім або відсутнім. У випадку наявності, Хаа являє собою будь-яку амінокислоту. |
| | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (15)..(15) |
| 50 | <223> Хаа являє собою залишок великої амінокислоти, наприклад Glu, Phe, His, Ile, Lys, Met, Gln, Arg, Trp або Tyr |
| | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (16)..(16) |
| 55 | <223> Хаа являє собою залишок полярної амінокислоти, наприклад Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr |
| 60 | <220> |

| | |
|----|---|
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (17)..(17) |
| | <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту |
| 5 | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (18)..(18) |
| | <223> Може бути присутнім або відсутнім. У випадку наявності, Хаа являє собою будь-яку амінокислоту. |
| 10 | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (19)..(21) |
| 15 | <223> Хаа являє собою залишок полярної амінокислоти, наприклад Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr |
| | <400> 35 |
| 20 | 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 |
| 25 | 20 |
| | <210> 36 |
| | <211> 21 |
| | <212> PRT |
| 30 | <213> Штучна послідовність |
| | <220> |
| | <223> Синтетична послідовність: домен UIM2 |
| 35 | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (1)..(1) |
| | <223> Хаа являє собою залишок полярної амінокислоти, наприклад Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr |
| 40 | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (2)..(4) |
| | <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту |
| 45 | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (5)..(5) |
| | <223> Хаа являє собою залишок полярної амінокислоти, наприклад, Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr |
| 50 | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (7)..(7) |
| 55 | <223> Хаа являє собою залишок полярної амінокислоти, наприклад, Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr |
| | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| 60 | <222> (8)..(8) |

| | |
|----|---|
| | <223> Хаа являє собою залишок великої амінокислоти, наприклад, Glu, Phe, His, Ile, Lys, Met, Gln, Arg, Trp або Tyr |
| 5 | <220> <221> ВАРИАНТ <222> (10)..(10) <223> Хаа являє собою залишок аліфатичної амінокислоти, наприклад, Ile, Leu або Val |
| 10 | <220> <221> ВАРИАНТ <222> (11)..(11) <223> Хаа являє собою залишок полярної амінокислоти, наприклад, Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr |
| 15 | <220> <221> ВАРИАНТ <222> (12)..(12) <223> Хаа являє собою залишок великої амінокислоти, наприклад, Glu, Phe, His, Ile, Lys, Met, Gln, Arg, Trp або Tyr |
| 20 | <220> <221> ВАРИАНТ <222> (13)..(13) <223> Може бути присутнім або відсутнім. У випадку наявності, Хаа являє собою будь-яку амінокислоту. |
| 25 | <220> <221> ВАРИАНТ <222> (13)..(13) <223> Може бути присутнім або відсутнім. У випадку наявності, Хаа являє собою будь-яку амінокислоту. |
| 30 | <220> <221> ВАРИАНТ <222> (15)..(15) <223> Хаа являє собою залишок великої амінокислоти, наприклад, Glu, Phe, His, Ile, Lys, Met, Gln, Arg, Trp або Tyr |
| 35 | <220> <221> ВАРИАНТ <222> (16)..(16) <223> Хаа являє собою залишок полярної амінокислоти, наприклад, Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr |
| 40 | <220> <221> ВАРИАНТ <222> (17)..(17) <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту |
| 45 | <220> <221> ВАРИАНТ <222> (18)..(18) <223> Хаа являє собою залишок невеликої амінокислоти, наприклад, Ala, Cys, Asp, Gly, Asn, Pro, Ser, Thr або Val |
| 50 | <220> <221> ВАРИАНТ <222> (19)..(21) <223> Хаа являє собою залишок полярної амінокислоти, наприклад, Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr |
| 55 | <220> <221> ВАРИАНТ <222> (19)..(21) <223> Хаа являє собою залишок полярної амінокислоти, наприклад, Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr |
| | <400> 36 |
| 60 | 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 |
| 5 | |
| | <210> 37 |
| | <211> 43 |
| | <212> PRT |
| 10 | <213> Штучна послідовність |
| | <220> |
| | <223> Синтетична послідовність: домен EOD рослин |
| 15 | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (1)..(1) |
| | <223> Хаа являє собою Glu або Lys |
| 20 | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (8)..(8) |
| | <223> Хаа являє собою Leu або Met |
| 25 | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (9)..(9) |
| | <223> Хаа являє собою Lys, Arg, Gly, Thr або Glu |
| 30 | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (11)..(11) |
| | <223> Хаа являє собою Lys або Arg |
| 35 | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (12)..(12) |
| | <223> Хаа являє собою Arg або Ile |
| 40 | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (13)..(13) |
| | <223> Хаа являє собою Gly або Lys |
| 45 | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (14)..(14) |
| | <223> Хаа являє собою Asp, Asn або Glu |
| 50 | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (15)..(15) |
| | <223> Хаа являє собою Arg, Gln, Lys або Leu |
| 55 | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (17)..(17) |
| | <223> Хаа являє собою Ile, Met або Val |
| 60 | <220> |

| | |
|----|--|
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (18)..(18) |
| | <223> Хаа являє собою Lys, Asn, Thr або Ala |
| 5 | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (20)..(20) |
| | <223> Хаа являє собою Leu або Pro |
| 10 | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (22)..(22) |
| | <223> Хаа являє собою Lys або Ser |
| 15 | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (24)..(24) |
| | <223> Хаа являє собою Val або Ala |
| 20 | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (27)..(27) |
| | <223> Хаа являє собою Ser, Thr, Gly або Ala |
| 25 | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (28)..(28) |
| | <223> Хаа являє собою Glu, Gln, Asp, Ser або Gly |
| 30 | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (30)..(30) |
| | <223> Хаа являє собою Ile, Gly, Thr або Val |
| 35 | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (31)..(31) |
| | <223> Хаа являє собою Ser або Thr |
| 40 | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (32)..(32) |
| | <223> Хаа являє собою Lys або Arg |
| 45 | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (35)..(35) |
| | <223> Хаа являє собою Gly, Thr або Ser |
| 50 | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (39)..(39) |
| | <223> Хаа являє собою Val, Ile, Ala або Lys |
| 55 | <220> |
| | <221> ВАРИАНТ |
| | <222> (42)..(42) |
| | <223> Хаа являє собою Val або Ile |
| 60 | <400> 37 |

Xaa Arg Cys Val Ile Cys Gln Xaa Xaa Tyr Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Gln
 1 5 10 15
 5
 Xaa Xaa Leu Xaa Cys Xaa His Xaa Tyr His Xaa Xaa Cys Xaa Xaa Xaa
 20 25 30
 10 Trp Leu Xaa Ile Asn Lys Xaa Cys Pro Xaa Cys
 35 40
 15 <210> 38
 <211> 203
 <212> PRT
 <213> Populus trichocarpa
 20 <400> 38
 Met Glu Val His Tyr Met Asn Thr Asp Phe Pro Tyr Thr Thr Thr Glu
 1 5 10 15
 25 Ser Phe Met Asp Phe Phe Glu Gly Leu Thr His Ala Pro Val Asn Tyr
 20 25 30
 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
 35 Tyr Tyr Ser Pro Tyr Glu Val Asn Asp Asn Leu Pro Arg Met Asp Val
 65 70 75 80
 40 Ser Arg Met Ala Trp Glu Tyr Pro Ser Val Val Ile Lys Ala Leu Trp
 85 90 95
 45 Gln Asp Asp Val Asp Pro Asp Thr Met Thr Tyr Glu Glu Leu Val Asp
 100 105 110
 50 Leu Gly Glu Thr Val Gly Thr Gln Ser Lys Gly Leu Ser Pro Glu Leu
 115 120 125
 55 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

60

Arg Gly Asp Lys Gln Ile Lys Leu Leu Cys Lys His Ala Tyr His Ser
165 170 175

5 Glu Cys Ile Thr Lys Trp Leu Gly Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys
180 185 190

10 Asn Asp Glu Val Phe Gly Glu Glu Ser Arg Asn
195 200

15 <210> 39
<211> 240
<212> PRT
<213> Ricinus communis

<400> 39

20 Met Glu Val His Tyr Ile Asn Thr Gly Phe Pro Tyr Thr Val Thr Glu
1 5 10 15

25 Ser Phe Leu Asp Phe Phe Glu Gly Leu Ser His Val Pro Val His Tyr
20 25 30

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

35 Thr Tyr Tyr Asp Pro Tyr Glu Val Asn Asp Asn Leu Pro Arg Met Asp
65 70 75 80

40 Val Ser Arg Ser Thr Trp Glu Tyr Pro Ser Val Val Asn Met Glu Glu
85 90 95

45 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

50 Pro Gln Gly Val Trp Gln Asp Asp Val Asp Pro Asp Asn Met Thr Tyr
130 135 140

55 Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu Thr Val Gly Thr Gln Ser Arg Gly
145 150 155 160

60 Leu Ser Gln Glu Leu Ile Ser Leu Leu Pro Thr Ser Lys Cys Lys Phe

| | | | |
|----|---|-----|-----|
| | 165 | 170 | 175 |
| 5 | Arg Ser Phe Phe Leu Arg Lys Lys Ala Gly Glu Arg Cys Val Ile Cys | | |
| | 180 | 185 | 190 |
| 10 | Gln Met Arg Tyr Lys Arg Gly Asp Lys Gln Met Lys Leu Pro Cys Lys | | |
| | 195 | 200 | 205 |
| 15 | His Val Tyr His Ser Glu Cys Ile Ser Lys Trp Leu Gly Ile Asn Lys | | |
| | 210 | 215 | 220 |
| 20 | Val Cys Pro Val Cys Asn Asn Glu Val Phe Gly Glu Asp Ser Arg His | | |
| | 225 | 230 | 235 |
| | 240 | | |
| 25 | <210> 40 | | |
| | <211> 245 | | |
| | <212> PRT | | |
| | <213> Prunus persica | | |
| 30 | Met Asn Gly Asn Gly Gln Met Asp Val His Tyr Ile Asp Thr Asp Phe | | |
| | 1 | 5 | 10 |
| | 15 | | |
| 35 | Pro Tyr Thr Pro Thr Glu Ser Phe Met Asp Phe Phe Gly Gly Val Thr | | |
| | 20 | 25 | 30 |
| 40 | His Val Pro Met Asn Tyr Gly His Ala Met Pro Met His Asp Gln Glu | | |
| | 35 | 40 | 45 |
| 45 | Thr Ala Tyr Trp Ser Met Asn Met His Ser Tyr Lys Phe Gly Pro Ser | | |
| | 50 | 55 | 60 |
| 50 | Gly Pro Gly Ser Asn Ser Tyr Tyr Gly Asn Tyr Tyr Glu Val Asn Asp | | |
| | 65 | 70 | 75 |
| | 80 | | |
| 55 | His Leu Pro Arg Met Asp Val Ser Arg Arg Thr Trp Glu His Pro Ser | | |
| | 85 | 90 | 95 |
| 60 | Val Met Asn Ser Glu Glu Pro Ala Asn Ile Asp Ser His Pro Glu Glu | | |
| | 100 | 105 | 110 |
| 65 | Glu Asp Ala Val Ala Glu Ala Ala Pro Glu Glu Cys Ile Gln Asn Gln | | |
| | 115 | 120 | 125 |
| 70 | Gln Asn Thr Asn Thr Ser Gln Val Val Trp Gln Glu Asp Ile Asp Pro | | |
| | 130 | 135 | 140 |

5 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
 10 Ser Lys Tyr Lys Cys Gly Ser Phe Phe Ser Arg Lys Lys Ser Gly Glu
 180 185 190
 15 Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Arg Tyr Lys Arg Gly Asp Arg Gln Ile
 195 200 205
 20 Asn Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Ser Glu Cys Ile Ser Lys Trp
 210 215 220
 25 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
 30 <210> 41
 <211> 242
 <212> PRT
 <213> Theobroma cacao
 35 <400> 41
 Met Asn Gly Asn Arg Gln Met Glu Val His Tyr Ile Asp Thr Gly Phe
 1 5 10 15
 40 Pro Tyr Thr Ala Thr Glu Ser Phe Met Asp Phe Phe Glu Gly Leu Thr
 20 25 30
 45 His Val Pro Val Asn Tyr Thr His Thr Val Pro Met Gln Asp Gln Glu
 35 40 45
 50 Asn Ile Tyr Trp Ser Met Ser Met Asn Ala Tyr Lys Phe Gly Phe Ser
 50 55 60
 55 Gly Pro Glu Ser Thr Phe Tyr Ser Pro Tyr Glu Val Ser Asp His Leu
 65 70 75 80
 60 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
 5
 Val Val Gly Ile His Ala Ile Pro Glu Glu Cys Ile Thr Asn His Gln
 115 120 125
 10
 Ser Asn Ser Asn Ser Gln Val Val Trp Gln Asp Asn Ile Asp Pro Asp
 130 135 140
 15
 Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu Thr Ile Gly Ser
 145 150 155 160
 20
 Gln Ser Arg Gly Leu Ser Gln Glu Leu Ile Asp Leu Leu Pro Thr Ser
 165 170 175
 Lys Cys Lys Phe Gly Ser Phe Phe Ser Thr Lys Arg Glu Arg Cys Val
 180 185 190
 25
 Ile Cys Gln Met Arg Tyr Lys Arg Gly Glu Gln Gln Met Lys Leu Pro
 195 200 205
 30
 Cys Lys His Val Tyr His Ser Gln Cys Ile Thr Lys Trp Leu Ser Ile
 210 215 220
 35
 Asn Lys Ile Cys Pro Val Cys Asn Asn Glu Val Phe Gly Glu Glu Ser
 225 230 235 240
 Arg His
 40
 <210> 42
 <211> 247
 <212> PRT
 45 <213> Vitis vinifera
 <400> 42
 50 Met Asn Gly Asn Arg Gln Met Glu Val His Tyr Ile Asn Thr Gly Phe
 1 5 10 15
 55 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
 60

| | |
|----|---|
| | Ile Gln Glu Asn Phe Tyr Trp Thr Met Asn Met Asn Ser Tyr Lys Phe |
| | 50 55 60 |
| 5 | Gly Phe Ser Gly Pro Gly Ser Thr Tyr Tyr Gly Pro Tyr Asp Val Asn |
| | 65 70 75 80 |
| 10 | Glu His Val Pro Gly Ile Glu Val Ser Arg Arg Pro Trp Glu Tyr Pro |
| | 85 90 95 |
| 15 | Ser Ser Met Ile Val Glu Glu Pro Thr Thr Ile Glu Thr Gln Pro Thr |
| | 100 105 110 |
| 20 | Gly Asn Glu Val Met Asn Val His Ala Ile Pro Glu Glu Cys Ser Pro |
| | 115 120 125 |
| 25 | Asn His Tyr Ser Ala Thr Ser Ser Gln Ala Ile Trp Gln Asp Asn Val |
| | 130 135 140 |
| 30 | Val Gly Thr Gln Ser Arg Gly Leu Ser Gln Glu His Ile Asn Leu Leu |
| | 165 170 175 |
| 35 | Pro Thr Cys Arg Tyr Lys Ser Gly Arg Leu Phe Ser Arg Lys Arg Ser |
| | 180 185 190 |
| 40 | Ala Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Gly Tyr Lys Arg Gly Asp Arg |
| | 195 200 205 |
| 45 | Gln Ile Lys Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Thr Asp Cys Gly Thr |
| | 210 215 220 |
| 50 | Lys Trp Leu Thr Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys Asn Ile Glu Val |
| | 225 230 235 240 |
| 55 | Phe Gly Glu Glu Ser Arg His |
| | 245 |
| | <210> 43 |
| | <211> 247 |
| | <212> PRT |
| | <213> Glycine max |
| | <400> 43 |
| 60 | Met Asn Asp Gly Arg Gln Met Gly Val His Tyr Val Asp Ala Gly Phe |

| | | | | |
|----|---|-----|-----|-----|
| | 1 | 5 | 10 | 15 |
| 5 | Pro Tyr Ala Val Asn Asp Asn Phe Val Asp Phe Phe Gln Gly Phe Thr | | | |
| | | 20 | 25 | 30 |
| 10 | His Val Pro Val Asn Tyr Ala Phe Ala Gly Ser Ile Pro Asp Gln Glu | | | |
| | | 35 | 40 | 45 |
| 15 | Ser Val Tyr Trp Ser Met Asn Met Asn Pro Tyr Lys Phe Gly Leu Ser | | | |
| | | 50 | 55 | 60 |
| 20 | Gly Pro Gly Ser Thr Ser Tyr Tyr Ser Ser Tyr Glu Val Asn Gly His | | | |
| | | 65 | 70 | 75 |
| 25 | Leu Pro Arg Met Glu Ile Asp Arg Ala Glu Trp Glu Tyr Pro Ser Thr | | | |
| | | 85 | 90 | 95 |
| 30 | Ile Thr Thr Val Glu Glu Pro Ala Thr Thr Asp Ser Pro Pro Arg Arg | | | |
| | | 100 | 105 | 110 |
| 35 | Asp Gly Val Thr Ser Met Gln Thr Ile Pro Glu Glu Cys Ser Pro Asn | | | |
| | | 115 | 120 | 125 |
| 40 | His His Glu Ser Asn Ser Ser Ser Gln Val Ile Trp Gln Asp Asn Ile | | | |
| | | 130 | 135 | 140 |
| 45 | Tyr Pro Asp Asp Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu Ala | | | |
| | | 145 | 150 | 155 |
| 50 | Val Gly Thr Gln Ser Arg Gly Leu Ser Gln Glu Leu Ile Asp Met Leu | | | |
| | | 165 | 170 | 175 |
| 55 | Pro Thr Ser Lys Tyr Lys Phe Gly Ser Leu Phe Lys Arg Lys Asn Ser | | | |
| | | 180 | 185 | 190 |
| 60 | 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 |
| | Phe Gly Glu Glu Ser Thr His | | | |
| | | | | |

245

5 <210> 44
 <211> 247
 <212> PRT
 <213> Glycine max

 10 <400> 44
 Met Asn Asp Gly Arg Gln Met Gly Val Asn Tyr Val Asp Ala Gly Phe
 1 5 10 15

 15 Pro Tyr Ala Val Asn Glu Asn Phe Val Asp Phe Phe Gln Gly Phe Thr
 20 25 30

 20 Pro Val Pro Val Asn Tyr Ala Phe Ala Gly Ser Ile Pro Asp Gln Glu
 35 40 45

 25 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

 30 Leu Pro Arg Met Glu Ile Asp Arg Ala Glu Trp Glu Tyr Pro Ser Thr
 85 90 95

 35 Ile Thr Thr Val Glu Glu Pro Ala Thr Thr Asp Ser Pro Pro Arg Arg
 100 105 110

 40 Asp Gly Val Thr Asn Met Gln Thr Ile Pro Glu Glu Cys Ser Pro Asn
 115 120 125

 45 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

 50 Val Gly Thr Gln Ser Arg Gly Leu Ser Gln Glu Leu Ile Asp Met Leu
 165 170 175

 55 Pro Thr Ser Lys Tyr Lys Phe Gly Asn Leu Phe Lys Arg Lys Asn Ser
 180 185 190

 60 Gly Lys Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Thr Tyr Arg Arg Gly Asp Gln
 195 200 205

5 Gln Met Lys Leu Pro Cys Ser His Val Tyr His Gly Glu Cys Ile Thr
 210 215 220
 10 Lys Trp Leu Ser Ile Asn Lys Lys Cys Pro Val Cys Asn Thr Glu Val
 225 230 235 240
 15 Phe Gly Glu Glu Ser Thr His
 245
 20 <210> 45
 <211> 248
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana
 25 Met Asn Gly Asp Asn Arg Pro Val Glu Asp Ala His Tyr Thr Glu Thr
 1 5 10 15
 30 Gly Phe Pro Tyr Ala Ala Thr Gly Ser Tyr Met Asp Phe Tyr Gly Gly
 20 25 30
 35 Ala Ala Gln Gly Pro Leu Asn Tyr Asp His Ala Ala Thr Met His Pro
 35 40 45
 40 Gln Asp Asn Leu Tyr Trp Thr Met Asn Thr Asn Ala Tyr Lys Phe Gly
 50 55 60
 45 Phe Ser Gly Ser Asp Asn Ala Ser Phe Tyr Gly Ser Tyr Asp Met Asn
 65 70 75 80
 50 Asp His Leu Ser Arg Met Ser Ile Gly Arg Thr Asn Trp Asp Tyr His
 85 90 95
 55 Pro Met Val Asn Val Ala Asp Asp Pro Glu Asn Thr Val Ala Arg Ser
 100 105 110
 60 Val Gln Ile Gly Asp Thr Asp Glu His Ser Glu Ala Glu Glu Cys Ile
 115 120 125
 55 Ala Asn Glu His Asp Pro Asp Ser Pro Gln Val Ser Trp Gln Asp Asp
 130 135 140
 60 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

5 Leu Pro Thr Lys Lys Tyr Lys Phe Gly Ser Ile Phe Ser Arg Lys Arg
180 185 190

10 Ala Gly Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln Leu Lys Tyr Lys Ile Gly Glu
195 200 205

15 Arg Gln Met Asn Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Ser Glu Cys Ile
210 215 220

20 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

25 <210> 46
<211> 243
<212> PRT
<213> Capsella rubella

30 <400> 46

35 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

40 Pro Gln Gly Pro Leu Asn Tyr Ala His Ala Gly Thr Met Asp Asn Leu
35 40 45

45 Tyr Trp Thr Met Asn Thr Asn Ala Tyr Lys Phe Gly Phe Ser Gly Ser
50 55 60

50 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

55 Val Asp Asp Pro Asp Ile Thr Leu Ala Arg Ser Val Gln Ile Gly Asp
100 105 110

60

Ser Asp Glu His Ser Glu Ala Glu Asp Cys Ile Ala Asn Glu His Asp
115 120 125

5 Pro Asp Ser Pro Gln Val Ser Trp Gln Asp Asp Ile Asp Pro Asp Thr
130 135 140

10 Met Thr Tyr Glu Glu Leu Val Glu Leu Gly Glu Ala Val Gly Thr Glu
145 150 155 160

15 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

20 Val Ile Cys Gln Leu Lys Tyr Lys Ile Gly Glu Arg Gln Met Asn Leu
195 200 205

25 Pro Cys Lys His Val Tyr His Ser Glu Cys Ile Ser Lys Trp Leu Ser
210 215 220

30 Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys Asn Thr Glu Val Phe Gly Asp Pro
225 230 235 240

Ser Ile His

35

<210> 47
<211> 249
<212> PRT
40 <213> Sorghum bicolor

<400> 47

45 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

50 Tyr Ala His Ala Asp Phe Ala Leu Met Asp Gly Phe Gln Asp Gln Gly
35 40 45

55 Asn Pro Tyr Trp Ala Met Met His Thr Asn Ser Tyr Lys Tyr Gly Tyr
50 55 60

60 Ser Gly Pro Gly Asn Tyr Tyr Thr Tyr Ala His Val Tyr Asp Ile Asp

| | | | | |
|----|---|-----|-----|-----|
| | 65 | 70 | 75 | 80 |
| 5 | Asp Tyr Met His Arg Ala Asp Gly Gly Arg Arg Val Trp Asp Asn Thr | | | |
| | 85 | 90 | 95 | |
| 10 | Thr Pro Ala Asn Asn Val Asp Ser Ala Asn Val Val Leu Gln Gly Ser | | | |
| | 100 | 105 | 110 | |
| 15 | Glu Ala Pro Arg Thr Thr Ala Asn Thr Thr Thr Glu Glu Cys Ile Gln | | | |
| | 115 | 120 | 125 | |
| 20 | Gln Val His Gln Ser Pro Gly Ser Pro His Val Val Trp Gln Asp Asn | | | |
| | 130 | 135 | 140 | |
| 25 | Ile Asp Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu | | | |
| | 145 | 150 | 155 | 160 |
| 30 | Val Val Gly Thr Gln Ser Arg Gly Leu Ser Gln Glu Arg Ile Ser Ser | | | |
| | 165 | 170 | 175 | |
| 35 | Leu Pro Val Thr Lys Tyr Lys Cys Gly Phe Phe Ser Arg Lys Lys Thr | | | |
| | 180 | 185 | 190 | |
| 40 | Arg Arg Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Glu Tyr Arg Arg Gly Asn | | | |
| | 195 | 200 | 205 | |
| 45 | Leu Gln Met Thr Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Ala Ser Cys Val | | | |
| | 210 | 215 | 220 | |
| 50 | Thr Arg Trp Leu Ser Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys Phe Ala Glu | | | |
| | 225 | 230 | 235 | 240 |
| 55 | Val Pro Gly Asp Glu Pro Lys Arg Gln | | | |
| | 245 | | | |
| 60 | <210> 48 | | | |
| | <211> 253 | | | |
| | <212> PRT | | | |
| | <213> Zea mays | | | |
| | <400> 48 | | | |
| 55 | Met Asn Ser Ser Arg Gln Met Glu Leu His Tyr Ile Asn Thr Gly Phe | | | |
| | 1 | 5 | 10 | 15 |
| 60 | 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
 5
 Asn Pro Tyr Trp Ala Met Met His Thr Asn Ser Tyr Lys Tyr Gly Tyr
 50 55 60
 10
 Ser Gly Pro Gly Asn Tyr Tyr Ser Tyr Ala His Val Tyr Asp Ile Asp
 65 70 75 80
 15
 Asp Tyr Met Arg Arg Ala Asp Gly Gly Arg Arg Ile Trp Asp Asn Thr
 85 90 95
 20
 Thr Pro Val Asn Asn Val Asp Ser Ala Asn Val Val Leu Gln Gly Gly
 100 105 110
 25
 Glu Ala Pro His Thr Thr Thr Asn Thr Ile Asn Lys Glu Cys Ile Gln
 115 120 125
 30
 Gln Val His Gln Ser Pro Gly Ser Pro Gln Val Val Trp Gln Asp Asn
 130 135 140
 35
 Ile Glu Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu
 145 150 155 160
 40
 Ala Val Gly Thr Gln Ser Arg Gly Leu Ser Gln Glu Arg Ile Ser Ser
 165 170 175
 45
 Leu Pro Val Thr Lys Tyr Lys Cys Gly Phe Phe Ser Arg Lys Lys Thr
 180 185 190
 50
 Arg Arg Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Glu Tyr Arg Arg Gly Asn
 195 200 205
 55
 Leu Gln Met Thr Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Ala Ser Cys Val
 210 215 220
 60
 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> 49
 <211> 249

<212> PRT

<213> Zea mays

<400> 49

5

Met Thr Ser Ser Arg Gln Met Glu Leu His Tyr Ile Asn Thr Gly Phe
1 5 10 15

10

Pro Tyr Thr Ile Thr Glu Ser Phe Met Asp Phe Phe Glu Gly Leu Thr
20 25 30

15

Tyr Ala His Ala Asp Phe Ala Leu Met Asp Gly Phe Gln Asp Gln Gly
35 40 45

20

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

25

Asp Tyr Met His Arg Thr Asp Gly Gly Arg Arg Thr Trp Asp Asn Thr
85 90 95

30

Thr Pro Val Asn Asn Val Asp Ser Ala Asn Val Val Leu Gln Gly Gly
100 105 110

35

Glu Ala Pro Arg Thr Thr Ala Asn Thr Thr Ser Glu Asp Cys Ile Gln
115 120 125

40

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

45

Ala Val Gly Thr Gln Ser Arg Gly Leu Ser Gln Glu Cys Ile Ser Leu
165 170 175

50

Leu Pro Ile Thr Lys Tyr Lys Cys Gly Phe Phe Ser Arg Lys Lys Thr
180 185 190

55

Arg Arg Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Glu Tyr Arg Arg Gly Asn
195 200 205

60

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

5

Val Pro Gly Glu Asp Ser Leu Arg Gln
 245

10

<210> 50
 <211> 272
 <212> PRT
 <213> Oryza sativa

15

<400> 50

Met Thr Glu Ser His Glu Arg Asp Thr Glu Val Thr Arg Trp Gln Val
 1 5 10 15

20

His Asp Pro Ser Glu Gly Met Asn Gly Ser Arg Gln Met Glu Leu His
 20 25 30

25

Tyr Ile Asn Thr Gly Phe Pro Tyr Thr Ile Thr Glu Ser Phe Met Asp
 35 40 45

30

Phe Phe Glu Gly Leu Thr Tyr Ala His Ala Asp Phe Ala Ile Ala Asp
 50 55 60

35

Ala Phe His Asp Gln Ala Asn Pro Tyr Trp Ala Met Met His Thr Asn
 65 70 75 80

40

Ser Tyr Lys Tyr Gly Tyr Ser Gly Ala Gly Asn Tyr Tyr Ser Tyr Gly
 85 90 95

45

His Val Tyr Asp Met Asn Asp Tyr Met His Arg Ala Asp Gly Gly Arg
 100 105 110

50

Arg Ile Trp Asp Asn Ala Thr Pro Val Asn Asn Thr Glu Ser Pro Asn
 115 120 125

55

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

60

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

5 Ser Gln Glu Arg Ile Ser Leu Leu Pro Val Thr Lys Tyr Lys Cys Gly
 195 200 205

10 Phe Phe Ser Arg Lys Lys Thr Arg Arg Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln
 210 215 220

15 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

20 Cys Pro Val Cys Phe Ala Glu Val Pro Gly Asp Glu Pro Lys Arg Gln
 260 265 270

25 <210> 51
 <211> 250
 <212> PRT
 <213> Oryza sativa

30 <400> 51

Met Asn Gly Ser Arg Gln Met Glu Leu His Tyr Ile Asn Thr Gly Phe
 1 5 10 15

35 Pro Tyr Thr Ile Thr Glu Ser Phe Met Asp Phe Phe Glu Gly Leu Thr
 20 25 30

40 Tyr Ala His Ala Asp Phe Ala Ile Ala Asp Ala Phe His Asp Gln Ala
 35 40 45

45 Asn Pro Tyr Trp Ala Met Met His Thr Asn Ser Tyr Lys Tyr Gly Tyr
 50 55 60

50 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

55 Thr Pro Val Asn Asn Thr Glu Ser Pro Asn Val Val Leu Gln Gly Gly
 100 105 110

60 Glu Thr Pro His Ala Asn Thr Ser Ser Thr Thr Glu Glu Cys Ile Gln

| | 115 | 120 | 125 |
|----|---|-----|-----|
| 5 | Gln Gln Val His Gln Asn Ser Ser Ser Pro Gln Val Ile Trp Gln Asp 130 135 140 | | |
| 10 | Asn Ile Asp Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly 145 150 155 160 | | |
| 15 | Glu Ala Val Gly Thr Gln Ser Arg Gly Leu Ser Gln Glu Arg Ile Ser 165 170 175 | | |
| 20 | Leu Leu Pro Val Thr Lys Tyr Lys Cys Gly Phe Phe Ser Arg Lys Lys 180 185 190 | | |
| 25 | Thr Arg Arg Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Glu Tyr Arg Arg Gly 195 200 205 | | |
| 30 | Asn Leu Gln Met Thr Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Ala Ser Cys 210 215 220 | | |
| 35 | Val Thr Arg Trp Leu Ser Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys Phe Ala 225 230 235 240 | | |
| 40 | Glu Val Pro Gly Asp Glu Pro Lys Arg Gln 245 250 | | |
| 45 | <210> 52 <211> 251 <212> PRT <213> Brachypodium distachyon <400> 52 | | |
| 50 | Met Asn Gly Ser Arg Gln Met Glu Leu His Tyr Ile Asn Thr Gly Phe 1 5 10 15 | | |
| 55 | Pro Tyr Thr Ile Thr Glu Ser Phe Met Asp Phe Phe Glu Gly Leu Thr 20 25 30 | | |
| 60 | Tyr Ala His Ala Asp Phe Ala Leu Ala Asp Ala Phe Gln Asp Gln Ala 35 40 45 | | |
| 65 | Asn Pro Tyr Trp Thr Met Met Gln Thr Asn Ser Tyr Lys Tyr Gly Tyr 50 55 60 | | |
| 70 | Ser Gly Ala Ser Asn Tyr Tyr Ser Tyr Gly His Val Tyr Asp Met Asn 65 70 75 80 | | |

5 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
 10 Ala Glu Ala Pro His Pro Arg Ala Ser Ser Thr Thr Glu Glu Cys Ile
 115 120 125
 15 Gln Gln Pro Val His Gln Asn Ser Ser Ser Pro Gln Val Val Trp Gln
 130 135 140
 20 Asp Asn Val Asp Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu
 145 150 155 160
 25 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
 30 Lys Thr Arg Arg Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Glu Tyr Arg Arg
 195 200 205
 35 Gly Asp Leu Gln Met Ala Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Ala Ser
 210 215 220
 40 Cys Val Thr Arg Trp Leu Ser Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys Phe
 225 230 235 240
 45 Ala Glu Val Pro Ser Glu Glu Pro Ser Arg Gln
 245 250
 <210> 53
 <211> 246
 <212> PRT
 50 <213> Solanum lycopersicum
 <400> 53
 55 Met Asn Trp Asn Gln Gln Thr Glu Ile Tyr Tyr Thr Asn Gly Ala Met
 1 5 10 15
 60 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
 5
 Ser Leu Tyr Pro Ser Ile Ser Thr Asn Pro Tyr Lys Phe Gly Tyr Ser
 50 55 60
 10
 Glu Ala Gly Ser Phe Ser Tyr Tyr Asp Tyr Asp Arg Glu Tyr Val Val
 65 70 75 80
 15
 Asn Asp His Val Ser Gly Ile Glu Glu His Asp Arg His Leu Glu Asn
 85 90 95
 20
 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
 25
 Gln Ile Asn Thr Arg Asp Ser Glu Val Val Trp Gln Asp Asn Ile Asp
 130 135 140
 30
 Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Glu Leu Gly Glu Ala Val
 145 150 155 160
 35
 Gly Thr Gln Ser Arg Gly Leu Ser Gln Asn Gln Ile Ser Leu Leu Pro
 165 170 175
 40
 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
 45
 Val Thr Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Ala Gly Cys Gly Ser Arg
 210 215 220
 50
 Trp Leu Ser Ile Asn Lys Ala Cys Pro Ile Cys Tyr Thr Glu Val Val
 225 230 235 240
 55
 Ile Asn Thr Ser Lys Arg
 245
 <210> 54
 <211> 10
 60 <212> PRT

<213> Штучна послідовність

<220>

<223> Синтетична послідовність: мотив LIM-домена

5

<220>

<221> ВАРИАНТ

<222> (2)..(3)

<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

10

<220>

<221> ВАРИАНТ

<222> (5)..(6)

<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

15

<220>

<221> ВАРИАНТ

<222> (8)..(9)

<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

20

<400> 54

His Хаа Хаа Cys Хаа Хаа Cys Хаа Хаа Cys

1 5 10

25

ФОРМУЛА ВИНАХОДУ

1. Спосіб збільшення розміру насіння або маси насіння на одиницю площі у рослини, який включає:

30

експресію мутантного білка DA1 у клітинах зазначеної рослини, причому зазначений мутантний білок DA1 містить амінокислотну послідовність, щонайменше на 80 % ідентичну послідовності DA1, вибраній з групи, що складається з SEQ ID NO: 4-27, і

зазначений мутантний білок DA1 містить мутацію залишку цистеїну або гістидину, що відповідає C172, C175, H193, C196, C199, C202, H220 або C223 послідовності SEQ ID NO: 8, або залишку цистеїну або гістидину, що відповідає C232, C235, H252, C260, H263, C271, C274, C294 або C297 послідовності SEQ ID NO: 8.

35

2. Спосіб за п. 1, який **відрізняється** тим, що зазначений мутантний білок DA1 експресується з гетерологічною кодуючою послідовністю нуклеїнової кислоти в одній або декількох клітинах зазначеної рослини, при цьому зазначена гетерологічна кодуюча послідовність нуклеїнової кислоти кодує мутантний білок DA1.

40

3. Спосіб одержання рослини, що має збільшений розмір насіння або збільшену масу насіння на одиницю площі, який включає:

введення в клітину рослини гетерологічної нуклеїнової кислоти, що кодує мутантний білок DA1, і регенерацію рослини з клітини рослини,

45

при цьому зазначений мутантний білок DA1 містить амінокислотну послідовність, яка щонайменше на 80 % ідентична послідовності DA1, вибраній з групи, що складається з SEQ ID NO: 4-27, і при цьому зазначений мутантний білок DA1 містить мутацію залишку цистеїну або гістидину, що відповідає C172, C175, H193, C196, C199, C202, H220 або C223 послідовності SEQ ID NO: 8, або залишку цистеїну або гістидину, що відповідає C232, C235, H252, C260, H263, C271, C274, C294 або C297 послідовності SEQ ID NO: 8.

50

4. Спосіб одержання рослини, що має збільшений розмір насіння або збільшену масу насіння на одиницю площі, який включає:

введення мутації в нуклеотидну послідовність клітини рослини, яка кодує білок DA1, щонайменше на 80 % ідентичну послідовності DA1, вибраній з групи, що складається з SEQ ID NO: 4-27, таким чином, що зазначена нуклеотидна послідовність кодує мутантний білок DA1, який містить амінокислотну послідовність, яка щонайменше на 80 % ідентична послідовності DA1, вибраній з групи, що складається з SEQ ID NO: 4-27, і при цьому зазначений мутантний білок DA1 містить мутацію залишку цистеїну або гістидину, що відповідає C172, C175, H193, C196, C199, C202, H220 або C223 послідовності SEQ ID NO: 8, або залишку цистеїну або

55

гістидину, що відповідає C232, C235, H252, C260, H263, C271, C274, C294 або C297 послідовності SEQ ID NO: 8, і

регенерацію рослини із вказаної клітини рослини.

5. Спосіб за будь-яким із пп. 1-4, який **відрізняється** тим, що зазначений білок DA1 містить С-кінцеву область, яка характеризується ідентичністю послідовності щонайменше 80 % залишкам з 229 по 532 SEQ ID NO: 8.

6. Спосіб за п. 5, який **відрізняється** тим, що зазначена С-кінцева область містить мотив металопептидази HEMMH (SEQ ID NO: 32).

7. Спосіб за п. 5 або п. 6, який **відрізняється** тим, що зазначена С-кінцева область містить амінокислотну послідовність EK(X)₈R(X)₄SEQ (SEQ ID NO: 33) або EK(X)₈R(X)₄SEQ (SEQ ID NO: 34).

8. Спосіб за будь-яким із пп. 1-7, який **відрізняється** тим, що нуклеїнова кислота, яка кодує зазначений білок DA1, функціонально сполучена з гетерологічним промотором.

9. Спосіб за п. 8, який **відрізняється** тим, що зазначений промотор являє собою тканиноспецифічний промотор або індукцибельний промотор.

10. Спосіб за будь-яким із пп. 8-9, який **відрізняється** тим, що зазначена нуклеїнова кислота, яка кодує білок DA1, міститься в одному або декількох векторах.

11. Спосіб за будь-яким із пп. 1-10, який **відрізняється** тим, що вказана рослина або клітина рослини дефіцитна за експресією або активністю білка EOD1, що містить амінокислотну послідовність, яка щонайменше на 80 % ідентична будь-якій з послідовностей SEQ ID NO: 38-53.

12. Спосіб за будь-яким із пп. 1-8, який включає вибір рослини або клітини рослини, що характеризуються збільшеним розміром насіння або збільшеною масою насіння на одиницю площі, у порівнянні з контрольними рослинами.

13. Спосіб за будь-яким із пп. 1-12, який включає статеве або вегетативне розмноження або вирощування нащадка або потомства рослини, що експресує мутантний білок DA1.

14. Спосіб за будь-яким із пп. 1-13, який **відрізняється** тим, що вказана рослина являє собою вищу рослину.

15. Спосіб за п. 14, який **відрізняється** тим, що вказана рослина являє собою сільськогосподарську рослину, яку вибирають з групи, що включає тютюн, гарбуз, моркву, овочеву культуру роду капуста, диню, перець однолітній, виноград, салат, полуницю, олійну культуру роду капуста, цукровий буряк, пшеницю, ячмінь, маїс, рис, сою, горох, сорго, соняшник, помідор, картоплю, перець, льон, коноплю та жито.

16. Спосіб за будь-яким із пп. 1-15, який **відрізняється** тим, що зазначений мутантний білок DA1 містить амінокислотну послідовність, вибрану з групи, що складається з SEQ ID NO: 4-27, і містить мутацію залишку цистеїну або гістидину, що відповідає C172, C175, H193, C196, C199, C202, H220 або C223 послідовності SEQ ID NO: 8, або залишку цистеїну або гістидину, що відповідає C232, C235, H252, C260, H263, C271, C274, C294 або C297 послідовності SEQ ID NO: 8.

17. Клітина рослини, яка містить гетерологічну нуклеїнову кислоту, що кодує мутантний білок DA1, який містить амінокислотну послідовність, яка щонайменше на 80 % ідентична послідовності DA1, вибраній з групи, що складається з SEQ ID NO: 4-27, і містить мутацію залишку цистеїну або гістидину, що відповідає C172, C175, H193, C196, C199, C202, H220 або C223 послідовності SEQ ID NO: 8, або залишку цистеїну або гістидину, що відповідає C232, C235, H252, C260, H263, C271, C274, C294 або C297 послідовності SEQ ID NO: 8.

18. Клітина рослини за п. 17, яка **відрізняється** тим, що зазначений мутантний білок DA1 містить амінокислотну послідовність, вибрану з групи, що складається з SEQ ID NO: 4-27, і містить мутацію залишку цистеїну або гістидину, що відповідає C172, C175, H193, C196, C199, C202, H220 або C223 послідовності SEQ ID NO: 8, або залишку цистеїну або гістидину, що відповідає C232, C235, H252, C260, H263, C271, C274, C294 або C297 послідовності SEQ ID NO: 8.

19. Рослина, яка містить клітину рослини за п. 17 або п. 18.

20. Рослина за п. 19, отримана способом за будь-яким із пп. 1-16, при цьому вказана рослина демонструє збільшений розмір насіння або збільшену масу насіння на одиницю площі у порівнянні з контрольними рослинами.



Fig. 1

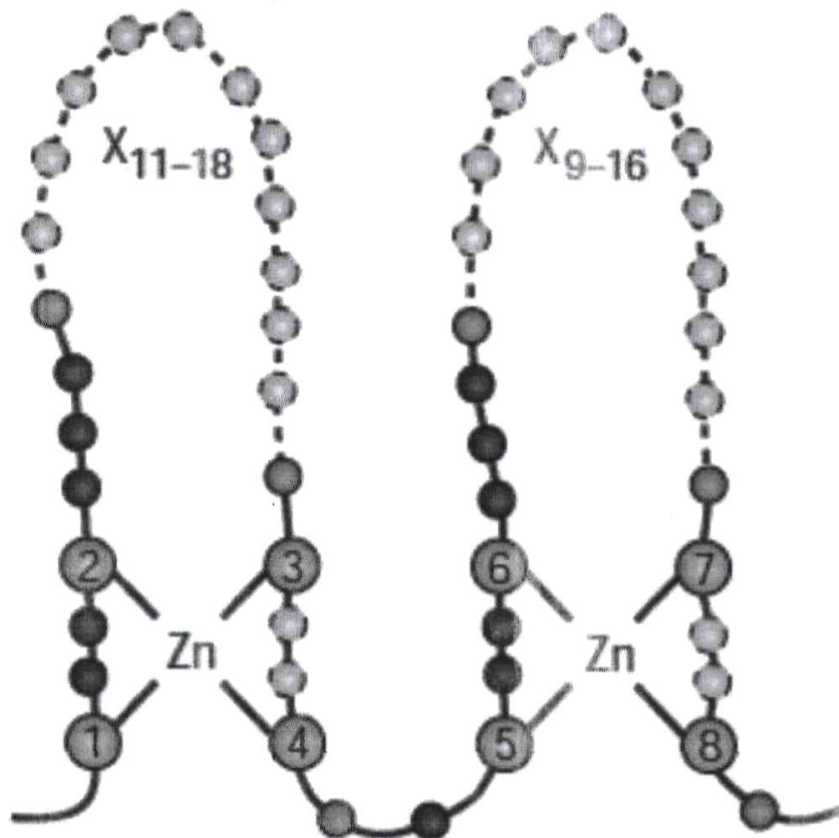


Fig. 2

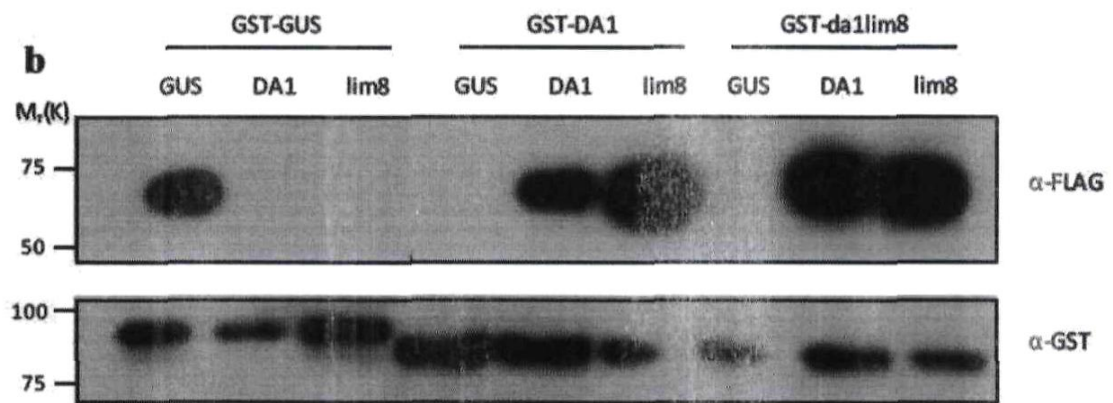


Fig. 3

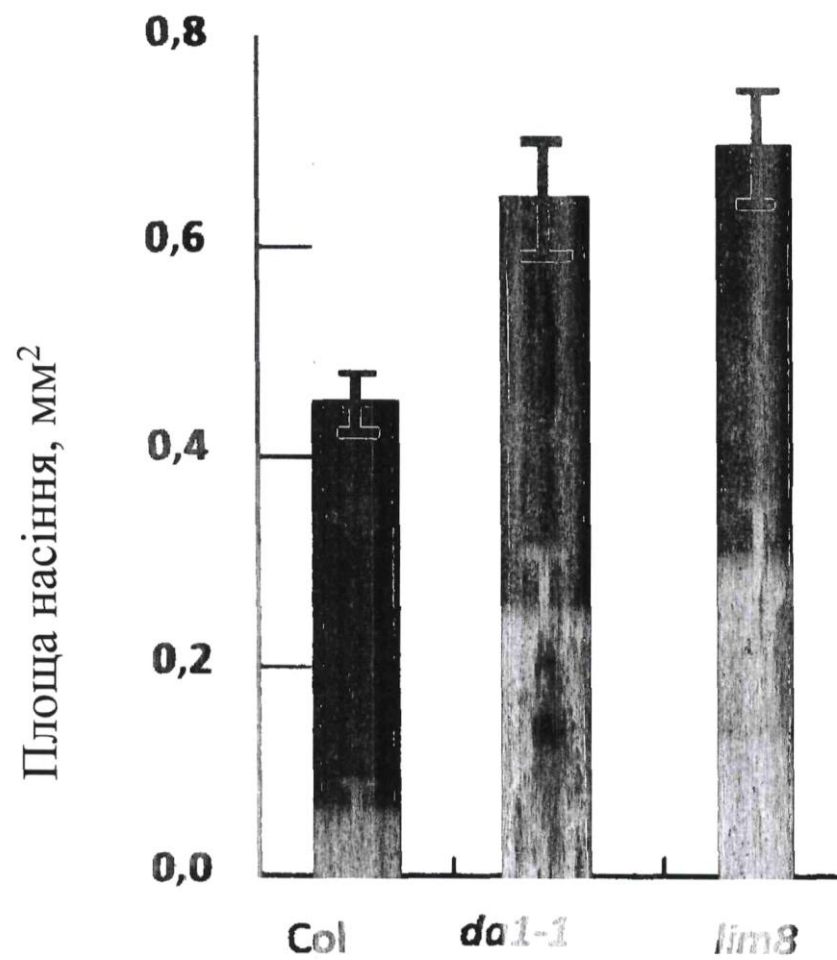


Fig. 4

Комп'ютерна верстка О. Гергіль

Міністерство розвитку економіки, торгівлі та сільського господарства України,
вул. М. Грушевського, 12/2, м. Київ, 01008, Україна

ДП "Український інститут інтелектуальної власності", вул. Глазунова, 1, м. Київ – 42, 01601