

Даний винахід належить до молекули нуклеїнової кислоти, яка, якщо присутня в рослині, здатна надавати стійкість до патогену роду *Heterodera*, зокрема до бурякової цистоутворюючої нематоди *Heterodera schachtii*, і, зокрема, в рослині виду *Beta vulgaris*, а також до поліпептиду, що кодується молекулою нуклеїнової кислоти за даним винаходом. Зокрема, молекула нуклеїнової кислоти за даним винаходом характеризується тим, що ефект стійкості до патогенів роду *Heterodera*, який забезпечується присутністю молекули нуклеїнової кислоти, є домінуючим. Крім того, винахід належить до стійкої до *Heterodera* рослини, рослинної клітини, органу рослини, рослинної тканини, частини рослини, або насіння або нащадку рослини, які містять молекулу нуклеїнової кислоти або її частини у вигляді ендегенного гена, у вигляді редагованого гена або у вигляді трансгену. Крім того, даний винахід включає способи підвищення стійкості до патогену роду *Heterodera* у рослини, зокрема у рослини виду *Beta vulgaris*, а також способи отримання або ідентифікації і, можливо, селекції рослини, стійкої до *Heterodera*. Даний винахід також включає способи моніторингу зараження патогеном *Heterodera schachtii*, а також олігонуклеотидні зонди та праймери для гібридизації з молекулою нуклеїнової кислоти за даним винаходом.

ПЕРЕДУМОВИ СТВОРЕННЯ ВІНАХІДУ

Згідно з повідомленнями, понад два десятки різних видів нематод завдають економічної шкоди комерційному виробництву цукрового буряка (Hafez, Sugar Beet nematodes in Idaho and Eastern Oregon (1997 p.), Університет Айдахо, Сільськогосподарський коледж). Найбільш серйозним нематодним шкідником буряка є бурякова цистоутворююча нематода (*Heterodera schachtii*). (Cooke, Agricultural Zoology Reviews, 2, (1987 p.), стор. 132-183), що має найбільше економічне значення в більшості бурякових районів у Німеччині та Європі. Вперше вона була виявлена у 1859 р. у Німеччині, і, згідно з оцінками, в даний час 10-25 % площ, зайнятих у виробництві цукрового буряка, у всьому світі можуть бути заражені цим шкідником, що призводить до втрати врожаю до 80 % (Hafez, 1997 p.), при цьому втрата врожаю залежить від кількості нематод у ґрунті, часу посіву та зараження цукрового буряка, а також від погодних умов.

Бурякова цистоутворююча нематода є рослинною патогенною нематодою і здатна викликати значну втрату врожаю не тільки цукрового буряка, але й інших видів буряка, такого як червоний буряк, кормовий буряк і листовий буряк, а також інших рослин сімейства *Amaranthaceae*, таких як шпинат, і *Brassicaceae*, таких як ріпак, капуста, пекінська капуста, цвітна капуста, брюссельська капуста, броколі, ріпа, редис і бруква, за рахунок серйозного пошкодження корневих систем, особливо влітку. Ця нематода також вражає багато широко поширених бур'янів, таких як суріпка, грицики, марь біла і портулак.

На полях цукрового буряка зараження бурякової цистоутворюючої нематодою спочатку проявляється у вигляді округлих або овальних ділянок низькорослих рослин. Нематоди живляться корінням рослин, що знижує здатність рослини поглинати поживні речовини та воду. Отже, наземні симптоми виглядають як дефіцит поживних речовин або посуха, зниження стеблестію, мізерне зростання, низькорослість, пожовтіння і в'янення, при цьому симптоми варіюються в залежності від стадії зростання на момент зараження. Якщо заражені сходять, то симптоми включають низькорослість і зниження росту листя, і в спекотний період дня старе зовнішнє листя жовтіє і в'яне. Заражена культура містить дрібніші рослини зі зниженою цінністю та якістю, і буде слабо конкурувати з бур'янами.

Хвороба поширюється безперервно, і виробникам стає важче боротися з цим шкідником. Проте, боротьба зі шкідником вкрай важлива, оскільки висока популяція нематод у ґрунті може призвести до нерентабельності виробництва цукрового буряка. Існують різні методи боротьби з цією хворобою, але жоден із застосовуваних в даний час методів не дає задовільних результатів. Хімічна боротьба з *Heterodera schachtii* з використанням нематодцидів не тільки тягне за собою витрати для фермера і забруднює довкілля, але й більш неприпустима в багатьох країнах, при цьому знезараження ґрунту на великих полях не застосовується. Крім того, сівозмінна, при якій цукровий буряк вирощують тільки раз на чотири роки або навіть рідше з метою зменшення популяції нематод, не завжди доцільна і недостатньо ефективна. Ще одна поширена практика боротьби зі шкідником включає вирощування стійких до нематод проміжних культур, таких як олійна редька або гірчиця. Ці рослини приваблюють шкідника, але перешкоджають його розвитку та розмноженню, що скорочує популяцію шкідника. Також можливо вирощувати стійкі або нечутливі сорти цукрового буряка. До цього часу найефективнішим методом зменшення популяції нематод у ґрунті було вирощування стійких сортів цукрового буряка.

При цьому в продажі є стійкі і нечутливі до нематод сорти цукрового буряка, наприклад, з основним геном стійкості до *Heterodera schachtii* з *Beta procumbens* (Heijbroek та співавт., *Euphytica* 38 (1988 p.), стор. 121-131; Lange та співавт., Матеріали 53-го конгресу IIRB, Брюссель (1990 p.), стор. 89-102). У переміщеному сегменті *Beta procumbens*, тобто, сегменті хромосоми 1 *B. procumbens*, інтегрованому в кінець хромосоми 9 *B. vulgaris*, ген *Hs1pro-1* був ідентифікований шляхом позиційного клонування як причинний фактор (Cai та співавт., *Science* 275 (1997 p.), стор. 832-834). Однак при інтеграції сегменту хромосоми 1 *Beta procumbens* в геном *Beta vulgaris* в рослину привноситься не тільки необхідна стійкість до *Heterodera schachtii*, але і, швидше, часто небажані ознаки, такі як, наприклад, зниження врожайності внаслідок успадкування додаткових генів, які пов'язані з позитивною ознакою стійкості до *Heterodera*. Це явище також відоме під назвою "зчеплений вантаж". Отже, використання цього гена в селекції має обмеження, зумовлені значним зниженням урожайності внаслідок "зчепленого вантажу" та, крім того, зумовлені нестабільністю транслокації.

Ще одне джерело стійкості до нематод було виявлено у дикого морського буряка *B. vulgaris* subsp. *maritima* у матеріалах, зібраних у Франції (Hijner, Meded. Inst. rat. Suikerprod. 21 (1951 p.), стор. 1-13). Однак генетичні та функціональні передумови стійкості до *Heterodera*, та ідентичність генів стійкості досі залишаються зовсім невизначеними.

При цьому, як згадувалося вище, недолік сортів, що володіють описаною стійкістю, полягає в тому, що розвиток сорту є дуже трудомістким і складним внаслідок ускладненої спадковості, і за відсутності зараження таких сортів помітно нижчі показники врожайності у порівнянні зі звичайними сортами. Крім іншого, це може бути пов'язане з епігенетичною взаємодією деяких генів стійкості з генами, що відповідають за вироблення цукру, що призводить до зниження пристосованості рослин за відсутності патогену.

Практичне застосування нових методів селекції, заснованих на редагуванні генів, наприклад, за допомогою нуклеаз TALE або систем CRISPR, а також трансгенних підходів, неможливе, оскільки гени, що беруть участь у розвитку стійкості, не ідентифіковані і не охарактеризовані.

Для стійкої селекції проти бурякової цистоутворюючої нематоди, тобто для протидії небезпеці варіантів *Heterodera*, що долають стійкість, необхідно постійно виявляти нові гени стійкості та інтегрувати їх у генні пули культурних рослин, таких як цукровий буряк. Зокрема, мета полягала у забезпеченні наявності відповідних генів стійкості, які, якщо присутні у рослині, самі собою вже справляють дуже великий домінуючий ефект стійкості до *Heterodera schachtii*. Згідно з винаходом, ця мета досягається за допомогою варіантів здійснення, описаних у формулі винаходу та в описі.

ОПИС ВИНАХІДУ

Даний винахід належить до молекули нуклеїнової кислоти, яка здатна надавати стійкість до патогену роду *Heterodera*, зокрема, до бурякової цистообразующей нематоди *Heterodera schachtii*, в рослині, і, зокрема, *Beta vulgaris* subsp. *vulgaris*. Молекула нуклеїнової кислоти, присутня в рослині, справляє домінуючий ефект стійкості до *Heterodera schachtii*.

Крім того, винахід належить до стійкої до *Heterodera* рослини, рослинної клітини, органу рослини, рослинної тканини, частини рослини, насіння, насінневого матеріалу або нащадку рослини, які ендегенно або трансгенно містять молекулу нуклеїнової кислоти або її частини. Згідно з конкретним необов'язковим варіантом здійснення, виключаються ті рослини та їхні компоненти, які були отримані виключно за допомогою суттєво біологічного процесу.

Способи підвищення стійкості до *Heterodera* у рослини, зокрема у рослини виду *Beta vulgaris*, а також способи отримання або ідентифікації і, можливо, селекції рослини, стійкої до *Heterodera*, також включені в даний винахід. Даний винахід також включає способи моніторингу зараження патогеном *Heterodera schachtii*, а також олігонуклеотиди як зонди та праймери для гібридизації з молекулою нуклеїнової кислоти за даним винаходом.

Отже, даний винахід належить до варіантів здійснення, які перераховані в наступних пунктах та проілюстровані прикладами та фігурами.

[1] Молекула нуклеїнової кислоти для підвищення стійкості до патогену роду *Heterodera* у рослини, в якій експресується молекула нуклеїнової кислоти, що відрізняється тим, що молекула нуклеїнової кислоти обрана з групи, що складається з:

(а) нуклеотидної послідовності, яка містить послідовність, обрану з групи, що складається з SEQ ID №№ 1, 4 та 7, або її функціонального фрагмента;

(b) нуклеотидної послідовності, яка містить кодуючу послідовність, обрану з групи, що складається з SEQ ID №№ 2, 5 та 8, або її функціонального фрагмента;

(c) нуклеотидної послідовності, яка в суворих умовах гібридується з комплементарною послідовністю нуклеотидної послідовності за п. (а), (b), (f) або (g), і переважно, яка, якщо присутня в рослині, здатна надавати стійкість до патогену роду *Heterodera*;

(d) нуклеотидної послідовності, яка містить послідовність ДНК, яка щонайменше на 70 %, щонайменше на 75 %, щонайменше на 80 %, щонайменше на 85 %, щонайменше на 90 %, щонайменше на 92 %, щонайменше на 94 %, щонайменше на 96 %, щонайменше на 97 %, щонайменше на 98 %, або щонайменше на 99 % ідентична послідовності ДНК нуклеотидної послідовності за будь-яким пп. (а), (b), (f) або (g), і, переважно, яка, якщо присутня в рослині, здатна надавати стійкість до патогену роду *Heterodera*;

(e) нуклеотидної послідовності, що містить послідовність ДНК, яка є алелем або похідним (а), (b), (f) або (g), шляхом делеції, заміщення, вставки, транзиції і/або приєднання одного або декількох нуклеотидів, та переважно, яка, якщо присутня у рослині, здатна надавати стійкість до патогену роду *Heterodera*;

(f) нуклеотидної послідовності, що кодує поліпептид з амінокислотною послідовністю, обраної з групи, що складається з SEQ ID № 3, 6 і 9, або її функціонального фрагмента;

(g) нуклеотидної послідовності, що кодує поліпептид з амінокислотною послідовністю, яка щонайменше на 70 %, щонайменше на 75 %, щонайменше на 80 %, щонайменше на 85 %, щонайменше на 90 %, щонайменше на 92 %, щонайменше на 94 %, щонайменше на 96 %, щонайменше на 97 %, щонайменше на 98 % або щонайменше на 99 % ідентична амінокислотній послідовності, обраної з групи, що складається з SEQ ID №№ 3, 6 і 9;

(h) нуклеотидної послідовності, яка є варіантом послідовності ДНК за будь-яким з пп. (а) – (g) внаслідок виродженості генетичного коду, і переважно, яка, якщо присутня у рослині, здатна надавати стійкість до патогену роду *Heterodera*.

[2] Молекула нуклеїнової кислоти за п. [1], що відрізняється тим, що молекула нуклеїнової кислоти надає стійкості до патогену роду *Heterodera*, який переважає в рослині.

[3] Молекула нуклеїнової кислоти за п. [1] або п. [2], що відрізняється тим, що молекула нуклеїнової кислоти походить з *Beta vulgaris* subsp. *maritima*.

[4] Поліпептид, який кодується молекулою нуклеїнової кислоти за одним із пп. [1]-[3].

[5] Вектор або експресійна касета, що містить молекулу нуклеїнової кислоти за одним із пп. [1]-[3], в якій молекула нуклеїнової кислоти переважно гетерологічна вектору або експресійній касеті, або в якій молекула нуклеїнової кислоти переважно пов'язана з гетерологічним регуляторним елементом, переважно промотором або термінатором.

[6] Клітина, яка містить молекулу нуклеїнової кислоти за одним із пп. [1]-[3], вектор або експресійну касету за п. [5], або поліпептид за п. [4], в якій молекула нуклеїнової кислоти або експресійна касета переважно присутня у вигляді ендегену або у вигляді трансгену.

[7] Рослина або її частина, що відрізняються тим, що рослина або її частина містять молекулу нуклеїнової кислоти за одним із пп. [1]-[3] ендегенно або трансгенно, або вектор або експресійну касету за п. [5], причому рослина, що ендегенно містить молекулу нуклеїнової кислоти, переважно є рослиною роду *Beta*, зокрема виду *Beta vulgaris*, але не *Beta vulgaris* subsp. *maritima*. Зазначена рослина переважно являє собою рослину, що має

стійкість до патогену роду *Heterodera*.

[8] Рослина за п. [7], що відрізняється тим, що рослина є гібридною рослиною.

[9] Рослина за п. [7] або п. [8], що відрізняється тим, що молекула нуклеїнової кислоти гетерозиготно або гомозиготно присутня в геномі рослини.

[10] Насіння або нащадки рослини за одним із пп. [7]-[9], причому насіння або нащадок трансгенно чи ендогенно містить молекулу нуклеїнової кислоти за одним із пп. [1]-[3], або вектор або експресійну касету за п. [5].

[11] Насіння за п. [10], яке було технічно оброблено, при цьому технічна обробка вибирається з групи, що складається з:

- (a) шліфування;
- (b) протруювання, переважно дражування;
- (c) інкрустації;
- (d) забарвлення.

[12] Спосіб підвищення стійкості до патогену роду *Heterodera* у рослини, переважно у рослини виду *Beta vulgaris*, що включає наступні етапи:

(i) інтеграція молекули нуклеїнової кислоти за одним із пп. [1]-[3], або вектора або експресійної касети за п. [5] за допомогою репарації, що спрямовується гомологією, або гомологічної рекомбінації, переважно підтримуваної сайт-спрямованою нуклеазою, в геном щонайменше однієї клітини рослини, переважно рослини виду *Beta vulgaris*, та необов'язкова регенерація рослини з рослинної клітини; або

(ii) збільшення експресії молекули нуклеїнової кислоти за одним із пп. [1]-[3] щонайменше в одній клітині рослини, переважно шляхом модифікації нативного промотору або злиття, переважно оперативного зв'язування молекули нуклеїнової кислоти за одним із пп. [1]-[3] з гетерологічним промотором, який має більш високий рівень активності, ніж нативний промотор, зокрема під час або після зараження *Heterodera*, і необов'язкова регенерація рослини щонайменше з однієї рослинної клітини; або

(iii) підвищення активності і/або стабільності поліпептиду за п. [4] шляхом модифікації нуклеотидної послідовності молекули нуклеїнової кислоти за одним із пп. [1]-[3] щонайменше в одній клітині рослини та необов'язкова регенерація рослини щонайменше з однієї рослинної клітини; або

(iv) трансформація рослинної клітини молекулою нуклеїнової кислоти за одним із пп. [1]-[3], або вектором або експресійною касетою за п. [5], та необов'язкова регенерація рослини з трансформованої рослинної клітини;

причому стійкість до *Heterodera* переважно є стійкістю до *Heterodera schachtii*, або рослина переважно є рослиною виду *Beta vulgaris*, переважно *Beta vulgaris* subsp. *vulgaris*, и, зокрема, є цукровим буряком.

[13] Спосіб отримання рослини, що має стійкість до патогену роду *Heterodera* за одним із пп. [7]-[9], що включає наступні етапи:

(a) трансформація рослинної клітини молекулою нуклеїнової кислоти за одним із пп. [1]-[3], або вектором або експресійною касетою за п. [5]; та

(b) регенерація трансгенної рослини з трансформованої рослинної клітини; або

(i) введення сайт-спрямованої нуклеази і матриці репарації в клітину рослини, переважно рослини роду *Beta*, більш переважно рослини виду *Beta vulgaris*, причому сайт-спрямована нуклеаза здатна генерувати щонайменше один одноланцюговий розрив або щонайменше один дволанцюговий розрив ДНК в геномі клітини, переважно проти перебігу транскрипції, по перебігу транскрипції або в межах цільової ділянки, яка є гомологічною молекулі нуклеїнової кислоти за одним із пп. [1]-[3], і матриця репарації містить молекулу нуклеїнової кислоти за одним із пп. [1]-[3];

(ii) культивування клітини з п. (i) в умовах, які допускають репарацію, що спрямовується гомологією, або гомологічну рекомбінацію, при цьому молекула (молекули) нуклеїнової кислоти інтегруються з матриці репарації в геном рослини; і

(iii) регенерація рослини з клітини, модифікованої за п. (ii); або

(I) введення сайт-спрямованої нуклеази або редактора основ у клітину рослини, переважно рослини роду *Beta*, більш переважно рослини виду *Beta vulgaris*, в якій сайт-спрямована нуклеаза генерує щонайменше один одноланцюговий розрив або щонайменше один дволанцюговий розрив ДНК в геномі клітини, переважно проти перебігу транскрипції, по перебігу транскрипції або в межах цільової ділянки, яка є гомологічною молекулі нуклеїнової кислоти за одним з пп. [1]-[3]

(II) культивування клітини з п. (I) в умовах, які допускають модифікацію цільової ділянки, вибирається з:

- (1) заміни щонайменше одного нуклеотиду;
- (2) делеції щонайменше одного нуклеотиду;
- (3) вставки щонайменше одного нуклеотиду; або
- (4) будь-якої комбінації пп. (1)-(3), у якій переважно модифікація збільшує активність і/або стабільність поліпептиду за п. [4]; і

(III) регенерація рослини з клітини, модифікованої в п. (II).

[14] Спосіб за п. [13], який відрізняється тим, що цільова ділянка:

a) знаходиться між маркером s5e3001s02 та маркером s5e4668xxx, або

b) фланкована маркером s5e3001s02 та маркером s5e4668xxx, або

c) містить хромосомний інтервал між маркером s5e3001s02 та маркером s5e4668xxx, та необов'язково містить алельний варіант молекули нуклеїнової кислоти за одним із пп. [1]-[3], причому алельний варіант не надає стійкості до патогену роду *Heterodera* або надає лише незначну стійкість до *Heterodera*, якщо він присутній в рослині.

[15] Спосіб за пп. [13] або [14], який відрізняється тим, що щонайменше один одноланцюговий розрив або щонайменше один дволанцюговий розрив відбувається в позиції, яка знаходиться максимум на 10000 пар основ проти перебігу транскрипції і/або по перебігу транскрипції щодо цільової ділянки, або яка відстоїть максимум на 10000 пар основ від алельного варіанту, визначеного в п. [14].

[16] Рослина або її частина, що отримані або можуть бути отримані способом за одним із пп. [13]-[15].

[17] Спосіб ідентифікації і, необов'язково, отримання або селекції рослини, переважно рослини виду *Beta vulgaris*, яка стійка до патогену роду *Heterodera*, відрізняється тим, що даний спосіб включає щонайменше етап (i) або (ii):

(i) виявлення присутності і/або експресії молекули нуклеїнової кислоти за одним із пп. [1]-[3] або присутності поліпептиду за п. [4] у рослині або частині рослини; і/або

(ii) виявлення щонайменше однієї ділянки косегрегованої з нуклеотидною послідовністю молекули (молекул) нуклеїнової кислоти за одним із пп. [1]-[3]; і

(iii) необов'язково селекція рослини, що володіє стійкістю до патогену роду *Heterodera*, переважно *Heterodera schachtii*.

[18] Спосіб ідентифікації молекули нуклеїнової кислоти, яка, якщо є в рослині, здатна надавати стійкість до патогену роду *Heterodera* в рослині, переважно в рослині виду *Beta vulgaris*, який відрізняється тим, що даний спосіб включає наступні етапи:

(i) порівняння амінокислотної послідовності поліпептиду за п. [4] з амінокислотними послідовностями з бази даних послідовностей або ідентифікація алельних варіантів, що кодують поліпептид за п. [4] у генотипах рослини;

(ii) ідентифікація амінокислотної послідовності або алельного варіанта, що кодує амінокислотну послідовність, в якій амінокислотна послідовність щонайменше на 70 %, щонайменше на 75 %, щонайменше на 80 %, щонайменше на 85 %, щонайменше на 90 %, щонайменше на 92 %, щонайменше на 94 %, щонайменше на 96 %, щонайменше на 97 %, щонайменше на 98 % або щонайменше на 99 % ідентична амінокислотної послідовності поліпептиду за п. [4];

(iii) введення молекули нуклеїнової кислоти або алельного варіанту, що кодує ідентифіковану амінокислотну послідовність, у рослину, переважно у рослину виду *Beta vulgaris*, і експресія молекули нуклеїнової кислоти в рослині; і

(iv) виявлення стійкості до патогену роду *Heterodera*.

[19] Спосіб культивування рослин, переважно рослин виду *Beta vulgaris*, що включає:

(i) отримання рослин за одним із пп. [7]-[9], отримання рослин за допомогою способу по одному з пп. [13]-[16], або ідентифікацію та селекцію рослин за допомогою способу за п. [17], і

(ii) культивування рослин з п. (i) або їхніх нащадків,

при цьому цей спосіб протидіє зараженню культурних рослин патогеном роду *Heterodera*.

[20] Олігонуклеотид довжиною щонайменше 15, 16, 17, 18, 19 або 20, переважно щонайменше 21, 22, 23, 24 або 25, дуже переважно щонайменше 30, 35, 40, 45 або 50, та особливо переважно щонайменше 100, 200, 300 або 500 нуклеотидів, який специфічно гібридується з нуклеотидною послідовністю, як визначено в одному з пп. [1]-[3].

[21] Пара олігонуклеотидів, переважно олігонуклеотиди за п. [20] або набір, що містить ці олігонуклеотиди, в якій олігонуклеотиди придатні для гібридизації як прямий праймер і зворотний праймер для ділянки в геномі *Beta vulgaris*, яка косегрегується яка косегрегується в *Beta vulgaris* із стійкістю до патогену роду *Heterodera*, що надається молекулою нуклеїнової кислоти за одним із пп. [1]-[3], при цьому переважно ділянка в геномі *Beta vulgaris* знаходиться між маркером s5e3001s02 і маркером s5e4668xxx, фланкована маркером s5e3001s02 і маркером s5e4668xxx, або містить хромосомний інтервал між маркером s5e3001s02 і маркером s5e4668xxx.

[22] Використання молекули нуклеїнової кислоти за одним із пп. [1]-[3] у виробництві стійких до *Heterodera* рослин підвиду *Beta vulgaris subsp. vulgaris*.

[23] Спосіб, рослина або частина рослини, або пара олігонуклеотидів за будь-яким із попередніх пунктів, в якому

s5e3001s02 є одонуклеотидним поліморфізмом (SNP), переважно в позиції 56940072 п.о. хромосоми 5, що належить до генотипу EL10 *Beta vulgaris*, при цьому вказаний нуклеотид є нуклеотидом G або T, переважно одонуклеотидний поліморфізм (SNP), як зазначено в SEQ ID № 10 або 11, більш переважно зазначений нуклеотид є нуклеотидом T; і/або

s5e4668xxx є одонуклеотидним поліморфізмом (SNP), переважно в позиції 57809807 п.о. хромосоми 5, що належить до генотипу EL10 *Beta vulgaris*, при цьому вказаний нуклеотид є нуклеотидом G або T, переважно одонуклеотидний поліморфізм (SNP), як зазначено в SEQ ID № 12 або 13, більш переважно вказаний нуклеотид є нуклеотидом T.

[24] Рослина за п. [7], в якій рослина або дражоване насіння такої рослини має геном, що забезпечує розвиток тіла буряка з мінімальною свіжою масою 200 г, 250 г, 300 г, 350 г, 400 г, 450 г або 500 г, та максимальною масою 100 г, 1100 г, 1200 г, 1300 г, 1400 г, 1500 г, 1600 г, 1700 г, 1800 г, 1900 г або 2000 г.

[25] Рослина за п. [7] або [24], рослина цукрового буряка або дражоване насіння такої рослини, в якій геном рослини цукрового буряка забезпечує розвиток тіла буряка з концентрацією цукрози у свіжій масі тіла буряка щонайменше 10 %, 11 %, 12 %, 13 %, 14 %, 15 %, 16 %, 17 %, 18 %, 19 % або навіть 20 % (відсотків за масою).

[26] Молекулярний маркер, олігонуклеотид або праймер, що містить один із наступних SEQ ID №№, зазначених в таблиці 4, або SEQ ID №, обраний з групи, що складається з SEQ ID №№ 10-13.

[27] Молекулярний маркер, олігонуклеотид або праймер, отриманий з молекулярного маркера, олігонуклеотиду або праймера за п. [26], причому молекулярний маркер, олігонуклеотид або праймер придатні для селекції рослини, що містить молекулу нуклеїнової кислоти за п. [1].

[28] Молекулярний маркер, олігонуклеотид або праймер за п. [26] або [27], що містять одну або кілька хімічних модифікацій або домішок, обраних з групи, що складається з: нуклеотидів з видаленою азотистою основою; нуклеотидів 8'охо dA і/або 8'охо dG; зворотней основи на їхньому 3'-кінці; 2'-О-метильних нуклеотидів; 5'-кінцевого кепса; модифікації остова, обраної з групи, що складається з модифікації фосфотіоату, модифікації метилфосфонату, модифікації закритої нуклеїнової кислоти (LNA), модифікації О-(2-метоксиетил) (МОЕ), модифікації ді PS та модифікації пептидної нуклеїнової кислоти (PNA); внутрішньотяжових містків;

флуоресцентних барвників, кон'югованих із ними; флуоресцентних барвників, кон'югованих з ними на 5' або 3' кінці GRON; та однієї або кількох основ, які збільшують енергію гібридації; 2'-О-метильних нуклеотидів на їхньому 5' кінці; 2'-О-метильних нуклеотидів на їхньому 3' кінці, флуоресцентного барвника, кон'югованого з їхнім 5'-кінцем, флуоресцентного барвника, кон'югованого з їхнім 3'-кінцем, залишків фосфотіоату на їхньому 5'-кінці, залишків фосфотіоату на їхньому 3'-кінці, 3'-блокуючих заступників, 5'-блокуючих заступників, як 3'-, так і 5'-блокуючих заступників.

По-перше, деякі терміни, які використовуються в даній заявці, докладно пояснені нижче:

Рід *Heterodera* включає різні види, наприклад, види *Heterodera amygdali*, *Heterodera arenaria*, *Heterodera aucklandica*, *Heterodera avenae*, *Heterodera bergeniae*, *Heterodera bifenestra*, *Heterodera cacti*, *Heterodera cajani*, *Heterodera canadensis*, *Heterodera cardiolata*, *Heterodera carotae*, *Heterodera cicero*, *Heterodera cruciferae*, *Heterodera delvii*, *Heterodera elachista*, *Heterodera filipjevi*, *Heterodera gambiensis*, *Heterodera glycines*, *Heterodera goettingiana*, *Heterodera hordecalis*, *Heterodera humuli*, *Heterodera latipons*, *Heterodera longicaudata*, *Heterodera medicaginis*, *Heterodera oryzae*, *Heterodera oryzicola*, *Heterodera rosii*, *Heterodera rostochiensis*, *Heterodera sacchari*, *Heterodera schachtii*, *Heterodera tabacum*, *Heterodera trifolii*, *Heterodera ustinovii* та *Heterodera zeae*.

У поєднанні із зазначенням довжини нуклеотидної послідовності термін "приблизно" означає відхилення на +/- 200 пар основ, переважно +/- 100 пар основ і особливо переважно на +/- 50 пар основ.

"Рослина роду *Beta*" належить до сімейства амарантових (*Amaranthaceae*). До числа цих рослин входять рослини видів *Beta macrocarpa*, *Beta vulgaris*, *Beta lomatogona*, *Beta macrorhiza*, *Beta corolliflora*, *Beta trigyna* і *Beta pana*. Рослина виду *Beta vulgaris* є, зокрема, рослиною підвиду *Beta vulgaris* subsp. *vulgaris*. Наприклад, до неї належать *Beta vulgaris* subsp. *vulgaris* var. *altissima* (цукровий буряк у вузькому сенсі), *Beta vulgaris* ssp. *vulgaris* var. *vulgaris* (листовий буряк), *Beta vulgaris* ssp. *vulgaris* var. *conditiva* (подсвекольник /червоний буряк), *Beta vulgaris* ssp. *vulgaris* var. *crassa/alba* (кормовий буряк). Слід зазначити, що нуклеїнова кислота за даним винаходом не зустрічається в природі в цукровому буряку, листовому буряку, підсвекольнику або кормовому буряку, але може бути введена в них людиною.

"Функціональний фрагмент" нуклеотидної послідовності означає сегмент нуклеотидної послідовності, який має функціональність, ідентичну або порівнянну з функціональністю повної нуклеотидної послідовності, з якої походить функціональний фрагмент. Функціональний фрагмент як такий може володіти нуклеотидною послідовністю, яка ідентична або гомологічна загальній нуклеотидній послідовності за довжиною щонайменше 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 92 %, 94 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 %. Сюди також явно входить діапазон від 90 % до 100 %. Крім того, "функціональний фрагмент" нуклеотидної послідовності може також означати сегмент нуклеотидної послідовності, який змінює функціональність всієї нуклеотидної послідовності, наприклад, під час посттранскрипційного або транскрипційного сайленсінгу генів. Функціональний фрагмент нуклеотидної послідовності як такої може містити щонайменше 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24 або 25, переважно щонайменше 30, 35, 40, 45, 50, 60, 70, 80, 90, 100, 120 або 140, і особливо переважно щонайменше 160, 180, 200, 250, 300, 350, 400, 450, 500, 600, 700, 800, 900, або 1000 послідовних нуклеотидів загальної нуклеотидної послідовності. Сюди також явно входить діапазон від 21 % до 50 % нуклеотидів.

"Функціональна частина" білка означає сегмент білка або ділянку амінокислотної послідовності, який кодує білок, при цьому сегмент може проявляти функціональність, ідентичну або порівнянну з функціональністю всього білка в рослинній клітині. По довжині щонайменше 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 92 %, 94 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % функціональна частина білка містить амінокислотну послідовність, яка ідентична або, з урахуванням консервативних та напівконсервативних амінокислотних обмінів, аналогічна білку, з якого походить функціональна частина.

Термін "гетерологічний" означає, що введений полінуклеотид походить з клітини або організму з іншим фоновим генотипом, того ж виду або іншого виду, або є гомологічним прокаріотичний або еукаріотичний клітині-хазяїна, але потім знаходиться в іншому генетичному середовищі і, таким чином, відрізняється від відповідного полінуклеотиду, який, можливо, присутній природним чином. Гетерологічний полінуклеотид може бути присутнім на додаток до відповідного ендogenous гена.

За змістом винаходу під "гомологом" розуміється білок однакового філогенетичного походження; під "аналогом" розуміється білок, який виконує аналогову функцію, але має інше філогенетичне походження; під "ортологом" розуміється білок з іншого виду, який виконує ту саму функцію; і під "паралогом" розуміється білок, який з'явився всередині виду внаслідок дублювання, при цьому ця копія зберігає аналогову функцію білка, змінює шаблон його експресії, але не функцію, змінює його функцію білка або розділяє вихідну функцію гена між обома копіями.

Під "гібридацією" слід розуміти процес, в якому одноланцюгова молекула нуклеїнової кислоти пов'язується з ланцюгом нуклеїнової кислоти, яка комплементарна максимально можливою мірою, тобто утворює з нею пари основ. Стандартні методи гібридації описані, наприклад, в Sambrook и співавт., *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, 3-е вид., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Колд-Спринг-Харбор, Нью-Йорк, 2001 р. Під цим переважно розуміють, що щонайменше 60 %, більш переважно щонайменше 65 %, 70 %, 75 %, 80 % або 85 %, і особливо переважно 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % основ молекули нуклеїнової кислоти утворюють пари основ з ланцюгом нуклеїнової кислоти, яка є комплементарною максимально можливою мірою. Можливість такого відпаду залежить від суворості умов гібридації. Термін "суворість" належить до умов гібридації. Висока суворість присутня у тому разі, коли спарювання основ ускладнене; низька суворість присутня у тому разі, коли спарювання основ спрощено. Наприклад, суворість умов гібридації залежить від концентрації солі або йонної сили та температури. В цілому, суворість може бути збільшена шляхом підвищення температури і/або зменшення вмісту солі. Під "суворими умовами гібридації" слід розуміти умови, за яких гібридація відбувається переважно лише між гомологічними молекулами нуклеїнових кислот. Отже, термін "умови гібридації" належить не тільки до умов, що переважають при фактичному додаванні нуклеїнових кислот, але також і до умов, що переважають наступні стадії промивання. Наприклад, суворі умови гібридації

являють собою умови, за яких гібридизуються переважно лише ті молекули нуклеїнових кислот, які мають щонайменше 70 %, переважно щонайменше 75 %, щонайменше 80 %, щонайменше 85 %, щонайменше 90 % або щонайменше 95 % ідентичності послідовностей. Суворими умовами гібридизації є, наприклад: гібридизація в 4 x SSC (розчин цитрату і хлориду натрію) при 65 °C і подальше повторне промивання в 0,1 x SSC при 65 °C протягом загалом приблизно 1 години. Гібридизація відбувається переважно у суворих умовах.

Щодо нуклеїнової кислоти у формі дволанцюгової ДНК "комплементарна" нуклеотидна послідовність означає, що другий ланцюг ДНК, комплементарний першому ланцюзі ДНК, має нуклеотиди, відповідні основ першого ланцюга, відповідно до правил спарювання основ. Комплементарна послідовність переважно повністю комплементарна контрпослідовності і, таким чином, переважно має ту ж довжину.

Під "ізолюваною молекулою нуклеїнової кислоти" розуміється молекула нуклеїнової кислоти, екстрагована з її природного чи вихідного середовища. Цей термін також включає молекулу нуклеїнової кислоти, отриману синтетичним способом. Під "ізолюваним поліпептидом" розуміється поліпептид, екстрагований з його природного чи вихідного середовища. Цей термін також включає поліпептид, отриманий синтетичним способом.

"Молекулярний маркер" є нуклеїновою кислотою, яка є поліморфною в популяції рослин і використовується як еталон або орієнтир. Маркер виявлення явища рекомбінації повинен бути придатний для моніторингу відмінностей або поліморфізмів у популяції рослин. Отже, подібний маркер здатний виявляти та розрізняти різні алельні стани (алелі). Термін "молекулярний маркер" також належить до нуклеотидних послідовностей, які є комплементарними або щонайменше значною мірою комплементарними або гомологічними щодо геномних послідовностей, наприклад, нуклеїнових кислот, що використовуються як зонди або праймери. Ці відмінності на рівні ДНК повинні бути виявлені як маркери і являють собою, наприклад, відмінності в полінуклеотидних послідовностях, наприклад, SSR (прості послідовності, що повторюються), RFLP (поліморфізми довжин рестрикційних фрагментів), FLP (поліморфізми довжин фрагментів) або SNP (однонуклеотидні поліморфізми). Маркери можуть бути отримані з геномних або експресованих нуклеїнових кислот, наприклад, сплайсованих РНК, кДНК або EST (маркерні послідовності, що експресуються), і можуть також належити до нуклеїнових кислот, які використовуються як пари зондів або праймерів, і як такі придатні для ампліфікації фрагмента послідовності з використанням способів, заснованих на ПЛР. Маркери, які описують генетичні поліморфізми (між частинами популяції), можуть бути виявлені з використанням добре обґрунтованих способів попереднього рівня техніки (An Introduction to Genetic Analysis, 7-е видання, Griffiths, Miller, Suzuki та співавт., 2000 р.). В їх число входять, наприклад, секвенування ДНК, заснована на ПЛР і специфічна для послідовності ампліфікація, перевірка RFLP, перевірка полінуклеотидних поліморфізмів за допомогою аллель-специфічної гібридизації (ASH), виявлення ампліфікованих варіабельних послідовностей геному рослини, виявлення 3SR (реплікація послідовностей, що самопідтримується), виявлення SSR, SNP, RFLP або AFLP (поліморфізми довжин ампліфікованих фрагментів). Крім того, також відомі способи виявлення EST (маркерних послідовностей, що експресуються) і SSR-маркерів, отриманих з послідовностей EST і RAPD (випадково ампліфікованої поліморфної ДНК). Залежно від контексту, термін "маркер" в описі також може означати конкретне положення хромосоми в геномі виду, де може бути виявлений конкретний маркер (наприклад, SNP).

Маркери також включають синтетичні олігонуклеотиди, які можуть бути пов'язані з однією або декількома молекулами виявлення, причому молекули виявлення можуть бути використані для реакції виявлення або генерації сигналу в рамках способу верифікації. Синтетичні олігонуклеотиди також включають мічені праймери. Мічені праймери є штучними сполуками, які не зустрічаються в природі і не можуть бути виділені із природи. Отримання таких сполук докладно описано далі.

"Промотор" являє собою нетрансльовану регуляторну послідовність ДНК, зазвичай розташовану проти перебігу транскрипції від ділянки кодування, яка містить точку зв'язування для РНК-полімерази і ініціює транскрипцію ДНК. Крім того, промотор містить інші елементи, які діють як ген-регулятор експресії генів (наприклад, цис-регуляторні елементи). "Основний або мінімальний промотор" є промотором, який містить основні елементи, необхідні для ініціації транскрипції (наприклад, TATA-бокс і/або ініціатор).

"Патоген" означає організм, який при взаємодії з рослиною призводить до появи симптомів захворювання в одному або кількох органах рослини. Використовуваний термін "патоген" означає нематоду, зокрема нематоду роду *Heterodera*.

Під "патогенною інфекцією" слід розуміти найбільш ранній момент часу, в який патоген взаємодіє з тканиною рослини-хазяїна. У цьому сенсі "зараження" означає виникнення контакту між патогеном та хазяїном. У разі *Heterodera schachtii* цисти активуються в ґрунті, молоді особини вилуплюються після завершення розвитку до молодих особин другої стадії, і заражають коріння рослин-хазяїнів. Нематоди проникають в зону розтягу за верхівкою кореня та ініціюють трансформацію кореневих клітин у синцитії (спеціалізовані поживні структури). Синцитії збільшуються одночасно з розвитком нематод до дорослих особин і можуть призвести до порушення функціонування коріння, що обмежує врожайність і призводить до втрати врожаю. За відсутності рослин-хазяїнів *Heterodera schachtii* здатний виживати в цистах у ґрунті протягом багатьох років.

"Органи" рослини означають, наприклад, листя, пагін, стебло, коріння, гіпокотиль, вегетативні бруньки, меристеми, зародки, пиляки, яйцеклітину, насіння або плоди. "Частини рослини" включають без обмеження пагін або стебло, листя, квіти, суцвіття, коріння, плоди і насіння, а також пилки. Термін "частини рослини" також означає поєднання кількох органів, наприклад, квітка або насіння, або частина органу, наприклад, поперечний розріз пагіна рослини. "Тканинами" рослини є, наприклад, калюсна тканина, що запасає тканину, меристематична тканина, тканина листа, тканина пагіна втечі, тканина кореня, тканина пухлини рослини або репродуктивна тканина, а також камбій, паренхіма, судинна тканина, склеренхіма та епідерміс. При цьому тканини не обмежуються цим переліком. Наприклад, під рослинними "клітинами" слід розуміти, наприклад, ізолювані клітини з клітинною стінкою або їх скупчення, або протопласти.

Щодо даного винахіду термін "регуляторна послідовність" належить до нуклеотидної послідовності, яка впливає на специфічність і/або силу експресії, наприклад, у тому сенсі, що регуляторна послідовність надає

певної тканинної специфічності. Така регуляторна послідовність може бути розташована проти перебігу транскрипції від точки ініціації транскрипції мінімального промотора, але також і по перебігу транскрипції від неї, наприклад, транскрибуємою, але не транслюємою лідерної послідовності або всередині інтрону. Термін "регуляторна послідовність" може також охоплювати весь промотор або цис-елемент, який придатний для використання всередині промотора.

Термін "стійкість" слід розуміти широко, і він охоплює діапазон захисту від вповільнення до повного блокування розвитку хвороби. Одним із прикладів важливого патогена є *Heterodera schachtii*. Стька рослинна клітина за винаходом або стійка рослина за винаходом переважно досягає стійкості до *Heterodera schachtii*, яка визначається як здатність рослини обмежувати розмноження нематод. Наприклад, збільшення стійкості може бути виміряно шляхом взяття зразків ґрунту та визначення кількості нематод і/або шляхом визначення кількості цист, що утворюються на коренях рослин.

"Трансгенна рослина" належить до рослини, геном якої інтегрований щонайменше один полінуклеотид. Отже, він може бути гетерологічним полінуклеотидом або екзогенним полінуклеотидом. Полінуклеотид переважно є стабільно інтегрованим, що означає стабільне збереження інтегрованого полінуклеотиду в рослині, його експресію, а також можливість стабільної передачі нащадкам. Стабільне введення полінуклеотиду в геном рослини також включає інтеграцію в геном рослини попереднього батьківського покоління, при цьому полінуклеотид може стабільно передаватися далі. Термін "гетерологічний" означає, що введений полінуклеотид походить з клітини або організму з іншим фоновим генотипом, при цьому клітина або організм можуть належати до того ж виду або іншого виду, або є гомологічними прокаріотичної або еукаріотичної клітини-господарю, наприклад, але потім розташовуються в іншому генетичному середовищі і, таким чином, відрізняються від відповідного полінуклеотиду, який, можливо, присутній природним чином. Гетерологічний полінуклеотид може бути присутнім на додаток до відповідного ендегенного гена.

Використовуваний тут термін "рослина" означає будь-яка дводольна або однодольна рослина, зокрема рослина сімейства *Amaranthaceae*, така як *Beta vulgaris* і *Spinacia oleracea*, і *Brassicaceae*, така як *Brassica napus*, *Brassica oleracea*, *Brassica rapa*, *Raphanus sativus*, *Brassica juncea*, *Brassica nigra*, *Eruca vesicaria subsp. sativa*.

Зразки та варіанти здійснення даного винаходу описані як приклад з посиланням на очікувані послідовності та фігури.

Фіг. 1 Ілюстрація картування та складання послідовності в цільовій ділянці на хромосомі 5 (вісь x: фізична відстань у тисячах пар основ (1 тис. = 1000 п.о.)):

Верхня частина = складання з дев'яти анотованих генів (#1 - #9); напрямок стрілок позначає 5'-3'-напрямок кожного передбачуваного гена.

Середня частина = ілюстрації різних генетичних інтрогресії зразків з явищ рекомбінації *B. vulgaris subsp. maritima* (BM) зазначені відповідно до їх локалізації.

Нижня частина = фізичне картування генів-кандидатів LRR1, LRR2 та LRR3 відповідно до SEQ ID №№ 1, 4 та 7.

ДОКЛАДНИЙ ОПИС ВИНАХІДУ

Даний винахід належить до молекули нуклеїнової кислоти, яка здатна надавати стійкість до патогену роду *Heterodera*, якщо присутня в рослині, зокрема, в рослині виду *Beta vulgaris*, більш переважно в *Beta vulgaris subsp. vulgaris*. Зокрема, молекула нуклеїнової кислоти надає стійкості до патогену роду *Heterodera* в рослині, в якій експресується поліпептид, що кодується молекулою нуклеїнової кислоти. Відповідно до найкращого варіанта здійснення винаходу патогеном є *Heterodera schachtii*, який є однією з найважливіших патогенних нематод цукрового буряка і може викликати втрату врожаю до 80 %. *Heterodera schachtii* може призвести до значної втрати врожаю не тільки цукрових буряків, але й інших видів буряків, таких як червоний та листовий буряк, ревінь та шпинат, а також овочевих культур *Brassica*, таких як капуста, пекінська капуста, цвітна капуста, брюссельська капуста, броколі, ріпа, редис та бруква, шляхом серйозного пошкодження кореневої системи.

Даний винахід заснований на генетичному точному картуванні, ідентифікації, виділенні та характеристиці гена та локусу гена, відповідно, який походить від донора *Beta vulgaris subsp. maritima*, присутність якого в рослині, зокрема, *Beta vulgaris subsp. vulgaris*, що корелює зі стійкістю відповідної рослини до зараження *Heterodera* або є причиною такої стійкості. Вихідним матеріалом була популяція *Beta vulgaris subsp. maritima*, зібрана у Франції (Hijner, 1951).

За допомогою інтенсивного точного картування та клонування на основі карт було ідентифіковано та секвеновано локус стійкості, що дозволяє провести порівняння послідовностей між стійким та чутливим еталонним генотипом (Фіг. 1). Було показано, що цільова ділянка має високий рівень складності, оскільки локус стійкості містить великі дуплікації послідовностей, і, зокрема, у чутливих генотипах кілька ретротранспозонів вбудовані в цільову ділянку. Було встановлено, що локус стійкості містить сім анотованих генів, включаючи три тандемно повторювані гени LRR, які були визначені як гени-кандидати, що надають стійкість до *Heterodera* (LRR1, LRR2 і LRR3), причому ці три гени LRR демонструють схожість послідовностей.

Отже, даний винахід належить до молекули нуклеїнової кислоти і поліпептиду, що кодується зазначеною молекулою нуклеїнової кислоти, відповідно, що надають переважно стійкість до патогену роду *Heterodera*, зокрема *Heterodera schachtii*. Молекула нуклеїнової кислоти за даним винаходом надає, зокрема, рослині роду *Beta*, стійкість до цього патогену. Молекула нуклеїнової кислоти за даним винаходом може бути ізольованою молекулою нуклеїнової кислоти. Переважно, це ДНК, і особливо переважно кДНК (кодує ДНК). Рослина переважно є рослиною виду *Beta vulgaris*, особливо переважно рослиною підвиду *Beta vulgaris subsp. vulgaris*; до них належать, наприклад, сорти цукрових буряків, підсвекольника, кормового буряка, листового буряка та мангольду.

В одному варіанті здійснення даного винаходу молекула нуклеїнової кислоти відповідно винаходу містить нуклеотидну послідовність, яка містить послідовність ДНК, зазначену в будь-якому з SEQ ID №№ 1, 4 і 7, і/або кодує послідовність відповідно до будь-якого з SEQ ID №№ 2, 5 та 8. Крім того, у даному винаході

запропонована нуклеотидна послідовність, яка кодує поліпептид з амінокислотною послідовністю відповідно до одного з SEQ ID №№ 3, 6 і 9.

Як згадувалося вище, ген, ідентифікований за даним винаходом, є геном/білком стійкості типу NBS-LRR, який характеризується специфічними структурними мотивами. Загальна структура таких білків стійкості в рослинах вже добре вивчена (Martin та співавт., Annual Review Plant Biology, 54 (2003 p.), стор. 23-61). Однак принцип структурного варіанта здійснення – зокрема, того, що відомо як домен LRR, який застосовується як потенційний домен виявлення для більшості невідомих патогенних ефекторів – непередбачуваний, і функціональний фон генів стійкості, тобто, генетична структура, зазвичай значною мірою невідомий. Отже, ідентифікація гена чи білка, що надає стійкість до *Heterodera*, виключно на основі відомого структурного мотиву неможлива. Крім того, ділянка послідовності, як виявилось, має високий рівень складності, оскільки локус стійкості містить велику дуплікацію послідовності, і в чутливих генотипах кілька ретротранспозонів вбудовані в цільову ділянку, що особливо ускладнює розробку діагностичних маркерів, а також збір даних послідовності.

Крім того, послідовність ДНК нуклеотидної послідовності за даним винаходом можуть бути введені заміщення, делеції, вставки, приєднання і/або будь-які інші зміни, які окремо або в комбінаціях фактично змінюють нуклеотидну послідовність, при цьому модифікована нуклеотидна послідовність, тим не менш, може виконувати ту ж саму функцію, що і початкова послідовність. Розглянутий випадок охоплює послідовність нуклеїнових кислот, що містить послідовність ДНК, яка є алелем або похідним немодифікованої послідовності нуклеїнових кислот з даного винаходу і яка, якщо присутня в рослині, надає стійкість до патогену роду *Heterodera*, зокрема *Heterodera schachtii*. Крім того, у даному випадку йдеться про кодування амінокислотної послідовності, яка надає стійкість до патогену роду *Heterodera*, зокрема до *Heterodera schachtii*. Отже, в додатковому варіанті здійснення винахід включає нуклеотидну послідовність, яка кодує поліпептид, що являє собою похідне поліпептиду, який кодується нуклеотидною послідовністю за даним винаходом, або який включає амінокислотну послідовність за даним винаходом. Похідна амінокислотна послідовність, яка має щонайменше одне заміщення, делецію, вставку або приєднання однієї або декількох амінокислот, при яких функціональність поліпептиду/білка, що кодується, зберігається, являє собою похідне поліпептиду. Заміщення, делеції, вставки, приєднання і/або будь-які інші зміни окремо або в комбінаціях, які фактично змінюють нуклеотидну послідовність, але виконують ту ж функцію, що і вихідна послідовність, таким чином можуть бути введені в нуклеотидну послідовність з використанням звичайних способів, які відомі з попереднього рівня техніки, наприклад, за допомогою сайт-спрямованого мутагенезу, методики TILLING (Targeting Induced Local Lesions in Genomes – цілеспрямований пошук індукованих локальних пошкоджень в геномах), ПЛР-опосередкованого мутагенезу, хімічно індукованого мутагенезу, редагування геному і т.д.

Заміщення однієї амінокислоти іншою амінокислотою з однаковими або еквівалентними або подібними хімічними/фізичними властивостями називається "консервативним заміщенням" або "напівконсервативним заміщенням". Прикладами фізичних/хімічних властивостей амінокислоти є, наприклад, гідрофобія чи заряд. Фахівцю в даній галузі техніки відомо, яка амінокислотна заміна є консервативним або напівконсервативним заміщенням. Більш того, загальні знання дозволяють фахівцю в даній галузі техніки розпізнавати, ідентифікувати та виявляти, які амінокислотні делеції та приєднання нешкідливі для функціональності стійкого білка, і в яких позиціях вони можливі. Фахівцеві в даній галузі техніки відомо, що у разі справжнього білка NBS-LRR для модифікації амінокислотної послідовності (заміщення, делеції, вставки або приєднання однієї або декількох амінокислот) функціональність, зокрема, консервативних доменів має бути збережена, і що таким чином у цих доменах можливі лише обмежені попередні модифікації.

Отже, винахід включає функціональний фрагмент нуклеотидної послідовності за даним винаходом. Отже, термін "фрагмент" включає гени з нуклеотидною послідовністю, досить подібною до вищезгаданої нуклеотидної послідовності. Термін "досить подібний" означає, що перша нуклеотидна послідовність або амінокислотна послідовність має достатню або мінімальну кількість ідентичних або еквівалентних нуклеотидів або амінокислотних груп щодо другої нуклеотидної послідовності або другої амінокислотної послідовності.

Щодо амінокислотної послідовності, то після модифікації, наприклад, за допомогою вищезгаданого способу, вона також має загальний структурний домен і/або має загальну функціональну активність. Нуклеотидні послідовності або амінокислотні послідовності, які мають щонайменше 70 %, щонайменше 75 %, щонайменше 80 %, щонайменше 85 %, щонайменше 90 %, щонайменше 91 %, щонайменше 92 %, щонайменше 93 %, щонайменше 94 %, щонайменше 95 %, щонайменше 96 %, щонайменше 97 %, щонайменше 98 %, щонайменше 99 % або щонайменше 100 % ідентичність з нуклеотидною послідовністю або амінокислотною послідовністю за даним винаходом, визначені тут як досить подібні. Сюди також явно входить діапазон від 90 % до 100 %. Для функціональних фрагментів достатня подібність встановлюється в тому разі, коли нуклеотидна послідовність або амінокислотна послідовність в цілому має таку ж властивість, що і раніше названа нуклеотидна послідовність або амінокислотна послідовність за даним винаходом. Ті нуклеотидні послідовності, які кодують похідне або код для похідної амінокислотної послідовності, генеруються прямо або опосередковано (наприклад, за допомогою стадій ампліфікації або реплікації) з вихідної нуклеотидної послідовності, яка відповідає нуклеотидній послідовності за даним винаходом по всій довжині або щонайменше частково.

Відповідно, даний винахід включає нуклеотидну послідовність, яка здатна гібридизуватися в суворих умовах з нуклеотидною послідовністю, комплементарної нуклеотидної послідовності за даним винаходом або нуклеотидної послідовності, яка кодує амінокислотну послідовність за даним винаходом, і при цьому зазначена нуклеотидна послідовність, переважно присутня і/або що експресує в рослині, здатна надавати стійкість до патогену роду *Heterodera*.

Крім того, загальновідомо, що генетичний код є надлишковим, тим самим демонструючи безліч комбінацій кодонів із трьох пар основ, що визначають амінокислоту. Отже, даний винахід включає варіантну послідовність ДНК внаслідок виродженості генетичного коду, яка, тим не менш, як і раніше переважно, якщо присутня і/або експресується в рослині, здатна надавати стійкість до патогену роду *Heterodera*.

В одному варіанті здійснення даного винаходу молекула (молекули) нуклеїнової кислоти за даним винаходом окремо або в комбінації надає (надають) стійкість до патогену роду *Heterodera*, переважно якщо присутні і/або експресуються в рослині, більш переважно, якщо стійкість до патогену роду *Heterodera* є стійкістю до *Heterodera schachtii* і/або рослина є рослиною підвиду *Beta vulgaris* subsp. *vulgaris*.

Описані комбінації молекул нуклеїнових кислот за даним винаходом або локусу стійкості за даним винаходом відрізняються тим, що, переважно коли вони присутні в рослині і/або при експресії в рослині, вони надають домінуючий ефект стійкості до патогену роду *Heterodera*, переважно *Heterodera schachtii*, або що вони кодують поліпептиди, які здатні надавати домінуючий ефект стійкості до патогену роду *Heterodera*, переважно до *Heterodera schachtii*.

Відповідно, в одному варіанті здійснення даного винаходу комбінація щонайменше двох або трьох молекул нуклеїнових кислот надає стійкість до патогену роду *Heterodera*, зокрема *Heterodera schachtii*, переважно коли вона присутня і/або експресується в рослині, переважно в рослині підвиду *Beta vulgaris* subsp. *vulgaris*, при цьому щонайменше дві або три молекули нуклеїнової кислоти обрані з групи, що складається з:

(а) молекули нуклеїнової кислоти, що містить нуклеотидну послідовність за даним винаходом, яка включає послідовність ДНК, зазначену в SEQ ID № 1, послідовність кДНК, зазначену в SEQ ID № 2, яка гібридизується з комплементарною послідовністю нуклеотидної послідовності відповідно до SEQ ID № 1 або 2, яка кодує поліпептид, що має амінокислотну послідовність, зазначену в SEQ ID № 3, і/або яка є одним з вищезгаданих алелей, похідних або варіантів нуклеїнової та амінокислотної послідовності;

(b) молекули нуклеїнової кислоти, що містить нуклеотидну послідовність за даним винаходом, яка включає послідовність ДНК, зазначену в SEQ ID № 4, послідовність кДНК, зазначену в SEQ ID № 5, яка гібридизується з комплементарною послідовністю нуклеотидної послідовності відповідно до SEQ ID № 4 або 5, яка кодує поліпептид, що має амінокислотну послідовність, зазначену в SEQ ID № 6, і/або яка є одним з вищезгаданих алелей, похідних або варіантів нуклеїнової та амінокислотної послідовності;

(с) молекули нуклеїнової кислоти, що містить нуклеотидну послідовність за даним винаходом, яка включає послідовність ДНК, зазначену в SEQ ID № 7, послідовність кДНК, зазначену в SEQ ID № 8, яка гібридизується з комплементарною послідовністю нуклеотидної послідовності відповідно до SEQ ID № 7 або 8, яка кодує поліпептид, що має амінокислотну послідовність, зазначену в SEQ ID № 9, і/або яка є одним з вищезгаданих алелей, похідних або варіантів нуклеїнової та амінокислотної послідовності.

У конкретному варіанті здійснення даного винаходу комбінація двох молекул нуклеїнових кислот, описаних у пп. (а) і (b), надає стійкість до *Heterodera*, зокрема *Heterodera schachtii*, якщо присутній в рослині, переважно в рослині виду *Beta vulgaris*.

В іншому конкретному варіанті здійснення даного винаходу комбінація двох молекул нуклеїнових кислот, описаних у пп. (а) і (с), надає стійкість до *Heterodera*, зокрема *Heterodera schachtii*, якщо присутній у рослині, переважно в рослині виду *Beta vulgaris*.

У іншому конкретному варіанті здійснення даного винаходу комбінація двох молекул нуклеїнових кислот, описаних у пп. (b) і (с), надає стійкість до *Heterodera*, зокрема *Heterodera schachtii*, якщо присутній в рослині, переважно в рослині виду *Beta vulgaris*.

Комбінація може являти собою одну або кілька молекул нуклеїнової кислоти. При цьому комбінація також може бути включена в набір. Якщо комбінація включена в набір, нуклеїнові кислоти (а) (b) і/або (с) комбінації, описаної вище, можуть бути частиною однієї молекули нуклеїнової кислоти або можуть бути частиною окремих молекул нуклеїнової кислоти.

В даному контексті поліпептиди/білки, що кодуються комбінацією, визначеною вище, також є частиною винаходу. Комбінація білків може бути включена в набір, який також є частиною винаходу.

Крім того, частиною винаходу є рослина, яка містить комбінацію молекул нуклеїнових кислот, описаних вище. Комбінація може стати частиною рослини трансгенним або ендеогенним способом. Крім того, одна або дві з послідовностей можуть стати частиною рослини як трансгени, в той час як інші одна або дві послідовності стають частиною рослин як ендеогени.

В іншому варіанті здійснення молекула нуклеїнової кислоти за даним винаходом відрізняється тим, що, переважно якщо вона присутня в рослині або експресується в рослині, вона вже сама по собі додає домінуючий ефект стійкості до патогену роду *Heterodera*, переважно *Heterodera schachtii*, або що вона кодує поліпептид який здатний надавати домінуючий ефект стійкості до патогену роду *Heterodera*.

Отже, в одному варіанті здійснення молекула нуклеїнової кислоти, описана в п. (b) в контексті комбінації молекул нуклеїнових кислот за даним винаходом, надає стійкість до патогену роду *Heterodera*, зокрема *Heterodera schachtii*, переважно якщо присутній і/або експресується в рослині, зокрема в рослині підвиду *Beta vulgaris* subsp. *vulgaris*.

В іншому варіанті здійснення молекула нуклеїнової кислоти, описана в п. (с) в контексті комбінації молекул нуклеїнових кислот за даним винаходом, надає стійкість до патогену роду *Heterodera*, зокрема *Heterodera schachtii*, переважно якщо присутній і/або експресується в рослині, зокрема в рослині виду *Beta vulgaris*.

В найкращому варіанті здійснення молекули нуклеїнової кислоти, описані в п. (а) в контексті комбінації молекул нуклеїнових кислот за даним винаходом, надають стійкість до патогену роду *Heterodera*, зокрема *Heterodera schachtii*, якщо присутній і/або експресуються в рослині, зокрема в рослині підвиду *Beta vulgaris* subsp. *vulgaris*.

Як описано вище, до цього часу рослини *Beta vulgaris* subsp. *vulgaris*, стійкі до *Heterodera*, не могли бути отримані без введення часто небажаних ознак, таких як, наприклад, зниження врожайності через спадкування додаткових генів, пов'язаних із позитивною ознакою стійкості до *Heterodera*. Отже, недолік сортів, що володіють описаною стійкістю, полягає у великій трудомісткості та складності розробки сорту внаслідок складної спадковості, і у таких сортів помітно нижчі показники врожайності порівняно із звичайними сортами за відсутності зараження. Крім іншого, це може бути пов'язане з епігенетичною взаємодією деяких генів стійкості з генами, що

відповідають за вироблення цукру, що призводить до зниження пристосованості рослин за відсутності патогену.

Крім того, для стійкої селекції проти бурякової цистоутворюючої нематоди, тобто для протидії небезпеці варіантів *Heterodera schachtii*, що долають стійкість, необхідно постійно виявляти нові гени стійкості та інтегрувати їх у генні пули культурних рослин, таких як цукрові буряки.

У цьому контексті автори винаходу вперше виділили та ідентифікували новий ген стійкості до *Heterodera*, який може бути використаний для спрощеної селекції. Завдяки цілеспрямованому та спрощеному включенню цього гена в елітні лінії, зараз стало можливим дуже швидко виведення дуже високоврожайних сортів з високою стійкістю до *Heterodera* та забезпечення додаткового гена стійкості, який може бути використаний для боротьби з варіантами *Heterodera*, що подолали традиційну стійкість. Можливі зразки для інтрогресії однієї або декількох послідовностей, що надають стійкість за даним винаходом, можуть бути отримані, наприклад, шляхом скринінгу популяцій *B. vulgaris* subsp. *maritima*. Скринінг може ґрунтуватися на ідентифікації рослини, що містить одну або кілька послідовностей, що надають стійкості за даним винаходом. Ідентифікація може відбуватися так, як описано в інших розділах даного документа. Переважно скринінг або ідентифікація включають використання молекулярних маркерів для діагностики локусу стійкості. Крім того, рослини, що містять послідовності, що надають стійкості, можуть бути придбані у компанії CPO Wageningen, Postbus 18, 6700 AA Wageningen/Нідерланди, наприклад, зразка BMH.

Відповідно, в рамках даного винаходу вперше представлена рослина *Beta vulgaris* subsp. *vulgaris* як рослина цукрових буряків, рослина листового буряка, рослина червоного буряка або підсвекольника, рослина кормового буряка, що володіє стійкістю за даним винаходом до патогену роду *Heterodera*, зокрема *Heterodera schachtii*, і, таким чином, охоплюване цим винаходом. Оскільки всі перелічені рослини є культивованими рослинами, культурами або рослинами, придатними для сільськогосподарського вирощування, і мають стійкість за даним винаходом, вони є частиною винаходу. Зокрема, частиною винаходу є такі культури, які містять підземний запасуючий орган, що придатний для використання в як їжі, сировини або промислового джерела цукрів або іншої хімічної сполуки, і які містять стійкість за даним винаходом, і є додатковим аспектом даного винаходу. Запасуючим органом може бути, наприклад, бурякове тіло цукрових буряків, що містить сахарозу, споживане бурякове тіло червоного буряка або кормове бурякове тіло кормового буряка. Підземний запасуючий орган може утворювати більше 50 %, а для цукрових буряків – навіть більш 70 % від загальної біомаси дорослої рослини. Крім того, насіння або посівний матеріал цих рослин є частиною винаходу. Насіння або посівний матеріал можуть бути технічно оброблені, як докладно описано нижче.

В даному контексті винахід також включає нуклеїнову кислоту, яка кодує білок відповідно до будь-якого з SEQ ID №№ 3, 6 і 9, при цьому в конкретному варіанті здійснення виключається нуклеїнова кислота, що зустрічається в природі, відповідно до будь-якого з SEQ ID №№ 1, 4 та 7.

Крім того, даний винахід належить до рекомбінантної і/або гетерологічної молекули ДНК, яка містить послідовності молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом. Крім того, дана молекула ДНК має переважно регуляторну послідовність. Отже, вона може бути оперативно пов'язана з цією регуляторною послідовністю або перебувати під впливом цієї регуляторної послідовності. Дана регуляторна послідовність є переважно є промоторною послідовністю і/або іншими послідовностями елементів, що контролюють транскрипцію або трансляцію, наприклад, цис-елементів. Регуляторна послідовність, яка контролює експресію гена, що включає молекулу нуклеїнової кислоти за даним винаходом, переважно являє собою послідовність, здатну забезпечувати або модулювати експресію в результаті патогенної інфекції. Цей промотор переважно здатний контролювати експресію послідовності ДНК безпосередньо в корінні рослини. Регуляторна послідовність може бути гетерологічною експресуючою послідовністю. Перевага такого підходу полягає в тому, що фахівець у даній галузі техніки може краще регулювати швидкість експресії послідовності, що підлягає експресії, тканина, в якій відбувається експресія, та момент часу, в який відбувається експресія, оскільки він вибирає ту регуляторну послідовність, яка найкраще підходить для відповідного варіанта використання. Гетерологічна послідовність ДНК переважно включає нуклеотидну послідовність, яка кодує компонент захисту рослин від патогенів (наприклад: гени стійкості (R-гени) або гени, що кодують ферменти, що беруть участь у передачі сигналу, такі як кінази або фосфатази, та для G-білка, або які кодують патогенний ефектор (які називаються генами авірулентності (Avr-генами))). Гетерологічна послідовність ДНК може бути однією з послідовностей ДНК за даним винаходом. Гетерологічна послідовність ДНК може також додатково кодувати додаткові компоненти захисту рослин від патогенів. Отже, гетерологічна послідовність ДНК може бути сконструйована таким чином, щоб після її транскрипції була утворена поліцистрона мРНК.

Крім того, даний винахід належить до поліпептиду, який може бути кодований молекулою нуклеїнової кислоти за даним винаходом та її функціонально і/або імунологічно активним фрагментом, а також до антитіла, яке специфічно зв'язується з поліпептидом або з його фрагментом. Поліпептид особливо переважно має амінокислотну послідовність відповідно до будь-якого SEQ ID №№ 3, 6 або 9. Рекомбінантне отримання білків, поліпептидів та фрагментів знайоме фахівцю в даній галузі техніки (Sambrook та співавт., *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, 3-е вид., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Колд-Спрінг-Харбор, Нью-Йорк, 2001 р., або Wingfield P. T., 2008 р., *Production of Recombinant Proteins*, *Current Protocols in Protein Science*, 52:5.0:5.0.1–5.0.4). Поліклональні або моноклональні антитіла до білка за даним винаходом можуть бути отримані фахівцем у даній галузі техніки відповідно до відомих способів (E. Harlow та співавт., редактор, *Antibodies: A Laboratory Manual* (1988 р.)). Отримання моноклональних антитіл, а також фрагментів Fab та F(ab')₂, які також корисні для способів виявлення білка, може бути виконано за допомогою різних традиційних способів (Goding, *Monoclonal Antibodies: Principles and Practice*, стор. 98-118, Нью-Йорк, Academic Press (1983 р.)). Потім антитіла можуть бути використані для скринінгу бібліотек експресуючих кДНК з метою ідентифікації ідентичних, гомологічних або гетерологічних генів за допомогою імунологічного скринінгу (Sambrook та співавт., *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, Cold Spring Harbor, 1989 р., або Ausubel та співавт., 1994 р., *Current Protocols in Molecular Biology*, John Wiley & Sons), або можуть бути використані для вестерн-блотингу. Зокрема, даний винахід належить до антитіл, які вибірково

виявляють поліпептид, що кодується алелем, що надає стійкість до *Heterodera* за даним винаходом, і, по суті, не виявляють поліпептид, що кодується відповідним чутливим алелем, тобто вони виявляють у 2 рази, переважно в 5 разів і більш переважно в 10 або більше разів менше поліпептидів, що кодуються відповідним чутливим алелем, ніж поліпептидів, що кодуються алелем, що надають стійкість до *Heterodera* згідно з даним винаходом.

У найкращому варіанті здійснення антитіла за даним винаходом відрізняється тим, що воно є синтетичним поліпептидом, який не зустрічається в природі.

Крім того, антитіла за даним винаходом можуть бути пов'язані з флуоресцентним барвником, щоб їх можна було використовувати, наприклад, в імуногістохімічному методі і викликати забарвлення антитіл. Як флуоресцентний барвник може використовуватися флуорохром. Антитіла за даним винаходом можуть бути присутніми у зв'язку з іншими сигнальними молекулами. Серед них, наприклад, біотин, радіоізотопи, репортерні ферменти, такі як лужна фосфатаза, або олігонуклеотиди.

Додатковим предметом винаходу є вектори або експресійні касети, які включають молекулу нуклеїнової кислоти або молекулу рекомбінантної ДНК за даним винаходом, можливо, під контролем регуляторних елементів і, зокрема, під контролем функціональних регуляторних елементів в рослинах, а також маркерів негативного і/або позитивного відбору. Отже, кістяки вектора гетерологічні молекули нуклеїнової кислоти даного винаходу, що означає, що такий вектор не зустрічається в природі і не може бути виділений з природи. Вектор являє собою плазмід, космід, фаж або вектор експресії, вектор трансформації, човниковий вектор або вектор клонування; він може бути дволанцюговим або одноланцюговим, лінійним або кільцевим; або він може трансформувати прокаріотичний або еукаріотичний організм шляхом інтеграції до його геному або позахромосомно. Молекула нуклеїнової кислоти або молекула ДНК за даним винаходом в експресійному векторі або експресійній касеті переважно функціонально пов'язана з однією або декількома регуляторними послідовностями, які забезпечують транскрипцію та необов'язково експресію в прокаріотичній або еукаріотичній клітині; (Sambrook та співавт., *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, 3-е вид., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Колд-Спрінг-Харбор, Нью-Йорк, 2001 р.). Ці регуляторні послідовності переважно є промоторами або термінаторами, зокрема початковою точкою ініціації транскрипції, місцем зв'язування з рибосомою, сигналом обробки РНК, місцем завершення транскрипції і/або сигналом поліаденілювання. Наприклад, молекула нуклеїнової кислоти знаходиться тут під контролем придатного промотору і/або термінатору. Придатними промоторами можуть бути конститутивні промотори (приклад: промотор 35S з "Cauliflower mosaic virus" (Odell та співавт., *Nature*, 313 (1985 р.), стор. 810-812); особливо придатними є ті промотори, які є патогенно індукованими (приклад: промотор PR1 з петрушки (Rushton та співавт., *EMBO J.*, 15 (1996 р.), 5,690-5,700)). Особливо підходящими патогенно-індукованими промоторами є синтетичні або химерні промотори, які не зустрічаються в природі, складаються з безлічі елементів і містять мінімальний промотор, і мають щонайменше один цис-регуляторний елемент проти ходу транскрипції від мінімального промотору, при цьому щонайменше один цис-регуляторний елемент є місцем зв'язування для спеціальних факторів транскрипції. Химерні промотори розробляються відповідно до бажаних вимог та індукуються або пригнічуються різними факторами. Приклади таких промоторів можна знайти в WO 00/29592, WO 2007/147395 і WO 2013/091612. Наприклад, придатним термінатором є термінатор нопалін-синтази (Depicker і співавт., *J. Mol. Appl. Genet.* 1 (1982 р.), стор. 561-573). Придатними промоторами та термінаторами також можуть бути нативний промотор та нативний термінатор. Вектори або експресійні касети додатково містять звичайні індикаторні/репортерні гени або гени стійкості для виявлення перенесення бажаного вектора або молекули ДНК/молекули нуклеїнової кислоти та для відбору особин, які їх містять, оскільки пряме виявлення за допомогою експресії гена здебільшого досить важко. Оскільки молекула нуклеїнової кислоти за даним винаходом сама кодує поліпептид, який надає стійкість до бурякової цистообразуючої нематоди, забезпечення наявності додаткового гена стійкості для експресії в рослинних клітинах не обов'язково, але рекомендується з метою швидкої селекції.

Прикладами індикаторних/репортерних генів є, наприклад, ген люцифери, і ген, що кодує зелений флуоресцентний білок (GFP). Крім того, вони також дозволяють проводити тести на активність і/або регуляцію промотора гена. Прикладами генів стійкості, особливо для трансформацій рослин, є ген неоміцинфосфотрансфери, ген гіроміцинфосфотрансфери або ген, що кодує фосфінотрицинацетилтрансфери. Додатковими маркерами позитивного відбору можуть бути ферменти, які забезпечують трансформованій рослині селекційну перевагу перед нетрансформованою рослиною, зокрема перевагу в живленні, наприклад, манноза-6-фосфатизомераза або ксилосоізомераза. Однак це не виключає додаткові індикаторні/репортерні гени або гени стійкості, відомі фахівцю в даній галузі техніки. У найкращому варіанті здійснення інтеграції являє собою рослинний вектор. Крім того, експресійна касета може бути у вигляді експресійної касети, інтегрованої в геном рослини.

В іншому аспекті даний винахід належить до клітин, які включають вектори, молекули рекомбінантної ДНК і/або молекули нуклеїнових кислот за даним винаходом. Клітина в сенсі винаходу може бути прокаріотичною (наприклад, бактеріальною) або еукаріотичною клітиною (наприклад, рослинною клітиною або дріжджовою клітиною). Клітина переважно являє собою агробактерію, таку як *Agrobacterium tumefaciens* або *Agrobacterium rhizogenes*, клітину *Escherichia coli* або клітину рослини; клітина рослини особливо переважно являє собою клітину рослини роду *Beta*, виду *Beta vulgaris* або підвиду *Beta vulgaris subsp. vulgaris*. Клітина також може бути у вигляді культури. Отже, винахід охоплює також культуру клітин, яка містить такі клітини. Культура клітин переважно являє собою чисту культуру або ізолят, який не містить клітини іншого типу.

Фахівцю в даній галузі техніки відомі не тільки численні способи, наприклад, кон'югація або електропорація, за допомогою яких він може вводити молекулу нуклеїнової кислоти за даним винаходом, молекулу рекомбінантної ДНК і/або вектор або експресійну касету за даним винаходом в агробактерію, так і різноманітні способи трансформації (біологічна трансформація, трансформація, опосередкована агробактеріями), за допомогою яких він може вводити молекулу нуклеїнової кислоти за даним винаходом, молекулу ДНК і/або вектор даного винаходу в рослинну клітину (Sambrook та співавт., *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, 3-е вид., Cold

Spring Harbor Laboratory Press, Колд-Спрінг-Харбор, Нью-Йорк, 2001 р.)

Крім того, даний винахід переважно належить до рослини, стійкої до *Heterodera*, переважно до рослини виду *Beta vulgaris* subsp. *vulgaris* або його частини, що містить молекулу нуклеїнової кислоти за даним винаходом, що надає стійкості до *Heterodera*. Рослина, стійка до *Heterodera*, може містити молекулу нуклеїнової кислоти за даним винаходом як трансген або як ендеген. В рамках винаходу вперше були отримані рослини підвиду *Beta vulgaris* subsp. *vulgaris*, які містять молекулу нуклеїнової кислоти за даним винаходом. Даний винахід також включає рослини підвиду *Beta vulgaris* subsp. *vulgaris*, які містять молекулу нуклеїнової кислоти за даним винаходом як ендеген.

Таким чином, частина може бути клітиною, тканиною, органом або комбінацією декількох клітин, тканин або органів. Прикладом комбінації кількох органів є квітка чи насіння. Рослина, стійка до *Heterodera*, за даним винаходом переважно демонструє сильнішу стійкість до *Heterodera*, зокрема, *Heterodera schachtii*, ніж відповідна рослина, яка не містить молекулу нуклеїнової кислоти за даним винаходом (контрольна рослина). В ідеалі контрольна рослина має генотип, ідентичний генотипу рослини за даним винаходом, і вирощено в ідентичних умовах, але не містить молекули нуклеїнової кислоти, що надає стійкості. Рівень стійкості, наприклад, до патогену роду *Heterodera*, зокрема *Heterodera schachtii*, може бути якісно визначений у рослин роду *Beta* шляхом визначення оціночних балів (див., наприклад, Приклад 1). Більш висока стійкість проявляється в поліпшенні стійкості щонайменше на один оціночний бал, щонайменше на два оціночних бали і переважно щонайменше на три або більше оціночних балів.

Рослинна клітина або рослина, або його частина за даним винаходом, які містять молекулу нуклеїнової кислоти за даним винаходом, зокрема, рослина роду *Beta*, переважно виявляє більш високу стійкість до патогену роду *Heterodera*, зокрема, до *Heterodera schachtii*, ніж відповідна рослинна клітина або рослина, або її частина, які не містять молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом, або можуть містити чутливий алельний варіант молекули нуклеїнової кислоти. Рівень стійкості до патогену роду *Heterodera*, наприклад, *Heterodera schachtii*, може бути якісно визначений у рослин роду *Beta* шляхом визначення оціночних балів. Більш висока стійкість проявляється в поліпшенні стійкості щонайменше на один оціночний бал, щонайменше на два оціночних бали і переважно щонайменше на три або більше оціночних балів.

У разі трансгенної рослинної клітини, або рослини, або її частини, вони містять молекулу нуклеїнової кислоти або молекулу ДНК за даним винаходом у вигляді трансгену або вектора або експресійної касети за даним винаходом. Такою трансгенною рослинною клітиною або рослиною, або її частиною є, наприклад, рослинна клітина, рослина або її частина, трансформовані переважно стабільно молекулою нуклеїнової кислоти, молекулою ДНК за даним винаходом або вектором, або експресійною касетою за даним винаходом. У найкращому варіанті здійснення молекула нуклеїнової кислоти функціонально пов'язана з однією або декількома регуляторними послідовностями, які забезпечують транскрипцію і необов'язково експресію в рослинній клітині. Загальна структура, що складається з молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом і регуляторної (регуляторних) послідовності (послідовностей), потім являє собою трансген. Такими регуляторними послідовностями є, наприклад, промотор або термінатор. Фахівцю в даній галузі техніки відомі численні функціональні промотори та термінатори, які застосовуються в рослинах.

Винахід також включає вакуоль клітини за даним винаходом та речовини вмісту, що в ній запасуються (такі як сахароза).

Крім того, винахід також належить до клітинного екстракту з клітини, переважно, з рослинної клітини, дуже переважно з клітини *Beta vulgaris* і, особливо переважно, з клітини однієї з наступних культур: цукрового буряка, листового буряка або підсвекольника. Жодна рослина не може бути регенована з клітинного екстракту. Аналогічним чином, винахід охоплює геном рослини, що містить нуклеїнову кислоту за даним винаходом. Жодна рослина не може бути регенована з геному рослини як такої.

Отже, концентрація цукру або сахарози в клітинному екстракті може бути збільшена в порівнянні з клітиною, яка не є клітиною за даним винаходом, але належить до того ж виду або культурі. Це відноситься, зокрема, до умов зараження патогеном роду *Heterodera*.

Винахід також охоплює використання клітинного екстракту для виробництва цукру (цукрози) або для виробництва (сирого) соку, переважно бурякового (сирого) соку.

Аналогічним чином, винахід охоплює цукор, зокрема сахарозу, що міститься в клітинах за даним винаходом та їхніх вакуолях.

Додатковим аспектом винаходу є насіннєвий матеріал, що містить насіння, яке містить молекулу нуклеїнової кислоти за даним винаходом. Молекула нуклеїнової кислоти за даним винаходом може бути присутньою трансгенно або ендегенно. Насіннєвий матеріал та насіння можуть бути технічно оброблені. Отже, винахід також включає технічно оброблений насіннєвий матеріал і технічно оброблене насіння. Різні варіанти здійснення технічно обробленого насіннєвого матеріалу докладно пояснюються нижче, при цьому термін насіннєвий матеріал також включає насіння: технічно оброблений насіннєвий матеріал може бути присутнім у шліфованому вигляді. Отже, видаляється найзовнішній шар насіння, щоб насіння набувало більш округлу форму. Це корисно при сівбі: оптимально рівномірна форма призводить до рівномірного розподілу зерен насіннєвого матеріалу. Крім того, технічно оброблений насіннєвий матеріал включає дражований насіннєвий матеріал. Таким чином, насіннєвий матеріал поміщають в масу для дражування, яка захищає насіннєвий матеріал, що міститься в ній, і призводить до збільшення маси таким чином, щоб дражований насіннєвий матеріал демонстрував більшу опірність вітровому зносу і, таким чином, був менш схильний до здування вітром, і, в той час, було забезпечено більш точне позиціонування під час сівби. В найкращому варіанті здійснення винаходу всі зерна дражованого насіннєвого матеріалу з партії або одиниці, призначеної для продажу, мають суттєво однакову форму та однакову масу. Можливі відхилення в діаметрі та масі на 5 %. Однак відхилення переважно не перевищують 1 %. Маса для дражування як одного з основних компонентів може містити, наприклад, мінеральну сполуку, таку як, наприклад, глина і/або торф. Додаткові можливі компоненти вказані в US 4,067,141. Крім того, маса для дражування може

містити додаткові хімічні речовини, які позитивно впливають на культивування на практиці. В даному разі це можуть бути речовини, які належать до числа добривальних речовин. Крім того, це можуть бути фунгіциди, інсектициди і/або антифідантні речовини. Фунгіциди можуть бути представлени тирамом і/або гімексазолом і/або іншими фунгіцидами. Інсектицид може бути речовиною з групи неонікотиніодів. Речовина з групи неонікотиніодів переважно є імідаклопрід (код АТС: QP53AX17) і/або клотіанідин (номер CAS 210880-92-5). Крім того, інсектицид також може являти собою цифлутрин (номер CAS 68359-37-5) або бета-цифлутрин.

Дражований насіннєвий матеріал є конкретним варіантом протруєного насіннєвого матеріалу. У цьому контексті технічно оброблений насіннєвий матеріал також включає протруєний насіннєвий матеріал. Однак винахід не обмежується дражованим насіннєвим матеріалом, а, швидше, може відноситися до будь-якої форми протруєного насіннєвого матеріалу. Отже, винахід належить до протруєного насіннєвого матеріалу, який включає дражований насіннєвий матеріал, але не обмежується ним. Таким чином, також включаються сухе протруєвання, вологе протруєвання та суспензійне протруєвання. Таким чином, протруєвання також може містити щонайменше один барвник, щоб протруєний насіннєвий матеріал можна було швидко відрізнити від непротруєного насіннєвого матеріалу, і, крім того, була забезпечена добра видимість в довіллі після посіву. Протруєвання також може містити агрохімікати, які описані в контексті маси для дражування. Отже, винахід включає такий протруєний насіннєвий матеріал, при якому протруєвання містить щонайменше один антифідантний засіб, такий як інсектицид і/або щонайменше один фунгіцид. Необов'язково може бути застосоване так зване електронне протруєвання (протруєвання з використанням електричної енергії). Однак електронне протруєвання не є протруєванням у строгому сенсі цього слова.

Додатковою формою технічно обробленого насіннєвого матеріалу є інкрустований насіннєвий матеріал. У даному контексті також йдеться про те, що називається покриттям, а також про насіннєвий матеріал, оброблений покриттям. Відмінність від дражованого насіннєвого матеріалу полягає в тому, що насіннєві зерна зберігають свою первісну форму, при цьому даний спосіб особливо економічний. Спосіб описаний, наприклад, в EP 0334258 A1. Додатковою формою технічно обробленого насіннєвого матеріалу є пророщений або праймірований насіннєвий матеріал. Пророщений насіннєвий матеріал попередньо обробляють за допомогою попереднього пророщування, а праймірований насіннєвий матеріал попередньо обробляють за допомогою праймінгу ("пророщування"). Перевага попереднього пророщеного та праймірованого насіннєвого матеріалу полягає у більш короткому часі появи сходів. У той же час, момент часу появи сходів після посіву більш сильно синхронізований. Це дозволяє покращити агротехнічну обробку під час вирощування та особливо під час збирання врожаю, та, крім того, збільшує кількість врожаю. При попередньому пророщуванні насіннєвий матеріал пророщують доти, поки корінець не виjde з оболонки насіннєвого матеріалу, і згодом процес зупиняють. При праймінгу процес зупиняється до виходу корінця з оболонки насіннєвого матеріалу. Порівняно з попередньо пророщеним насіннєвим матеріалом насіннєвий матеріал, підданий праймінгу, нечутливий до навантажень, пов'язаних з повторним сушінням, і після такого повторного сушіння має більш тривалий термін зберігання порівняно з попередньо пророщеним насіннєвим матеріалом, для якого повторне сушіння зазвичай не рекомендується. У даному контексті технічно попередньо оброблений насіннєвий матеріал також включає праймірований і повторно висушений насіннєвий матеріал. Процес попереднього пророщування описаний в US 4 905 411 A. Різні варіанти здійснення праймінгу описані в EP 0 686 340 A1. На додаток до цього, також можливо дражування насіннєвого матеріалу одночасно з праймінгом в одному процесі. Цей спосіб описаний в EP 2002702 B1. Даний винахід охоплює праймірований насіннєвий матеріал, який, крім того, дражований.

Технічно оброблений насіннєвий матеріал може бути додатково забезпечений одним або декількома з описаних вище засобів захисту від гербіцидів. Це дозволяє додатково покращити агротехнічну культивування, оскільки технічно оброблений насіннєвий матеріал може бути розміщений на полі, яке раніше було оброблено гербіцидом і, відповідно, не містить бур'яни.

На додаток до цього, винахід також охоплює суміш, що містить насіннєвий матеріал за даним винаходом або насіння за даним винаходом, масу для протруєвання, як визначено вище. Отже, маса для протруєвання переважно здійснена у вигляді маси для дражування, як визначено вище.

При зберіганні насіннєвого матеріалу за даним винаходом переважно вибирати умови зберігання, які не впливають негативно на стабільність або термін зберігання насіннєвого матеріалу. В даному разі коливання вологості, зокрема, можуть мати несприятливий вплив. Частиною винаходу є спосіб зберігання насіннєвого матеріалу в контейнері, який є одночасно водовідштовхуючим і повітропроникним. Такий контейнер може бути виконаний як коробка. Така коробка необов'язково може мати внутрішню пароізоляцію. Якщо коробка виконана у вигляді двохарової коробки, її стабільність збільшується. Насіннєвий матеріал за даним винаходом, який включає такий контейнер і таку коробку, або технічно оброблений насіннєвий матеріал за даним винаходом також є частиною винаходу. Аналогічним чином, частиною винаходу є зберігання насіннєвого матеріалу за даним винаходом або технічно обробленого насіннєвого матеріалу за даним винаходом в такій коробці.

В одному варіанті здійснення рослина за даним винаходом є гібридною рослиною або подвійною гаплоїдною рослиною. Гібридні рослини та подвійні гаплоїдні рослини не зустрічаються в природі і не можуть бути виділені із природи. У додатковому варіанті здійснення рослини за даним винаходом молекула нуклеїнової кислоти за даним винаходом присутня у гетерозиготній або гомозиготній формі. У разі гібридної рослини молекула нуклеїнової кислоти також може бути присутня в гемізиготній формі. Винахід також охоплює гібридне насіння і подвійне гаплоїдне насіння, яке містить нуклеїнову кислоту за даним винаходом або поліпептид за даним винаходом.

Додатковий варіант здійснення даного винаходу включає рослину, переважно виду *Beta vulgaris*, яке відрізняється тим, що стійкість до патогену роду *Heterodera* у цієї рослини додатково підвищена. Наприклад, це може бути реалізовано за допомогою "пірамідування генів", тобто стійкість збільшується з використанням цього ефекту дози. Для цієї мети рослини за даним винаходом, що містять алель, що надає стійкість до *Heterodera*, піддаються надтрансформації за допомогою цього алелі стійкості, щоб збільшити кількість транскрипції гена в рослині. Альтернативний підхід включає редагування гена/сайту-спрямований мутагенез або опосередковану

методикою TILLING модифікацію нативного промотору алелі, що надає стійкість, з метою збільшення швидкості його експресії, або модифікацію самого алелі гена LRR, що надає стійкість, з метою підвищення його активності або стабільності. Такий спосіб підвищення активності за допомогою модифікації гена стійкості описаний, наприклад, в WO 2006/128444 A2 і може бути здійснений за допомогою методик, відомих фахівцю в даній галузі техніки. Додатковий підхід може включати злиття молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом з гетерологічним промотором, який виявляє більш високу активність порівняно з нативним промотором, зокрема, при інфікуванні *Heterodera*.

В іншому варіанті здійснення рослина за даним винаходом додатково, трансгенно або ендогенно, містить другу молекулу нуклеїнової кислоти в іншій позиції в геномі, яка кодує поліпептид, здатний надавати стійкість до *Heterodera* в рослині, в якій експресується поліпептид. Наприклад, один або кілька генів стійкості або локусів стійкості, які описані в попередньому рівні техніки, можуть, в тій мірі, як вони ще не присутні у вихідному генотипі, бути введені в дану рослину за допомогою схрещування, трансформації, репарації, що спрямовується гомологією, або гомологічної рекомбінації у рослині. До них відноситься, наприклад, ген Hs1pro-1 Б. *proscumbens* (Cai та співавт., Science, 275 (1997 p.), стор. 832-834).

Підвищення стійкості може відбуватися за допомогою інтеграції молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом в геном щонайменше однієї клітини рослини виду *Beta vulgaris*, а також можливої регенерації рослини з рослинної клітини. Інтеграція може відбуватися як шляхом статевого схрещування, наприклад, з одним із вищезгаданих підвидів *Beta vulgaris* subsp. *maritima*, та наступної селекції, або за допомогою репарації, що спрямовується гомологією, або гомологічної рекомбінації. Два останні згадані способи переважно підтримуються сайт-спрямованими нуклеазами, які можуть бути обрані з наступних нуклеаз без обмеження ними: нуклеаза CRISPR, включаючи нуклеазу Cas9, CasX, CasY або Cpf1, нуклеаза TALE, цинк-пальцева нуклеаза, мегануклеаза, нуклеаза Аргонавта, ендонуклеаза рестрикції, включаючи FokI або її варіант, рекомбіназа, або дві сайт-специфічні нікуючі ендонуклеази.

Альтернативний підхід включає збільшення експресії молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом в рослині. Це може відбуватися за допомогою модифікації нативного промотора, причому модифікація переважно відбувається за допомогою редагування гена або сайт-спрямованого мутагенезу, який опосередковується сайт-спрямованими нуклеазами, і, необов'язково, моделями репарації. Приклади таких нуклеаз вже наводилися вище. Збільшення експресії молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом може також відбуватися за допомогою злиття молекули нуклеїнової кислоти з гетерологічним промотором, який виявляє більш високу активність порівняно з нативним промотором, зокрема після інфікування *Heterodera*. Злиття також може відбуватися за допомогою сайт-спрямованої нуклеази та моделей репарації, а також за допомогою прямої вставки після дволанцюгового розриву.

Як уже згадувалося вище, спосіб посилення стійкості до *Heterodera* також може призвести до збільшення активності і/або стабільності поліпептиду за даним винаходом за допомогою модифікації нуклеотидної послідовності молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом. Такий спосіб підвищення активності за допомогою модифікації гена стійкості описаний, наприклад, в WO 2006/128444 A2 і може бути здійснений за допомогою методик, відомих фахівцю в даній галузі техніки. Цей підхід докладно пояснюється нижче.

Використовуваний тут термін "сайт-спрямована нуклеаза" (SDN) позначає фермент, здатний індукувати розрив дволанцюгової ДНК у конкретній нуклеотидній послідовності, яка називається "сайтом розпізнавання". Наприклад, SDN може бути обрана з групи, що складається з мегануклеази, ефекторної нуклеази TAL, цинк-пальнової нуклеази, систем CRISPR, таких як CRISPR/Cas9, CRISPR/Cpf1, CRISPR/CasX або CRISPR/CasY. Ендонуклеази за методом RARE-розщеплення є SDN, які мають сайт розпізнавання переважно приблизно з 14 – 70 послідовних нуклеотидів і, отже, мають дуже низьку частоту розщеплення навіть в більших великих геномах, таких як більшість геномів рослин. Хомінг-ендонуклеази, також звані мегануклеазами, є сімейством таких ендонуклеаз за методом RARE-розщеплення. Вони можуть кодуватися інтронами, незалежними генами або проміжними послідовностями і мати чудові структурні та функціональні властивості, які відрізняють їх від більш класичних ферментів рестрикції, зазвичай з бактеріальних систем рестрикції-модифікації типу II. Їхні сайти розпізнавання мають загальну асиметрію, яка контрастує з характерною діадною симетрією більшості сайтів розпізнавання ферментів рестрикції. Було показано, що кілька хомінг-ендонуклеаз, що кодується інтронами або інтеїнами, сприяють хомінгу їхніх відповідних генетичних елементів в алельні безінтронні або безінтеїнові сайти. Утворюючи сайт-специфічний дволанцюговий розрив у безінтронних або безінтеїнових алелях, ці нуклеази створюють рекомбіногенні кінці, які беруть участь у процесі перетворення гена, що дублює послідовність, що кодує, і що призводить до вставки інтрону або проміжної послідовності на рівні ДНК. Перелік інших мегануклеаз за методом RARE-розщеплення та їхніх відповідних сайтів розпізнавання наведено в таблиці I у WO 03/004659 (стор. 17-20) (включено до цього документа за допомогою посилання).

Крім того, існують способи створення спеціально підібраних ендонуклеаз за методом RARE-розщеплення, які розпізнають практично будь-яку обрану цільову нуклеотидну послідовність. Коротко, химерні ферменти рестрикції можуть бути отримані з використанням гібридів між цинк-пальцевим доменом, призначеним для розпізнавання специфічної нуклеотидної послідовності, та неспецифічним доменом розщеплення ДНК із природного ферменту рестрикції, такого як FokI. Такі способи описані, наприклад, в WO 03/080809, WO 94/18313 або WO 95/09233 і в Isalan і співавт., 2001 p., Nature Biotechnology, 19, стор. 656-660; Liu та співавт., 1997 p., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 94, 5525-5530).

Інший приклад спеціально розроблених ендонуклеаз включає так звані нуклеази TALE (TALEN), які засновані на ефекторах, подібних активаторам транскрипції (TALE) з бактеріального роду *Xanthomonas*, злитих з каталітичним доменом нуклеази (наприклад, FokI або її варіанту). Специфічність зв'язування ДНК цих TALE визначається варіабельними здвоєними залишками повтору (RVD) тандемно розташованих одиниць повтору 34/35 амінокислот таким чином, що один RVD специфічно розпізнає один нуклеотид у цільовій ДНК. Одиниці повтору можуть бути зібрані для розпізнавання практично будь-яких цільових послідовностей і злиті з

каталітичним доменом нуклеази, утворюючи ендонуклеази, специфічні для послідовності (див., наприклад, Boch і співавт., 2009 р., Science, 326: стор. 1509-1512; Moscou і Bogdanove, 2009 р., Science, 326: стор. 1501; та WO 2010/079430, WO 2011/072246, WO 2011/154393, WO 2011/146121, WO 2012/001527, WO 2012/093833, WO 2012/104729, WO 2012/138927, WO 2012/138939). У WO2012/138927 далі описані мономерні (компактні) TALEN та TALEN з різними каталітичними доменами та їх комбінаціями.

Нещодавно був описаний новий тип адаптованої ендонуклеазної системи - так званої системи CRISPR / Cas. Система CRISPR у її природному середовищі описує молекулярний комплекс, що містить щонайменше одну невелику та індивідуальну некодуючу РНК у комбінації з нуклеазою Cas або іншою нуклеазою CRISPR, такою як нуклеаза Cpf1 (Zetsche та співавт., Cpf1 Is a Single RNA-Guides Endonuclease of a Class 2 CRISPR-Cas System, Cell, 163, стор. 1-13, жовтень 2015 р.), яка може утворити специфічний дволанцюговий розрив ДНК. В даний час системи CRISPR поділяються на два класи, що включають п'ять типів систем CRISPR, систему типу II, наприклад, що використовує Cas9 як ефектор, і систему типу V, що використовує Cpf1 як ефекторну молекулу (Макарова і співавт., Nature Rev. Microbiol., 2015 р.). У штучних системах CRISPR синтетичну некодуючу РНК і нуклеазу CRISPR і/або необов'язково модифіковану нуклеазу CRISPR, модифіковану для дії як нікази або позбавлену будь-якої функції нуклеази, можна використовувати в комбінації щонайменше з однією синтетичною або штучною гідовою РНК або гРНК, РНК, що поєднує функцію кРНК і/або тракрРНК (Макарова та співавт., 2015 р., див. вище). Імунна відповідь, опосередкована CRISPR/Cas у природних системах, вимагає CRISPR-РНК (крРНК), причому дозрівання цієї гідової РНК, яка контролює специфічну активацію нуклеази CRISPR, значно різниться між різними системами CRISPR, охарактеризованими дотепер. По-перше, інвазивна ДНК, також звана спейсером, інтегрується між двома сусідніми ділянками повтору на проксимальному кінці локусу CRISPR. Системи CRISPR типу II кодують нуклеазу Cas9 як ключовий фермент стадії інтерференції; дана система містить як кРНК, так і транскрибуючу РНК (тракрРНК) як спрямовуючий мотив. Вони гібридизуються і утворюють дволанцюгові (ds) ділянки РНК, які розпізнаються RNaseIII і можуть бути розщеплені для утворення зрілих кРНК. Потім вони, в свою чергу, зв'язуються з молекулою Cas з метою спрямування нуклеази специфічно в ділянку цільової нуклеїнової кислоти. Рекombінантні молекули гРНК можуть містити як ділянку розпізнавання варіабельної ДНК, так і ділянку взаємодії Cas і таким чином можуть бути специфічно сконструйовані незалежно від конкретної цільової нуклеїнової кислоти та бажаної нуклеази Cas. Як додатковий механізм безпеки в ділянку цільової нуклеїнової кислоти повинні бути присутніми PAM (мотиви, що примикають до протоспейсера); це послідовності ДНК, які впливають безпосередньо з ДНК, розпізнаної комплексом Cas9/РНК. Послідовності PAM для Cas9 зі *Streptococcus pyogenes* описані як "NGG" або "NAG" (стандартний код нуклеотидів за номенклатурою IUPAC) (Jinek та співавт., A programmable dual-RNA-guided DNA endonuclease in adaptive bacterial immunity, Science, 2012 р. 337: стор. 816-821). Послідовністю PAM для Cas9 з *Staphylococcus aureus* є "NNGRRT" або "NNGRR(N)". Відомі додаткові варіанти систем CRISPR/Cas9. Отже, Cas9 *Neisseria meningitidis* розщеплюється в послідовності PAM NNNNGATT. Cas9 *Streptococcus thermophilus* розщеплюється в послідовності PAM NNAGAAW. Нещодавно був описаний додатковий мотив PAM NNNNRYAC для системи CRISPR *Campylobacter* (WO 2016/021973 A1). Для нуклеаз Cpf1 було описано, що комплекс Cpf1-крРНК без тракрРНК ефективно розпізнає і розщеплює цільову ДНК, за якою слідує короткий Т-багатий PAM, на відміну від зазвичай G-багатих PAM, що розпізнаються системами Cas9 (Zetsche і співавт., див. вище). Крім того, за допомогою модифікованих поліпептидів CRISPR можна отримати специфічні одноланцюгові розриви. Комбіноване використання ніказу Cas з різними рекombінантними гРНК також може індукувати високоспецифічні дволанцюгові розриви ДНК за допомогою подвійного нікування ДНК. Крім того, при використанні двох гРНК можна оптимізувати специфічність зв'язування ДНК та, відповідно, розщеплення ДНК. При цьому існують додаткові ефектори CRISPR, такі як ефектори CasX та CasY, спочатку описані для бактерій і являють собою додаткові ефектори, які можуть бути використані для цілей геномної інженерії (Burstin та співавт., New CRISPR-Cas systems from uncultivated microbes, Nature, 2017 р., 542, стор. 237-241).

Сайт розщеплення SDN належить до точного розташування на ДНК, де індукується розрив дволанцюгової ДНК. Сайт розщеплення може входити або не входити до сайту розпізнавання (збігатися з сайтом розпізнавання) SDN, і, отже, стверджується, що сайт розщеплення SDN розташований на його сайті розпізнавання або поблизу нього. Сайт розпізнавання ферменту SDN, також іноді званий сайтом зв'язування, є нуклеотидною послідовністю, яка (специфічно) розпізнається ферментом SDN та визначає його специфічність зв'язування. Наприклад, мономер TALEN або ZNF має сайт розпізнавання, який визначається їх RVD-повторами або ZF-повторами, відповідно тоді як його сайт розщеплення визначається його доменом нуклеази (наприклад, FokI) і зазвичай розташований поза сайтом розпізнавання. У разі димерних TALEN або ZFN, сайт розщеплення розташований між двома сайтами розпізнавання/зв'язування відповідних мономерів; ця проміжна ділянка ДНК, де відбувається розщеплення, називається ділянкою спейсера. У варіанті здійснення даного винаходу сайт розпізнавання розташований у цільовій ділянці.

Фахівець в даній галузі техніки може вибрати SDN, який розпізнає певний сайт розпізнавання і викликає розрив ланцюга в сайті розщеплення в попередньо обраному сайті або поблизу нього, або сконструювати такий SDN. В інших випадках сайт розпізнавання SDN може бути введений в цільовий геном з використанням будь-якого стандартного способу трансформації або шляхом схрещування з організмом, що має сайт розпізнавання SDN у його геномі, і будь-яка бажана ДНК може бути згодом введена сайт розщеплення цього SDN або поблизу нього.

В особливо переважному аспекті цього варіанту здійснення в рослинну клітину додатково вводять молекулу нуклеїнової кислоти репарації.

Вислів "матриця репарації", що використовується тут, позначає молекулу одноланцюгової або дволанцюгової ДНК, або молекулу РНК, яка використовується як матриця для модифікації геномної ДНК в попередньо обраному сайті поблизу сайту розщеплення або в сайті розщеплення. Вислів "використання як матриця для модифікації геномної ДНК", що використовується тут, означає, що матриця репарації копіюється або інтегрується в

попередньо обраний сайт шляхом гомологічної рекомбінації між фланкуючою (фланкуючими) ділянкою (ділянками) і відповідною (відповідними) ділянкою (ділянками) гомології в цільовому геномі, що фланкує попередньо обраний сайт, необов'язково в комбінації з негомологічною сполукою кінців (NHEJ) на одному з двох кінців матриці репарації (наприклад, якщо є тільки одна фланкуюча ділянка). Інтеграція шляхом гомологічної рекомбінації забезпечить точне з'єднання матриці репарації з цільовим геномом до рівня нуклеотидів, тоді як NHEJ може призвести до невеликих вставок/делецій на кордоні між матрицею репарації та геномною ДНК.

Використовуваний тут вислів "редактор основ" позначає білок або його фрагмент, що володіє здатністю опосередкувати цільову модифікацію основи, тобто перетворення основи, яка представляє інтерес, що призводить до точкової мутації, яка представляє інтерес. Переважно щонайменше один базовий редактор в контексті цього винаходу тимчасово або постійно з'єднаний щонайменше з одним SDN, переважно щонайменше з одним нефункціональним SDN або необов'язково з компонентом щонайменше одного (нефункціонального) SDN. Злиття може бути ковалентним і/або нековалентним. У кількох публікаціях показана цільова конверсія основ, в першу чергу цитидину (C) в тимін (T), з використанням нікази CRISPR/Cas9 або нефункціональної нуклеази, пов'язаної з доменом цитидиндезаміназ, каталітичного поліпептиду, аполіпропротеїну В (APOBEC1), що редагує мРНК, отриманого з шура. Дезамінування цитозину (C) каталізується цитидиндезаміназами і призводить до утворення урацилу (U), який має властивості спарювання основ тиміну (T). Більшість відомих цитидиндезаміназ діють на РНК, і ті деякі приклади, які, як відомо, приймають ДНК, вимагають однокерованої (ол) ДНК. Дослідження комплексу dCas9-цільової ДНК показують, що щонайменше дев'ять нуклеотидів (nt) зміщеного ланцюга ДНК залишаються неспареними при утворенні комплексу "R-петлі" Cas9 - гідової РНК - ДНК (Jore та співавт., Nat. Struct. Mol. Biol., 18, стор. 529-536 (2011 р.)). Справді, у структурі комплексу R-петлі Cas9 перші 11 nt протоспейсера на зміщеному ланцюзі ДНК не впорядковані, що дозволяє припустити, що їх рух не сильно обмежений. Також було висловлено припущення, що мутації, індуковані Cas9-ніказою в цитозинах у ланцюзі без матриці, можуть бути спричинені їх доступністю для клітинних ферментів цитозиндезаміназ. Було висловлено доказ про те, що підмножина цієї ділянки олДНК в R-петлі може служити ефективним субстратом для цитидиндезамінази, пов'язаної з dCas9, для здійснення прямої програмованої конверсії C в U ДНК (Komor та співавт., див. вище). Нещодавно Goudelli та співавт. ((2017 р.) Programmable base editing A-T to G-C in genomic DNA without DNA cleavage, Nature, 551(7681), 464) описали редактори основ аденіну (ABE), що опосередковують конверсію А-Т в G-C геномної ДНК.

Вислів "модифікація геному", що використовується тут, означає, що геном змінений щонайменше на один нуклеотид. Це може відбуватися шляхом заміни щонайменше одного нуклеотиду і/або делеції щонайменше одного нуклеотиду і/або вставки щонайменше одного нуклеотиду, за умови, що це призводить до повної зміни щонайменше одного нуклеотиду порівняно з нуклеотидною послідовністю попередньо обраного геномного цільового сайту перед модифікацією, що дозволяє ідентифікувати модифікацію, наприклад, за допомогою таких методик, як секвенування або ПЛР-аналізу тощо, які повинні бути добре відомі фахівцю.

Вислів "попередньо обраний сайт" або "попередньо визначений сайт", що використовується тут, вказує на конкретну нуклеотидну послідовність в геномі (наприклад, ядерному геномі), в місце розташування якої бажано вставити, замінити і/або видалити один або кілька нуклеотидів. Це може бути, наприклад, ендегенний локус або конкретна нуклеотидна послідовність в раніше введеної чужорідної ДНК або трансгені, або пов'язана з ними. Попередньо визначений сайт може бути конкретним положенням нуклеотиду, в який (після якого) передбачається здійснити вставку одного або декількох нуклеотидів. Попередньо обраний сайт також може містити послідовність одного або декількох нуклеотидів, які повинні бути обмінені (замінені) або видалені.

Вислів "фланкуюча ділянка", що використовується тут, означає ділянку молекули нуклеїнової кислоти репарації з нуклеотидною послідовністю, яка гомологічна нуклеотидній послідовності ділянки ДНК, фланкуючої (тобто розташованої проти перебігу або по перебігу транскрипції) попередньо визначений сайт. Буде зрозуміло, що довжина і відсоток ідентичності послідовностей фланкуючих ділянок повинні бути обрані таким чином, щоб забезпечити гомологічну рекомбінацію між зазначеними ділянками, що фланкують, і їхньою відповідною ділянкою ДНК проти перебігу або по перебігу транскрипції від попередньо визначеного сайту. Ділянка або ділянки ДНК, що фланкують попередньо визначений сайт і гомологічної фланкуючої ділянки або ділянкам ДНК молекули нуклеїнової кислоти репарації, також називаються ділянкою або ділянками гомології в геномній ДНК.

Для забезпечення достатньої гомології для рекомбінації, фланкуючі ділянки ДНК молекули нуклеїнової кислоти репарації можуть відрізнятись за довжиною і повинні мати довжину щонайменше близько 10 nt, близько 15 nt або близько 20 nt. При цьому фланкуюча ділянка може бути настільки довгою, наскільки це практично можливо (наприклад, приблизно до 100-150 т.п.н., таких як бактеріальні повні штучні хромосоми (BAC). Переважно фланкуюча ділянка повинна становити приблизно від 50 nt до приблизно 2000 nt, наприклад, близько 100 nt, 200 nt, 500 nt або 1000 nt. Більш того, ділянки, фланкуючі ДНК, яка представляє інтерес, не обов'язково повинні бути ідентичні ділянкам гомології (ділянкам ДНК, фланкуючим попередньо визначений сайт) і можуть мати від приблизно 80 % до приблизно 100 % ідентичності послідовності, переважно від приблизно 95 % до приблизно 100 % ідентичності послідовності з ділянками ДНК, що фланкують попередньо визначений сайт. Чим довша ділянка, що фланкує, тим менш суворі вимоги до гомології. Крім того, для досягнення обміну цільовою послідовністю ДНК в попередньо визначеному сайті без зміни послідовності ДНК прилеглих послідовностей ДНК, що фланкують послідовності ДНК переважно повинні бути ідентичні розташованим проти перебігу і по перебігу транскрипції ділянкам ДНК, що фланкують попередньо визначений сайт.

Вислів "проти перебігу транскрипції", що використовується тут, вказує на місце розташування на молекулі нуклеїнової кислоти, яке знаходиться ближче до 5'-кінця зазначеної молекули нуклеїнової кислоти. Аналогічно термін "по перебігу транскрипції" належить до місця розташування на молекулі нуклеїнової кислоти, яке знаходиться ближче до 3'-кінця зазначеної молекули нуклеїнової кислоти. Щоб уникнути сумнівів, молекули нуклеїнових кислот та їхні послідовності зазвичай представлені у їхньому напрямку від 5' до 3' (зліва направо).

Додатковим варіантом здійснення цього винаходу є спосіб отримання рослини, стійкої до Heterodera, який

може здійснюватися шляхом трансформації рослинної клітини молекулою нуклеїнової кислоти за даним винаходом, рекомбінантною молекулою ДНК або вектором, або експресійною касетою, і регенерації трансгенної рослини з трансформованої рослинної клітини (див. Приклад 3), або шляхом схрещування і селекції, наприклад, з однією з рослин вищезгаданого підвиду *Beta vulgaris subsp. maritima*. Вектори або експресійні касети, а також способи трансформації рослин описані вище.

Спосіб отримання рослини, стійкої до *Heterodera*, альтернативно включає, як описано вище, введення сайт-спрямованої нуклеази і матриці репарації в клітину рослини, переважно рослини виду *Beta vulgaris*, в якій сайт-спрямована нуклеаза здатна генерувати щонайменше один односторонній розрив або щонайменше один двосторонній розрив ДНК у геномі клітини, переважно проти перебігу і/або по перебігу транскрипції від цільової ділянки, і матриця репарації містить молекулу нуклеїнової кислоти за даним винаходом. Крім того, даний спосіб включає культивування цієї клітини в умовах, які допускають репарацію, що спрямовується гомологією, або гомологічну рекомбінацію, при цьому молекула нуклеїнової кислоти включається з матриці репарації в геном рослини. Крім того, охоплюється регенерація рослини з модифікованої рослинної клітини.

В найкращому варіанті здійснення цільова ділянка являє собою алельний варіант молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом, причому алельний варіант, якщо він присутній у рослині, не надає стійкості до *Heterodera*. Було встановлено, що алельний варіант містить ретротранспозони.

Як описано у зв'язку з молекулою нуклеїнової кислоти за даним винаходом, можуть бути введені заміщення, делеції, вставки, приєднання і/або будь-які інші зміни, які окремо або в комбінаціях фактично змінюють нуклеотидну послідовність, але виконують ту ж функцію, що і вихідна послідовність – в даному випадку, нуклеотидна послідовність алельного варіанта молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом. Отже, у додатковому варіанті здійснення винахід включає нуклеотидну послідовність, яка являє собою похідну нуклеотидної послідовності алельного варіанту молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом, або амінокислотну послідовність, яка являє собою похідну амінокислотної послідовності алельного варіанту за даним винаходом. Похідна нуклеотидна або амінокислотна послідовність, яка має щонайменше одне заміщення, делецію, вставку або приєднання однієї або декількох нуклеїнових кислот або амінокислот, при яких функціональність гена зберігається, є похідною нуклеотидної або амінокислотної послідовності. Отже, в нуклеотидну послідовність можуть бути введені заміщення, делеції, вставки, приєднання і/або будь-які інші зміни окремо або в комбінаціях з геном, які фактично змінюють нуклеотидну послідовність, але виконують ту ж функцію, що і вихідна послідовність, з використанням стандартних способів, відомих з попереднього рівня техніки, наприклад, за допомогою сайт-спрямованого мутагенезу, методики TILLING, ПЛР-опосередкованого мутагенезу, хімічного індукovanого мутагенезу, редагування геному, редагування основ і т.д.

Щодо амінокислотної послідовності, то після модифікації за допомогою вищезгаданого способу, вона також має загальний структурний домен і/або має загальну функціональну активність. Нуклеотидні послідовності або амінокислотні послідовності, які щонайменше на 80 %, щонайменше на 85 %, щонайменше на 90 %, щонайменше на 91 %, щонайменше на 92 %, щонайменше на 93 %, щонайменше на 94 %, щонайменше на 95 %, щонайменше на 96 %, щонайменше на 97 %, щонайменше на 98 %, щонайменше на 99 % або щонайменше на 100 % ідентичні нуклеотидній послідовності або амінокислотній послідовності зазначеного алельного варіанта молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом, визначені тут як досить подібні. Відповідно, даний винахід включає нуклеотидну послідовність, яка здатна гібридизуватися в суворих умовах з нуклеотидною послідовністю, яка комплементарна нуклеотидній послідовності алельного варіанта молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом або нуклеотидній послідовності, яка кодує відповідну амінокислотну послідовність.

У додатковому найкращому варіанті здійснення спосіб за даним винаходом відрізняється тим, що щонайменше один двосторонній розрив відбувається в позиції, яка становить не більше 10000 пар основ, переважно щонайменше 5000 пар основ, більш переважно щонайменше 1000 пар основ проти перебігу і/або по перебігу транскрипції від цільової ділянки, або яка видалена не більш ніж на 10000 пар основ, переважно щонайменше на 5000 пар основ, більш переважно щонайменше на 1000 пар основ від алельного варіанту за даним винаходом.

Для фахівця в даній галузі техніки може бути очевидним, що можливе виникнення декількох різних чутливих послідовностей, які походять з молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом, але не надають стійкості до *Heterodera*, так що послідовність, зазначену вище, слід розглядати тільки як приклад послідовності, і даний винахід не обмежується вищезгаданим алельним варіантом молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом. Зрозуміло, чутливі варіанти молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом можуть містити ретротранспозони не тільки як описано вище, але всі види мутацій, відомі фахівцю в даній галузі техніки і згадані вище в послідовності ДНК або кДНК, або в промоторній ділянці, можуть призводити до чутливих алелів.

Як описано вище, при кількісній спадковості QTL (локуса кількісних ознак) в рослину часто привноситься не тільки бажана стійкість до патогену роду *Heterodera*, але й небажані ознаки, такі як, наприклад, зниження врожайності внаслідок успадкування додаткових генів, які не пов'язані з позитивною ознакою стійкості. Отже, в найкращому варіанті здійснення введення молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом або вищеописаної комбінації молекул нуклеїнової кислоти за даним винаходом, яка вже сама по собі виявляє домінуючий ефект стійкості, або вектора або експресійної касети, не пов'язано з введенням небажаних ознак, при цьому переважно відсутній негативний вплив на врожайність. Крім того, винахід охоплює рослину, отриману таким способом.

Хоча аналізи QTL, які раніше стали відомі з попереднього рівня техніки, могли виявляти фактичні QTL, основні ділянки геному, які показали ефект QTL, також опосередковували недоліки, описані вище, і тому в даному контексті також розглядається "зчеплений вантаж". У той же час QTL і пов'язані з ними ефекти не були описані одноманітно у відповідному попередньому рівні техніки і просто опосередковували слабкий ефект, внаслідок чого використання цих результатів у селекції рослин, стійких до *Heterodera*, було можливе лише обмеженою мірою і було значною мірою невизначеним. Цілеспрямована селекція та контрольована інтеграція гена стійкості до генного пулу цукрових буряків тепер можливі за рахунок ідентифікації описаного тут гена стійкості. Це забезпечує

селекцію та отримання абсолютно нових сортів, стійких до *Heterodera*, які виявляють високу стійкість до патогену, не надаючи негативного впливу на вихід цукру.

Даний винахід також належить до способу ідентифікації і, можливо, отримання стійкої до патогену *Heterodera* рослини виду *Beta vulgaris*, який відрізняється тим, що даний спосіб включає етап виявлення присутності і/або експресії молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом, або поліпептиду за даним винаходом в рослині або її зразку/частини. Присутність і/або експресію молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом, або поліпептиду за даним винаходом можна перевірити за допомогою стандартних методів, відомих фахівцю в даній галузі техніки, наприклад, за допомогою ПЛР, ОТ-ПЛР або вестерн-блотингу.

Крім того, спосіб ідентифікації за даним винаходом також включає виявлення молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом за допомогою виявлення щонайменше одного поліморфізму в послідовності, що надає стійкість, тобто послідовностях молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом. Як вже було описано вище, фахівцю в даній галузі техніки може бути очевидно, що існує кілька чутливих послідовностей, тобто кілька послідовностей, які кодують алельний варіант молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом. Отже, найкращий варіант здійснення способу за даним винаходом включає виявлення щонайменше одного поліморфізму з використанням молекулярних маркерів, які виявляють поліморфізми, зокрема, діагностичні поліморфізми. Таке виявлення переважно відбувається з використанням щонайменше одного молекулярного маркера на поліморфізм, зокрема на діагностичний поліморфізм. Фахівцю у даній галузі техніки відомо, які методи маркування слід застосовувати для виявлення відповідного поліморфізму, і як створюються молекулярні маркери для нього (див. *Advances in Seed Science and Technology*, том I, Vanangamudi та співавт., 2008 р.). Крім того, даний винахід охоплює молекулярні маркери, які описують або виявляють поліморфізм у послідовностях молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом. Таким чином, також можливо використовувати маркери, які не розрізняють різні поліморфізми, за умови, що маркери здатні виявляти такий поліморфізм, який зустрічається в молекулі нуклеїнової кислоти за даним винаходом, але не містить чутливого алельного варіанту.

Альтернативно або додатково спосіб ідентифікації за даним винаходом включає етап виявлення щонайменше одного маркерного локусу в нуклеотидній послідовності молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом. В результаті цього генерується сигнал, наприклад сигнал флуоресценції або підсилювач послідовності. Крім того, попередні способи ідентифікації також є способами селекції рослини, яка виявляє стійкість до *Heterodera* за даним винаходом. Спосіб селекції включає заключний етап селекції стійкої рослини.

У даному контексті даний винахід також включає розробку або отримання молекулярних маркерів, які підходять для виявлення вищезгаданих поліморфізмів стійкого алелю, або конструювання гібридизаційних зондів, які специфічно зв'язуються з нуклеотидною послідовністю молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом, або отримання пари молекул нуклеїнової кислоти, яка придатна для ампліфікації в ділянці ПЛР, специфічної для молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом, і, таким чином, для їх виявлення у рослині або рослинній клітині.

Винахід переважно включає спосіб отримання олігонуклеотидів довжиною щонайменше 15, 16, 17, 18, 19 або 20, переважно щонайменше 21, 22, 23, 24 або 25, дуже переважно щонайменше 30, 35, 40, 45 або 50, і особливо переважно щонайменше 100, 200, 300, 500 або 1000 нуклеотидів, які специфічно гібридизуються з нуклеотидною послідовністю молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом, або молекулою нуклеїнової кислоти, яка комплементарна їй, або парю молекул нуклеїнової кислоти – переважно, у формі олігонуклеотидів, – яка придатна для приєднання як прямого та зворотного праймера до ділянки, яка специфічна для молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом, та для її ампліфікації в полімеразній ланцюговій реакції (ПЛР), або яка придатна для гібридизації як прямого та зворотного праймера з ділянкою в геномі *Beta vulgaris*, яка в *Beta vulgaris* має косегрегацію із стійкістю до *Heterodera*, що надається поліпептидом за даним винаходом, або молекулою нуклеїнової кислоти за даним винаходом.

Спосіб отримання олігонуклеотидів спочатку включає в себе етапи, на яких: порівнюють нуклеотидну послідовність молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом з нуклеотидною послідовністю відповідної молекули нуклеїнової кислоти, яка не надає стійкості; ідентифікують відмінності у послідовності між двома нуклеотидними послідовностями; і генерують молекули нуклеїнової кислоти – тут маються на увазі олігонуклеотиди, – які специфічно зв'язуються з молекулою нуклеїнової кислоти за даним винаходом, але не з молекулою нуклеїнової кислоти, яка не опосередковує стійкості.

Крім того, олігонуклеотид за даним винаходом може бути з'єднаний з флуоресцентним барвником для генерації сигналу флуоресценції, наприклад, при збудженні світлом відповідної довжини хвилі. Як флуоресцентний барвник може використовуватися флуорохром. Олігонуклеотиди за даним винаходом можуть бути спряжені з іншими сполуками, придатними для генерації сигналу. Такі олігонуклеотиди не зустрічаються в природі, а також не можуть бути виділені із природи. Для отримання таких маркованих олігонуклеотидів виконується наступне: ДНК може бути маркована биортогонально. Для цього ДНК може бути маркована *in vivo* або *in vitro* аналогами нуклеозидів, які, наприклад, згодом можуть бути пов'язані з флуорофором реакції Штаудінгера. Крім цього, ДНК також може бути хімічно забезпечена флуорофорами. Олігонуклеотиди можуть бути марковані за допомогою синтезу фосфорамідиту за допомогою флуорофорів, які, наприклад, використовуються в кПЛР, секвенуванні ДНК та гібридизації *in situ*. Крім того, ДНК може бути генерована ферментативно під час полімеразної ланцюгової реакції з флуоресцентними нуклеотидами або бути маркована лігазою або термінальною дезоксинуклеотидилтрансферазою. ДНК також може бути виявлена опосередковано за допомогою біотинілування та флуоресцентного авідину. Для спряження як флуорофори, крім іншого, використовуються флуоресцеїн, флуоресцентні лантаніди, наночастинки золота, вуглецеві нанотрубки або квантові точки. Одним з найбільш часто використовуваних флуоресцентних речовин є FAM (карбоксифлуоресцеїн). Отже, винахід охоплює олігонуклеотиди і, зокрема, праймери, які мають маркування FAM. FAM переважно представлений у вигляді 6-FAM, проте, при цьому - залежно від бажаної довжини хвилі випромінювання та збудження - можуть використовуватися інші варіанти FAM, наприклад, 5-FAM. Прикладами

додаткових флуоресцентних маркерів є AlexaFluor, ATTO, Dabcyl, HEX, Rox, TET, Texas Red та Yakima Yellow. Залежно від галузі застосування олігонуклеотиди можуть бути забезпечені модифікаціями основ або сахарофосфатного кістяка. До них належать, крім іншого, аміно-dT, азид-dT, 2-амінопурин, 5-Br-dC, 2'-дезоксіінозін (INO), 3'-дезоксі-A, C, G, 5-мет-dC, 5-OH-мет-dCN6-мет-dA та інші.

Крім того, даний винахід належить до маркерного чіпа ("ДНК-чіпу" або мікрочіпу), який містить щонайменше один олігонуклеотид за даним винаходом, придатний для виявлення. Маркерний чіп придатний для застосування в одному або кількох способах виявлення за даним винаходом.

Винахід також включає спосіб отримання білка за даним винаходом. Спосіб включає отримання або культивування культури клітин, яка містить будь-який з SEQ ID №№ 2, 5 і 8, та наступну експресію білка, що кодується будь-яким з SEQ ID №№ 2, 5 і 8.

Крім того, даний винахід належить до стійкої до *Heterodera* рослини або її частини, які були ідентифіковані і, якщо застосовно, відібрані за допомогою способу, описаного вище. Зокрема, даний винахід належить до популяції рослин, що включає рослини, які доступні за одним зі способів даного винаходу, як описано вище, і які переважно стійкі до бурякової цистоутворюючої нематоди, і відрізняються присутністю молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом. Популяція переважно містить щонайменше 10, переважно щонайменше 50, більш переважно щонайменше 100, особливо переважно щонайменше 500 і, зокрема, при сільськогосподарському вирощуванні переважно щонайменше 1000 рослин. Частка рослин у популяції, які не несуть молекулу нуклеїнової кислоти за даним винаходом і/або сприйнятливі до зараження *Heterodera*, зокрема *Heterodera schachtii*, переважно становить менше 25 %, переважно менше 20 %, більш переважно менше 15 %, ще більш переважно 10 %, і особливо переважно менше 5 %, якщо вона взагалі присутня.

За допомогою точного картування, описаного вище, можна ідентифікувати ген (гени) в геномі, що надає (надають) стійкість до *Heterodera*. Це, у свою чергу, являє собою основу для розробки зондів гібридизації ДНК або генетичних маркерів у цільовій ділянці, за допомогою яких можна виявити ген, що опосередковує стійкість до *Heterodera* або відрізнити ген, що опосередковує стійкість до *Heterodera*, від гена, який не надає стійкості.

Зонди гібридизації ДНК можуть бути отримані з послідовності гена (генів), що надає (надають) стійкість до *Heterodera*, і використовуватися для скринінгу геномних банків і/або банків кДНК потрібного організму. Зонди можуть бути використані для ампліфікації ідентифікованих гомологічних генів за допомогою відомого процесу полімеразної ланцюгової реакції (ПЛР) і для перевірки гена, що надає стійкість до *Heterodera*, щодо ендегенної присутності в організмі або його успішного введення гетерологічним способом.

У цьому випадку фахівець у даній галузі техніки може вдатися до звичайних способів гібридизації, клонування та секвенування, які, наприклад, перераховані в Sambrook та співавт., *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, 3-е вид. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Колд-Спринг-Харбор, Нью-Йорк, 2001 р. Фахівець у даній галузі техніки також може синтезувати та використовувати олігонуклеотидні праймери для ампліфікації послідовностей гена (генів), що надає (надають) стійкість до *Heterodera*. Для досягнення специфічної гібридизації такі зонди повинні бути специфічними і мати довжину щонайменше 15 нуклеотидів, переважно щонайменше 20 нуклеотидів. Докладний посібник з гібридизації нуклеїнових кислот можна знайти в Tijssen, *Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology – Hybridization with Nucleic Acid Probes*, частина 1, розділ 2, "Огляд принципів гібридизації та стратегія аналізів з використанням зондів нуклеїнових кислот". Elsevier, Нью-Йорк (1993 р.); і в *Current Protocols in Molecular Biology*, глава 2, Ausubel та співавт., ред., видання Greene Publishing і Wiley Interscience, Нью-Йорк (1995 р.).

Отже, предметом даного винаходу є молекула нуклеїнової кислоти довжиною щонайменше 15, 16, 17, 18, 19, або 20, переважно щонайменше 21, 22, 23, 24 або 25, дуже переважно щонайменше 30, 35, 40, 45 або 50, і особливо переважно щонайменше 100, 200, 300, 500 або 1000 нуклеотидів, при цьому дана молекула нуклеїнової кислоти специфічно гібридується з раніше описаною нуклеотидною послідовністю за даним винаходом, яка містить ген (гени), що надає (надають) стійкість до *Heterodera*. Сюди також явно входить діапазон від 15 % до 35 % нуклеотидів.

Отже, даний винахід також належить до маркерів у вигляді олігонуклеотидів, зокрема, до праймерних олігонуклеотидів. Вони включають молекулу нуклеїнової кислоти довжиною щонайменше 15 нуклеотидів, яка специфічно гібридується з нуклеотидною послідовністю, визначеною вище.

Зокрема, даний винахід охоплює пару молекул нуклеїнової кислоти – переважно у формі олігонуклеотидів або набору, що містить цю пару олігонуклеотидів, – яка придатна для гібридизації як прямий і зворотний праймер до ділянки, яка специфічна для молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом, та для її ампліфікації в полімеразній ланцюговій реакції (ПЛР), або яка придатна як прямий і зворотний праймер для гібридизації з ділянкою в геномі *Beta vulgaris*, який у *Beta vulgaris* виявляє косегрегацію зі стійкістю до патогену роду *Heterodera*, що надається поліпептидом за даним винаходом, або з молекулою нуклеїнової кислоти за даним винаходом. Переважно ділянка в геномі *Beta vulgaris* розташована між маркером s5e3001s02 і маркером s5e4668xxx, фланкована s5e3001s02 маркером і маркером s5e4668xxx або містить хромосомний інтервал між маркером s5e3001s02 і маркером s5e4668xxx.

За допомогою даного винаходу також можуть бути досягнуті наступні переваги для селекції і розробки нових стійких ліній рослин роду *Beta*. Інформація про послідовність, а також ідентифіковані поліморфізми, які дозволяють проводити диференціацію між стійкими та потенційно чутливими алелями розкритого гена, тобто між алелями, що надають стійкості до патогену роду *Heterodera*, та алелями, які не здатні надавати цю стійкість, дозволяють розробити маркер, який є важливим сприянням для селекціонера, зокрема, щодо розробки оптимізованих елітних ліній без "зчепленого вантажу". Більш того, знання про послідовну структуру можуть бути використані для ідентифікації додаткових генів стійкості, зокрема, до *Heterodera*, які є, наприклад, гомологічними або ортологічними.

Отже, даний винахід також включає спосіб ідентифікації додаткових молекул нуклеїнових кислот, які надають стійкість до патогену роду *Heterodera*, якщо присутні в рослині, і які кодують поліпептиди або додаткові білки, які

здатні надавати стійкість до патогену роду *Heterodera* в рослині, в якій експресується поліпептид, відповідно. Отже, фахівець у даній галузі техніки може використовувати бази даних, застосовуючи відповідні профілі пошуку та комп'ютерні програми для скринінгу гомологічних послідовностей або для порівняння послідовностей. Більш того, за допомогою звичайних методів молекулярної біології фахівець у даній галузі техніки може самостійно одержати додаткові послідовності ДНК, що кодують білки, стійкі до *Heterodera*, та використовувати їх у рамках даного винаходу. Наприклад, відповідні гібридизаційні зонди можуть бути отримані з послідовності молекули нуклеїнової кислоти за даним винаходом і використовуватися для скринінгу геномних банків і/або банків кДНК потрібного організму. У цьому випадку фахівець у даній галузі техніки може вдатися до звичайних способів гібридизації, клонування та секвенування, які, наприклад, перераховані в Sambrook та співавт., *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, 3-е вид. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Колд-Спринг-Харбор, Нью-Йорк, 2001 р. Використовуючи відомі послідовності, фахівець у даній галузі техніки може також синтезувати та використовувати олігонуклеотидні праймери для ампліфікації послідовностей молекул нуклеїнових кислот, що надають стійкості до *Heterodera*.

Отже, в одному варіанті здійснення даний винахід охоплює спосіб ідентифікації молекули нуклеїнової кислоти, яка кодує поліпептид, здатний надавати стійкість до *Heterodera* у виду рослини *Beta vulgaris*, в якій експресується поліпептид. Отже, спосіб включає порівняння амінокислотної послідовності поліпептиду згідно винаходу, який в *Beta vulgaris subsp. vulgaris* надає стійкість до патогену роду *Heterodera* завдяки амінокислотним послідовностям з бази даних послідовностей, або завдяки послідовностям алельних варіантів поліпептиду за даним винаходом в генотипах виду *Beta vulgaris*. Крім того, спосіб за даним винаходом включає ідентифікацію амінокислотної послідовності або алельного варіанту, який щонайменше на 70 %, переважно щонайменше на 80 % ідентичний амінокислотної послідовності поліпептиду за даним винаходом, а також введення молекули нуклеїнової кислоти, яка кодує ідентифіковану амінокислотну послідовність або алельний варіант у рослині виду *Beta vulgaris*; експресію молекули нуклеїнової кислоти у рослині; та необов'язково наступну перевірку стійкості до патогену роду *Heterodera*.

Як описано вище, додаткові білки, що надають стійкість до *Heterodera*, або їхні кодуючі гени, тобто гомологи, аналоги і ортологи, які щонайменше на 70 %, переважно щонайменше на 80 %, дуже переважно щонайменше на 90 %, особливо переважно щонайменше на 95 % або навіть на 98 % ідентичні амінокислотної послідовності поліпептиду, яка кодується молекулою нуклеїнової кислоти за даним винаходом, можуть бути ідентифіковані за допомогою класичних біоінформаційних підходів (пошук у базі даних та комп'ютерні програми для скринінгу гомологічних послідовностей).

Додатковий варіант здійснення винаходу належить до рослини або насіння, що містить нуклеїнову кислоту за даним винаходом, як описано тут, причому рослина або насіння такої рослини має геном, що дозволяє розвивати тіло буряка з мінімальною свіжою масою, що дорівнює 200 г, 250 г, 300 г, 400 г, 450 г або 500 г і максимальною масою 100 г, 1100 г, 1200 г, 1300 г, 1400 г, 1500 г, 1600 г, 1700 г, 1800 г, 1900 г або 2000 г. Відповідний генетичний склад для розвитку такого тіла буряка є, наприклад, у наступних сортів: BTS 8629, BTS 8735, BTS 8500, BTS 8767 або BTS 8749. Фахівець у даній галузі техніки знає, як перенести нуклеїнову кислоту за даним винаходом в рослину, що має такий генетичний склад. Насіння в цьому варіанті здійснення може являти собою дражоване насіння.

Додатковий варіант здійснення винаходу належить до рослини або насіння, що містить нуклеїнову кислоту за даним винаходом, як описано тут, причому рослина або насіння такої рослини має геном, що дозволяє розвивати тіло буряка з концентрацією сахарози у свіжій масі тіла буряка, щонайменше 10 %, 11 %, 12 %, 13 %, 14 %, 15 %, 16 %, 17 %, 18 %, 19 % або навіть 20 % (відсотків за масою). Відповідний генетичний склад для розвитку такого тіла буряка є, наприклад, у наступних сортів: BTS 8629, BTS 8735, BTS 8500, BTS 8767 або BTS 8749. Фахівець у даній галузі техніки знає, як перенести нуклеїнову кислоту за даним винаходом в рослину, що має такий генетичний склад. Насіння в цьому варіанті здійснення може являти собою дражоване насіння.

Отже, термін "гомолог(и)" означає, що відповідні гени (з двох різних видів рослин) мають по суті одну і ту ж функцію та загального предка, і, отже, зазвичай демонструють значну ідентичність у своїх послідовностях нуклеїнових кислот або кодованих амінокислот. При цьому також існує багато генів, які гомологічні один одному, без білкових послідовностей, що призводять до значного парного вирівнювання. На відміну від цього, термін "аналог(и)" описує гени або білки, які (аналогічно) мають ідентичну або подібну функцію, але не створені з однієї і тієї ж структури, тобто не мають спільного предка. У цьому випадку часто неможливо встановити значну ідентичність в їхній нуклеїновій кислоті або амінокислотній послідовності, що кодується, або, у кращому випадку, в конкретних функціональних доменах.

У контексті секвенування геному гомологи з метою анотації класифікуються більш точно. З цією метою були введені терміни "ортологія" та "паралогія". Ортологи – це гени, пов'язані через подію видоутворення. Паралоги - це гени, які сягають події дуплікації.

Отже, ген, по суті, є гомологом, аналогом або ортологом в сенсі даного винаходу, якщо він здатний надавати рослині стійкість до *Heterodera*. Для перевірки використовуються способи, які вже описані вище і відомі фахівцю в даній галузі техніки, наприклад, ампліфікація ідентифікованого гомолога або аналога, або ортолога за допомогою ПЛР, клонування у векторах експресії, введення в цільову рослину або рослинну клітину, та перевірка стійкості.

Як описано вище, розкриті тут використання алелю стійкого гена в цис- або трансгенетичних підходах відкриває можливість нових стійких видів роду *Beta*, які, використовуючи ефект дози, виявляють підвищену стійкість, або в яких можна уникнути розриву стійкості і оптимізувати розвиток стійкості за допомогою пірамідкування розкритого гена з іншими генами стійкості. Також можливі модифікації гена з використанням методики TILLING або цілеспрямованої інженерії для вироблення нових алелів стійкості.

Даний винахід належить до використання в рослині ідентифікованого алелю гена, що надає стійкість до *Heterodera*, в генетичному або молекулярному пакеті з іншими генетичними елементами, які можуть надавати агрономічно вигідні властивості. Отже, економічна цінність культурних рослин може бути помітно збільшена, у

тому сенсі, що, наприклад, показники врожайності підвищуються в порівнянні з рослинами, які мають таку ж генетику, але не забезпечені нуклеїновою кислотою за даним винаходом. Крім того, можуть бути відкриті нові посівні площі для рослин, які раніше були недоступні для вирощування цієї рослини внаслідок біотичних факторів, таких як сильний тиск патогенів. Зокрема, даний винахід належить до використання ідентифікованого алелю гена, що надає стійкість до *Heterodera*, у способах боротьби з зараженням патогеном *Heterodera schachtii* при сільськогосподарському або садівничому вирощуванні рослин роду *Beta*, наприклад, включаючи ідентифікацію та селекцію рослин роду *Beta* за допомогою одного із способів, описаних вище, і/або культивування обраних таким чином рослин, або їх нащадків. Отже, даний винахід включає спосіб культивування рослин виду *Beta vulgaris*, що включає на першому етапі отримання стійких до *Heterodera* рослин виду *Beta vulgaris* за даним винаходом або отримання рослин виду *Beta vulgaris* за допомогою способу отримання за даним винаходом, або ідентифікацію і селекцію рослин виду *Beta vulgaris* за допомогою способу ідентифікації за даним винаходом, який був описаний вище; і включаючи на другому етапі культивування рослин з першого етапу або розміщення насіннєвого матеріалу з рослини з першого етапу або вирощування рослин з першого етапу. Отже, спосіб культивування протидіє зараженню *Heterodera* культурних рослин. Спосіб культивування може бути частиною способу виробництва цукру. Спосіб виробництва цукру включає етапи способу культивування і додатково, як передостаннього етапу, збір врожаю культурних рослин і, як останнього етапу, екстракцію цукру з вищезгаданих рослин.

Спосіб культивування також може бути частиною способу отримання насіннєвого матеріалу. Спосіб отримання насіннєвого матеріалу включає етапи способу культивування і додатково, як передостаннього етапу, яровізацію культурних рослин і, як останнього етапу, екстракцію насіння з вищезгаданих рослин. Екстраговане насіння необов'язково може бути дражоване для отримання дражированного насіннєвого матеріалу виду *Beta vulgaris*. У цьому випадку йдеться про спосіб отримання дражованого насіннєвого матеріалу.

Більш того, спосіб отримання насіннєвого матеріалу може бути розроблений як спосіб отримання насіннєвого матеріалу, стійкого до *Heterodera*. Спосіб отримання насіннєвого матеріалу, стійкого до *Heterodera*, включає в себе етапи описаного вище способу отримання насіннєвого матеріалу і додатково, як останнього етапу, перевірку нуклеїнової кислоти за даним винаходом відповідно до описаного тут способу щонайменше в одному з екстрагованих насінин, переважно по щонайменше 0,1 % або щонайменше 1 % екстрагованих насінин. Перевірка особливо переважно здійснюється таким чином, щоб насіння залишалось придатним для проростання. Це означає, що вилучення з насіння ДНК, необхідної для перевірки, не нейтралізує схожість насіння. У такому випадку перевірка нуклеїнової кислоти за даним винаходом по могла бути проведена в особливо великій частині усіх екстрагованих насінин. Наприклад, перевірка може проводитися щонайменше у 2 %, переважно щонайменше у 3 %, особливо переважно щонайменше у 4 % від усіх екстрагованих насінин.

Рослини за даним винаходом, їхні клітини або насіння, або насіннєвий матеріал за даним винаходом можуть мати додаткові, агрономічно вигідні властивості або бути забезпечені такими. Одним із прикладів є толерантність або стійкість до гербіцидів, таких як гліфосат, глюфосинат або інгібітори ALS. Переважна стійкість до гліфосату або гербіциду, що інгібує ALS. Конкретний варіант здійснення стійкості до гліфосату розкритий в US 7 335 816 B2. Така стійкість до гліфосату, наприклад, є в насіннєвому матеріалі, що зберігається в NCIMB, Абердін (Шотландія, Сполучене Королівство), за номером доступу NCIMB 41158 або NCIMB 41159. Таке насіння може бути використане для отримання толерантної до гліфосату рослини цукрового буряка. Стійкість до гліфосату може бути передана іншим видам роду *Beta* шляхом схрещування.

Отже, винахід також охоплює рослини, їхні клітини або насіння, або насіннєвий матеріал, що відрізняються тим, що вони містять молекулу нуклеїнової кислоти за даним винаходом, і, крім того, тим, що фрагмент ДНК геномної ДНК рослини, його частин або насіння може бути ампліфікований за допомогою полімеразної ланцюгової реакції з першим та другим праймером.

Конкретний варіант здійснення стійкості до гербіцидів, що інгібують ALS, розкритий в документі WO 2012/049268 A1. Наприклад, така стійкість до гербіцидів, що інгібують ALS, є в матеріалі, що зберігається в NCIMB, Абердін, Сполучене Королівство, під номером NCIMB 41705. Крім того, така стійкість до ALS-інгібітора може бути отримана за методикою TILLING або шляхом сайт-спрямованого мутагенезу, наприклад, за допомогою редагування генів, наприклад, за допомогою CRISPR/Cas. Отже, винахід також охоплює рослини, їх клітини або насіння, або насіннєвий матеріал, що відрізняються тим, що вони містять молекулу нуклеїнової кислоти за даним винаходом, і, крім того, тим, що вони демонструють мутацію в ендегенному гені ацетолактатсинтази, при цьому ген ацетолактатсинтази кодує білок ацетолактатсинтази, який внаслідок мутації в позиції 569 має амінокислоту, що відрізняється від триптофану. В результаті мутації амінокислота в позиції 569 переважно являє собою аланін, гліцин, ізолейцин, лейцин, метіонін, фенілаланін, пролін, валін або аргінін. Крім того, мутація може бути присутньою як гетерозиготно, так і гомозиготно в рослинах, їхніх клітинах або насінні, або насіннєвому матеріалі. Ми рекомендуємо гомозиготну присутність мутації, оскільки це сприяє більш стабільному або більш інтенсивному фенотиповому виникненню стійкості.

З попереднього рівня техніки фахівцю в даній галузі техніки відомі численні додаткові гербіциди та їх застосування. З метою забезпечення відповідної толерантності рослин він може звернутися до попереднього рівня техніки для отримання знань про те, які генетичні елементи повинні використовуватися, та яким чином.

Додатковим прикладом агрономічно вигідної властивості є додаткова стійкість до патогенів, причому патогенами можуть бути, наприклад, комахи, віруси, нематоди, бактерії або гриби. Наприклад, широкий захист рослини від патогенів може бути досягнутий за рахунок комбінації різних стійкостей/толерантностей до патогенів, оскільки генетичні елементи можуть проявляти адитивні ефекти між собою. Наприклад, фахівцю в даній галузі техніки відомі різні гени такої стійкості як генетичні елементи. Наприклад, в US 2016/0152999 A1 розкрито ген стійкості RZ до захворювання *Rhizomania*. Це захворювання викликає збудник "вірус некротичного пожовтіння жилок буряка". Декілька видів стійкості до хвороб, що містяться в одній рослині, здійснюють синергічний вплив один на одного. Якщо рослина вперше заражається патогеном, його імунна система зазвичай буває ослаблена, і

епідерміс як зовнішній бар'єр часто буває пошкоджений, внаслідок чого зростає ймовірність подальших інфекцій. Додатковим прикладом агрономічно вигідної властивості є стійкість до холоду чи морозостійкість. Рослини, які виявляють цю властивість, можуть бути посіяні вже на початку року або можуть залишатися в полі довше, що може призвести, наприклад, до збільшення врожайності. У цьому випадку фахівець у даній галузі техніки також може звернутися до попереднього рівня техніки для пошуку відповідних генетичних елементів. Додатковими прикладами агрономічно вигідних властивостей є ефективність використання води, ефективність використання азоту та врожайність. Генетичні елементи, які можуть бути використані для надання таких властивостей, можуть бути знайдені на попередньому рівні техніки.

Крім того, фахівцю в даній галузі техніки відомі різні модифікації для захисту від патогенів. На додаток до сімейств R-генів, які часто описуються, можна ефективно використовувати підхід Avr/R, комплементацию гена Avr (WO 2013/127379), автоактивация R-гена (WO 2006/128444) або підхід HIGS (індукований хазяїном сайленсинг генів) (наприклад, WO 2013/050024). Зокрема, автоактивация R-гена може бути важлива для цього винаходу. Для цього необхідно створити нуклеїнову кислоту, яка кодує автоактивований білок стійкості для утворення стійкості до патогенів у рослин. Потім ця нуклеїнова кислота містить лише обмежену частину гена стійкості NBS-LRR, такого як wb-R-ген, яка простягається по перебігу транскрипції від 5'-кінця кодуєчої ділянки гена стійкості NBS-LRR до початку кодування домену NBS гена стійкості NBS-LRR.

У цьому контексті також включений спосіб, який містить етап видалення тієї ділянки нуклеїнової кислоти за даним винаходом, яка кодує N-кінцеву ділянку і яка починається з р-петлі в домені NBS і продовжується до кінця N-кінцевої ділянки.

Білки стійкості, які кодуються такими вкороченими нуклеїновими кислотами, зазвичай є автоактивованими, оскільки ці білки стійкості викликають імунну реакцію в рослині навіть у відсутність асоційованого патогену і, таким чином, підвищують базовий імунітет рослини. Крім того, включені така укорочена нуклеїнова кислота по даному винаходу та поліпептид, який вона кодує.

Крім того, винахід також включає використання алелю гена, що надає стійкість до *Heterodera*, ідентифікованого описаним вище способом, для комбінації з однією з попередніх модифікацій або з генетичним елементом, описаним вище, який може передавати рослині одну або кілька агрономічно вигідних властивостей.

На додаток до рослини за даним винаходом, даний винахід також належить до насіння або нащадків, або до органу, частини рослини, тканини або її клітини при виробництві продуктів, які зазвичай виробляють з екологічно стійких сировинних матеріалів, таких як харчові продукти і корми для тварин, переважно цукор або сироп (меляса), при цьому меляса також використовується для промислового застосування, наприклад, у виробництві спирту або як живильне середовище для виробництва біотехнологічних продуктів, у виробництві матеріалів або речовин для хімічної промисловості, наприклад, очищених хімікатів, фармацевтичних препаратів або їхніх прекурсорів, діагностичних засобів, косметичних засобів, біоетанолу або біогазу. Приклад використання цукрового буряка як біогенний сировинний матеріал у біогазових установках описаний у заявці DE 10 2012 022 178 A1; див., наприклад, пункт 10.

Наступні приклади пояснюють винахід, але не обмежують предмет винаходу. Якщо не зазначено інше, використано стандартні методи молекулярної біології; див., наприклад, Sambrook та співавт., *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, 3-е вид., Cold Spring Harbor Laboratory Press, Колд-Спрінг-Харбор, Нью-Йорк, 2001 р., Fritsch та співавт., *Cold Spring Harbor Laboratory Press*: 1989 р.; Mayer та співавт., *Immunochemical Methods in Cell and Molecular Biology*, ред., Academic Press, Лондон, 1987 р., і Weir та співавт., *Handbook of Experimental Immunology*, томи I-IV, Blackwell, ред., 1986 р.

Деякі з найбільш важливих послідовностей за даним винаходом докладно пояснені нижче:

- SEQ ID № 1: послідовність геномної ДНК гена LLR2, що надає стійкість до *Heterodera*, з *Beta vulgaris*. *maritima*.

- SEQ ID № 2: послідовність кДНК гена LLR2, що надає стійкість до *Heterodera*, оскільки він не зустрічається в природі.

- SEQ ID № 3: амінокислотна послідовність білка LLR2, що надає стійкість до *Heterodera*, оскільки він кодується і SEQ ID № 1 або SEQ ID № 2.

- SEQ ID № 4: послідовність геномної ДНК гена LLR1, що надає стійкість до *Heterodera*, з *Beta vulgaris*. *maritima*.

- SEQ ID № 5: послідовність кДНК гена LLR1, що надає стійкість до *Heterodera*, оскільки він не зустрічається в природі.

- SEQ ID № 6: амінокислотна послідовність білка LLR1, що надає стійкість до *Heterodera*, оскільки він кодується і SEQ ID № 4 або SEQ ID № 5.

- SEQ ID № 7: послідовність геномної ДНК гена LLR3, що надає стійкість до *Heterodera*, з *Beta vulgaris*. *maritima*.

- SEQ ID № 8: послідовність кДНК гена LLR3, що надає стійкість до *Heterodera*, оскільки він не зустрічається в природі.

- SEQ ID № 9: амінокислотна послідовність білка LLR3, що надає стійкість до *Heterodera*, оскільки він кодується і SEQ ID № 7 або SEQ ID № 8.

- SEQ ID № 10: аллельна версія молекулярного маркера s5e3001s02, що надає стійкість

- SEQ ID № 11: чутлива аллельна версія молекулярного маркера s5e3001s02

- SEQ ID № 12: аллельна версія молекулярного маркера s5e4668xxx, що надає стійкість

- SEQ ID № 13: чутлива аллельна версія молекулярного маркера s5e4668xxx

Молекулярний маркер s5e3001s02 та молекулярний маркер s5e4668xxx є зовнішніми фланкуючими маркерами ділянки, що надає стійкість, яка містить гени, що надають стійкість, за SEQ ID № 1 і/або SEQ ID № 4.

Додаткові молекулярні маркери, придатні для ідентифікації генів стійкості SEQ ID № 1 і/або SEQ ID № 4, або для ідентифікації геномних ділянок, що кодують поліпептид, що надає стійкість, за SEQ ID № 3 або SEQ ID № 6,

наведені в табл. 4. Маркери також можуть бути використані для розрізнення між алельною версією генів, що надає стійкість, за даним винаходом і алельною версією цих генів, яка не надає стійкості.

Таблиця 4

Маркер	SEQ ID №	Алельний варіант, що надає стійкості
s5e4355xxx	14	ні
s5e4355xxx	15	так
s5e7304s01	16	ні
s5e7304s01	17	так
s5e3316xxx	18	ні
s5e3316xxx	19	так
s5e3735xxx	20	так
s5e3735xxx	21	ні
s5p8662s01	22	так
s5p8662s01	23	ні
s5e4282xxx	24	ні
s5e4282xxx	25	так
s5e5857s01	26	так
s5e5857s01	27	ні
s5e5006xxx	28	ні
s5e5006xxx	29	так
s5p4394s01	30	ні
s5p4394s01	31	так
s5e5974s01	32	ні
s5e5974s01	33	так
s5e5869s01	34	так
s5e5869s01	35	ні
s5e5976s01	36	так
s5e5976s01	37	ні
s5p4361s01	38	ні
s5p4361s01	39	так
s5e5865s01	40	ні
s5e5865s01	41	так
s5p2211s01	42	ні
s5p2211s01	43	так
s5e5868s01	44	ні
s5e5868s01	45	так
s5e5890s01	46	ні
s5e5890s01	47	так
sxi0735s01	48	ні
sxi0735s01	49	так
s5e5894s01	50	так
s5e5894s01	51	ні
s5e5893s01	52	так
s5e5893s01	53	ні
s5p4401d01	54	так
s5p4401d01	55	ні
s5e5883s01	56	так
s5e5883s01	57	ні
s5e5887s01	58	ні
s5e5887s01	59	так
s5e5888s01	60	ні
s5e5888s01	61	так
s5e4503s02	62	так
s5e4503s02	63	ні
s5e4503xxx	64	так
s5e4503xxx	65	ні
s5e4021xxx	66	ні
s5e4021xxx	67	так
s5e5771s05	68	так
s5e5771s05	69	ні
s5e5771s01	70	ні
s5e5771s01	71	так
s5e5771s02	72	ні

s5e5771s02	73	так
s5e5771s03	74	так
s5e5771s03	75	ні
s5e3504xxx	76	ні
s5e3504xxx	77	так
s5e2943xxx	78	ні
s5e2943xxx	79	так
s5e2730xxx	80	так
s5e2730xxx	81	ні
s5e5182s03	82	ні
s5e5182s03	83	так
s5e6157s02	84	так
s5e6157s02	85	ні
s5e6157s03	86	так
s5e6157s03	87	ні

ПРИКЛАДИ

Приклад 1: Проведення тесту на нематоду

- 1) Рослини за даним винаходом висівали в тепличний торф'яний субстрат
- 2) Рослини пересаджували після появи сходів у стадії сім'ядолей у пластикові ящики (розміром приблизно 2*1*15 см), місткістю приблизно 30 мл, заповнені кварцовим піском у вигляді окремих рослин (одна рослина на ящик). Як альтернатива саджанці з тканинної культури можуть бути перенесені безпосередньо в пластикові ящики. Умови температури та освітлення: 16/8 годин світла/темряви зі зміною температури 23 °C/12 °C.
- 3) За тиждень після пересадки імітували зараження шляхом застосування 600 личинок *Heterodera schachtii*.
- 4) Оцінка рослин та кількості цист проводилася під бінокляром за 4 тижня після зараження.

Приклад 2: Збір генів

Локус стійкості розташований на хромосомі 5, і цільова ділянка була зменшена в кілька етапів картування до фланкуючих маркерів s5e5864s01 (інтегрована генетична карта: 9,17 cM) та s5e4503s02 (9,74 cM), що охоплюють фізичну відстань 11934 п.о. на еталонній фізичній карті (ZR_BPMv7 – чутлива до моногермії еталонна послідовність). Під час скринінгу ВАС стійкої донорської лінії були ідентифіковані три клони ВАС для цільової ділянки генома. Клон ВАС були секвенувані з використанням методу PacBio (Fichot, Erin B., та R. Sean Norman. Microbial phylogenetic profiling with the Pacific Biosciences sequencing platform. Microbiome 1.1 (2013 p.): 10). Цей спосіб дозволяє одержувати більш довгі контиги послідовностей контигів і, таким чином, полегшує подальше складання контигів, згенерованих з геномних ділянок, що містять послідовності, що повторюються. Була зібрана стійка послідовність без проломів, що дозволяє проводити порівняння послідовностей між стійким і чутливим еталонним генотипом і розробляти нові маркери в цільовій ділянці. На новому етапі точного картування з використанням доступних рекомбінантів цільова ділянка була зменшена до двох нових фланкуючих маркерів, що охоплюють ділянку послідовності 26484 п.о. у стійкого та 39587 п.о. у чутливих генотипів. Зменшена цільова ділянка містить лише 9 анотованих генів. Серед цих генів три тандемно повторювані гени LRR були ідентифіковані як потенційні причинні гени-кандидати для стійкості до NRBMH (LRR1, LRR2 та LRR3 (фігура 1)). Цільова ділянка демонструє високий рівень складності: а) стійка послідовність містить велику дуплікацію послідовності; б) гени LRR демонструють подібність послідовностей; с) у чутливих генотипах кілька ретротранспозонів вбудовані в цільову ділянку. Зважаючи на складність послідовності збірка послідовностей RR та ss була дуже трудомісткою і дуже складною процедурою.

У межах зменшеної цільової ділянки було виявлено п'ять рекомбінацій, і 180 нащадків цих рекомбінантів були фенотиповані. Фенотипи визначалися за допомогою інтенсивних статистичних методів (t-критерій, ступеневий аналіз). Вибірка, що складається з 10 рослин на відсоток збігів, серед цих п'яти рекомбінантів була проаналізована з використанням специфічних домінантних маркерів, розроблених для трьох генів LRR. Вдалося протестувати на функціональність три гена LRR. Ген LRR1 як приблизний результат не показує жодних суперечливих даних в жодному з рекомбінантів, тобто всі рекомбінанти, що несуть ген LRR1, є стійкими.

Процес "клонування на основі карти" включав наступні етапи: генетичне точне картування, фізичне картування, аналіз послідовності WHG (всього геному), побудова декількох великих сегрегуючих популяцій, рекомбінантний скринінг, розробка маркера в цільовій ділянці, порівняльне секвенування ВАС в стійкому генотипі, аналіз послідовностей стійкого та чутливого генотипу, біоінформатичні аналізи, прогнозування білків, порівняння білків. Наступні етапи мали вирішальне значення для даного винаходу: точне картування у поєднанні з інтенсивним фенотипуванням, ідентифікація та секвенування стійких клонів ВАС, розробка домінантних маркерів для трьох генів LRR, аналіз послідовностей, та порівняння послідовностей і білків між RR (стійкими) та ss (чутливими) генотипами.

Приклад 3: Введення гена, що надає стійкість, як трансген за допомогою трансформації гена в *Beta vulgaris* subsp. *vulgaris*

Трансгенний підхід до отримання рослин, стійких до *Heterodera*, застосовувався не тільки для альтернативної перевірки гена (генів) LRR як гена (генів), що надає (надають) стійкість, але і як засіб отримання трансгенних подій стійкості, які надають нову стійкість до *Heterodera* або покращують вже існуючу стійкість до *Heterodera*.

Ген LRR, який представляє інтерес, був клонований в бінарний вектор pZFN-nptII (фігура 2) за допомогою наступних стандартних процедур клонування: всередині Т-ДНК цього вектора була клонована кДНК гена стійкості між дуплікованим промотором CaMV 35S і термінатором нопалінсинтази (NOS), з метою забезпечення високого конститутивного рівня експресії гена стійкості у трансгенній рослині. Крім того, Т-ДНК включає ген неоміцинфосфотрансферази II (nptII), який надає стійкість до ряду аміноглікозидних антибіотиків, таких як

канаміцин або паромоміцин. Ці стійкості до антибіотиків були використані для відбору трансгенних рослинних клітин та тканин. Промотор NOS і термінатор pAG7 фланкують ген nptII. Крім того, кістяк бінарного вектора містить джерело ColE1 та pVS1 для реплікації плазмід в *Escherichia coli* або *Agrobacterium tumefaciens*. Ген aadA надає стійкості до стрептоміцину/спектиноміцину для відбору бактерій. Плазмиду pZFN-nptII-LRR трансформували в штамі агробактерії AGL-1 за допомогою стандартної процедури.

Трансформацію цукрового буряка проводили відповідно до Lindsey & Gallois (1990 p.), Transformation of sugarbeet (*Beta vulgaris*) by *Agrobacterium tumefaciens*, Journal of experimental botany, 41.5, стор. 529-536). Для цього як вихідний матеріал використовували "мікророзмножені пагони" генотипу 04E05B1DH5, який несе виключно чутливі алелі ідентифікованого гена. Пагони розмножували у відповідному середовищі відповідно до Lindsey & Gallois (1990 p.). З метою індукування максимально великої кількості меристем, "пагони" переносили в інше середовище (див. Lindsey & Gallois (1990 p.)) і інкубували в темному місці протягом декількох тижнів при температурі приблизно 30 °C. Штам агробактерії AGL-1 з вектором pZFN-nptII-LRR культивували у додатковому середовищі (див. Lindsey & Gallois (1990 p.)), додатково забезпеченою відповідними антибіотиками для відбору. Зрізи меристемної тканини на основі пагіна, що обробляється, інкубували з агробактерією протягом декількох годин у додатковому середовищі (див. Lindsey & Gallois (1990 p.)). Експлантати рослин та агробактерії спільно культивували в темному місці протягом щонайменше 2 днів у середовищі (див. Lindsey & Gallois (1990 p.)), а потім інокульовані експлантати інкубували в темному місці протягом приблизно 2 тижнів у додатковому середовищі (див. Lindsey & Gallois (1990 p.)). Після цього експлантати були розмножені додатково в додатковому середовищі (див. Lindsey & Gallois (1990 p.)) і субкультивовані з метою забезпечення можливості відбору трансгенної тканини. Потім листовий матеріал екстрагували із зелених зростаючих "пагонів" і досліджували за допомогою ПЛР на наявність трансгену. Відповідні "пагони" були вкорінені і згодом перенесені в теплицю для отримання насіннєвого матеріалу T1. Стійкість до *Heterodera* в рослинах T1 може бути протестована згодом за допомогою протоколу, описаного в прикладі 1. Результати наведено у табл. 1–3.

Таблиця 1:

Ліній	Генотип	Кількість цист, підрахованих на промитому корінні кожної окремої рослини																								Σ рослин	середня кількість цист	Σ рослин не більше ніж з 30 цистами	
A	чутливий гібрид	78	83	70	63	61	42	46	53	58	57	70	23	54	37	59	43	50	72	45	33	35					21	54	1
B	гомозиготна стійка лінія – зразок	7	16	18	11	13	21	14	12	17	16	24	23	13	17	7	14	7	11	12	11						20	14	20
C	контроль трансформації	8	35	46	26	41	25	23	41	31	61	45	48	38	28	33	47	55	18	13	42	13	29				25	34	8
D	контроль трансформації	47	38	21	9	29	24	24	10	34	32	35	41	40	33	19	30	44	50	53	34	49	38	47	52	31	25	34,5	8
E	контроль трансформації	36	>60	40	25	48	6	45	54	>60	50	44	>60	53	44	30	58	53	40	43	44	22	17	26	34	45	25	-	6
F	контроль трансформації	31	34	37	24	34	17	29	25	29	48	34	23	34	34	42	41	43	47	40	32	27	28	24	53		25	34	9
G	сегрегуюча конструкція SEQ ID № 2	21	14	5	16	1	12	3	19	0	0																10	-	10
H	сегрегуюча конструкція SEQ ID № 2	33	8	36	45	3	23	51	9	16	5	1	39	22	15	43	19	23	22	11	19	43	20	23	16	25	25	-	18
I	сегрегуюча конструкція SEQ ID № 2	33	24	20	25	24	23	42	25	22	24	15	31	17	10	10	17	19	22	14	34	24	20	21	21		25	-	20
J	сегрегуюча конструкція SEQ ID № 2	19	22	30	11	14	13	14	36	18	38	6	7	24	15	3	20	25	18	17	17	6	19	20	14	6	25	-	23
K	сегрегуюча конструкція SEQ ID № 2	20	10	28	8	5	25	3	5	7	5	11	7	9	17	31	15	11	3	40							19	-	17
L	сегрегуюча конструкція	46	36	36	>60	60	58	29	44	43	21	25	28	13	38	42	34	41	0	8	33	16	5	18	38	34	25	-	10

O	сегрегуюча конструкція SEQ ID № 5	35
P	сегрегуюча конструкція SEQ ID № 5	48
Q	сегрегуюча конструкція SEQ ID № 5	72
R	сегрегуюча конструкція SEQ ID № 5	28
S	сегрегуюча конструкція SEQ ID № 5	72
T	сегрегуюча конструкція SEQ ID № 5	44
U	сегрегуюча конструкція SEQ ID № 5	64
V	сегрегуюча конструкція SEQ ID № 5	40
W	сегрегуюча конструкція SEQ ID № 5	56
X	сегрегуюча конструкція SEQ ID № 5	68
Y	сегрегуюча конструкція SEQ ID № 5	80

У табл. 2 показаний відсоток рослин не більше ніж з 30 цистами, які вважаються фенотипно стійкими рослинами. Лінія А є типово чутливою лінією, і лише 4,8 % протестованих особин показали стійкий фенотип. Лінія В є лінією, відомою своєю гарною стійкістю. 100 % протестованих особин лінії В показали стійкий фенотип. Оскільки тільки певні лінії адаптовані до застосування для генетичної трансформації, лінії, використовувані для перетворень, також були протестовані на стійкість (в нетрансгенному стані): протестовані чотири лінії С-Е показали 24-36 % фенотипічно стійких особин.

Таблица 3

Генотип	Середнє співвідношення рослин, що демонструють стійкий фенотип по всіх лініях [%]
чутливий гібрид	4,8
гомозиготна стійка лінія – зразок	100
контроль трансформації	31
сегрегуюча конструкція SEQ ID № 2	86,6
сегрегуюча конструкція SEQ ID № 5	51,6
конструкція SEQ ID № 2 з поправкою на сегрегацію	~ 100
конструкція SEQ ID № 5 з поправкою на сегрегацію	~ 86,6

Внаслідок сегрегації статистично очікується, що 25 % трансформантів не є носіями гена стійкості. Зважаючи на це, значення 75 % фенотипно стійких рослин буде дорівнювати 100 % стійкості, що надається відповідним трансгеном. Отже, останні два рядки табл. 3 показують статистично скориговані значення (множення на коефіцієнт 1,33). Значення табл. 3 показують значне збільшення кількості рослин, що мають стійкий фенотип, після трансформації SEQ ID № 2 і SEQ ID № 5 порівняно з контрольною групою трансформації

Перелік послідовностей

<110> КВС СААТ СЕ ЕНД КО. КГАА

<120> ГЕН СТИЙКОСТІ ДО ПАТОГЕНУ РОДУ HETERODERA

<130> KWS0271PCT

<160> 87

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

<211> 4327

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 1

atggcagctg aagcaggtaa tgtcaaatac tgttggtcat ttcttagaga agcgggaagtg 60

gaggatatccc gcgtatatga tgacggttac ctgtttttgg aggaggatcc agtggcatgg 120

attcaaagtc accctgctgc tgctgacgt ctctctgtgc gaatcttaga gttgaaattg 180

gggctgaatg gtgtggagaa gataacagac atgatatagg agctgtctga gctcactcac 240

ctctatgtct atttgtgtca taacctgat tgtttgcctg acaccatcac aaggctgtcc 300

aaattaccag aaaatttgga agagctggag agccttacc atctctctct tccttattgt 360

gtagatatca agtcccttcc taatagtctt gcaaacctat ccaacttgac gactttggat 420

cttattggat gccattccct tacagaattg cctccaaatt tgaatgttgt acacctcatt 480

attaaacgtt gctgcaaaat caaggccctt cctacaggtt taaataacct ggccagctta 540

catctcaaac aatgtaacta ttgtcttgcc aatttaaagc actcgctcaa cctacgccac 600

ctcacccttc agagttgcga ttttcattct cacgctgacg ttatagaatt cctgccaaat	660
ttggatgagc tgctacaatt atctcttctt gatatccagg ataccaaaat cagatatctt	720
ccttgagca tcacaaagct actcaatttg aaatttctat gtctccctcg gggttttata	780
ctcgaacac taccatatca tctgaatgat tccgtcatca ttatatgaa ggattgtcac	840
gatcgcaaaa cttggaaaga actcaaaaca gagattcaag gtaagtgtt ccgctattta	900
tctcacgaat tattgtttca tgttcgcttc tcttcggca gggccgtctt gaagatttg	960
ggggccggat tctaactga aaattgggcc cctaaattta tagaaaataa agatggaaga	1020
ttaaagttct aaagatggaa agttgaaaat gaagataaat cattgacaaa ttattatag	1080
gtgggaaaca aggtgattt cttcaaatat aaagtaaaat ttcaaaaca atatatttg	1140
gggcctttat aattttggag gccatgtgca attgggtctt ttgcacacc tcactaccc	1200
ctctgtcttc cggtaaatag caaatagcaa atagcatcgc cctcttttta tcgcaatatg	1260
caaacatggg aaagtatat ttcaaatgta tatattcata attcaagcat tgttgtttca	1320
tgttctcctt tctataccaa aatgtttgtt tgcctccta atccaagtcc aaccaattat	1380
gcaaataagg aaagattaga ttcagactat atataataat gttaatatat tttcctgttc	1440

ttcaatttta tttcttaatt atcttcctct ttgtcctcct ccagtgata atttggaat	1500
atcaatgtct gtacctgga actcctcttg ttacctttgg ttggactcca acaagagcct	1560
acatccatgg ctgcagaata attacgattt tcaaccgtct gtgaaattcc tcgatttaa	1620
ttttttggat gatgagtttg gagatctcac gttgctgaaa gagctcacac atgtgacaca	1680
tctctatatt tctggcatg tagacctctg ccgcctccct gacacactca caaatattac	1740
ccatctctct cttcactatg aagatgacac tgatgattca ttgattcct ttcttgatag	1800
gctggcagag ccatcaaact tggatatctt agatgtagat cttagtgaac catacttgcc	1860
gtcaaacatc catcaattcg tcaaccttaa atgtctcact gtaagatatg ccaacagcaa	1920
gccattagta cctgataact gggaaaagct atctaatttg aaatctttgg ttctctatac	1980
atgttataat gtatcattgc caacacattt gaatctcact aacctcaagc ttttcaattg	2040
ctttttcgag aatgtcagct tactacctac aagtctacac cgcctagaat tattgcatag	2100
caacgactat tgcagtgcct ttgctgtga tgacggggat ttagtgaag agcctatact	2160
atgcttgaat cagtttgtca acctagagac gctctctata acatgttacg agtacactgg	2220

cacccgactt cccagcatag caggactacg caacttgaaa gaattacaac ttaaggattg	2280
tttcggcctc aaagaattac cccagattt ggatgagcta gtggaattat ccatttctca	2340
tatcagcggg accagagtca agtcctttcc tgattgcatc acaaagctac aaaagtgaa	2400
acacgtagtc ctgccaagt gttcaaaaa ggaaaattta cccaataatt caaaaacgaa	2460
gtacaccact gatgacacgg atgaagaata ctacaagcat agaggctatt atagtagtga	2520
atatgaaacc tcaaatataa cctctgatga aagtaatgag atcacagtag tagattctgc	2580
agaggtagcc gacaaagtgg tttcagaata ttcacaggaa ggcatcattt cgcagcagat	2640
atcatcacc ccaactcctga gtatacctaa tgctaatacag tttcttgag gtacgtgctt	2700
ctactatttc agaaatcatt gtgtggagta cattgcaatt cttctatctt aaaatcagaa	2760
tctaattgtc aatgatcaa ggtagtgtgc ttccaagtc caacactcct taacccatt	2820
aatggggtct gatagagttt gtttcattat attaaccttt attgcgtggg tttgaatatt	2880
aagtttttt atacaagcag atactcattt caatggtaga agcaatacga tgggcgagaa	2940
ttcacaagtt caagagatgg aaattcatc tacaggactc aattcaaata caaatgaaat	3000
aatgtcacc gaccagatgt tggaattcct atttggaac tcatcatttg attttgggca	3060

catttcttat agtgatgtga ctaatattga tcgtgttgag aataacgac atgcttcaga	3120
atatacgag aacaacgaga atccaccaag tgatgagaac cagggaaaga gacagaagaa	3180
ggagattact catgagaaaa atccatgtct gatggataaa aacatgacac atgaggagct	3240
aggcggtatg ttttatcctt tacaagtat tttctcagtt ctcttttaaa ttcagaagta	3300
tatcgtgata tgcttactgt gactggtgat tatcaactat ttaaaaagca aagtttgatt	3360
ttgacaagaa taaatgggaa ctccattaat ttaaaagatt ctgcttttgg tgcgaaataga	3420
atttaatcac aatggaggag aggatgcagt ttatgagatc agtcacagcg cttcttgagg	3480
ttcacggac caagacatgg agaatatgcc ttaggaaat gataaagatt caacatccac	3540
catagtgcg cgagggaaac gtaacaaaat agagttaat ttgactagag aggaacttga	3600
atcatactgg tccagaaaca tgacggtaga agatgttgca aaagacatag gtggtatgtt	3660
tccattctct aaaaactata cggtcattca ctgcatttaa ttgatagatg catttgatgt	3720
tatatgattc attccagtgt caaggtctac atttaaagc tggttgaagg cctccggtat	3780
taaatggcaa acaagcagga tttcgaag tcaatgtgcc aacaacaaga ataccaatac	3840

tgcatcattc tctggaagta aacctgcaga ggtcaactgt catgaacatg cacctgagtg	3900
tttaagtgat gcaaatgaat gtgatgtcgt taacaactta acccttgctg tgacaatgga	3960
tactgaggaa gagcctggag tagcaacgca atgccatagc aatggtagca aacaggcctc	4020
tgacactctg gtgggtgcag atcagggtac tcaacaagag agtccaagtt taagcaaat	4080
cattgtgaaa gccacttaca aagatgatac tgtagattt catatctctt caactgctag	4140
tttccatgaa ctagaaaaag aagtggcaaa aatctaaaa ctcaagctaa gcaaatttaa	4200
aataaaatat caagatgagg acaaagagtt gatgctaata accttggact ctcaactgaa	4260
ggaacttctc gatctttcaa aatcatctgg tagcaaaatt gttcggttgt taatatttga	4320
tttgtga	4327

<210> 2

<211> 3255

<212> ДНК

<213> Штучна послідовність

<220>

<223> кДНК LRR2 (БЛП2)

<400> 2

atggcagctg aagcaggtaa tgtcaaatac tgttggtcat ttcttagaga agcgggaagtg	60
gaggtatccc gcgtatatga tgacggttac ctgtttttgg aggaggatcc agtggcatgg	120
attcaaagtc accctgctgc tgctgatcgt ctctctgtgc gaatcttaga gttgaaattg	180
gggctgaatg gtgtggagaa gataacagac atgatagagg agctgtctga gctcactcac	240
ctctatgtct atttgtgtca taacctgat tgtttgcctg acaccatcac aaggctgtcc	300
aaattaccag aaaatttga agagctggag agccttacct atctctctct tccttattgt	360
gtagatatca agtcccttcc taatagtctt gcaaacctat ccaacttgac gactttggat	420
cttattggat gccattccct tacagaattg cctccaaatt tgaatgttgt acacctcatt	480
attaaacgtt gctgcaaaat caaggccctt cctacaggtt taaataacct ggccagctta	540
catctcaaac aatgtaacta ttgtcttgcc aatttaaagc actcgctcaa cctacgccac	600
ctcacccttc agagttgcga ttttcattct cacgctgacg ttatagaatt cctgccaaat	660
ttggatgagc tgctacaatt atctcttctt gatatccagg ataccaaaat cagatatctt	720
ccttgagca tcacaaagct actcaatttg aaatttctat gtctccctcg gggttttata	780

ctcgaacac taccatatca tctgaatgat tccgtcatca tttatatgaa ggattgtcac	840
gatcgcaaaa cttggaaaga actcaaaaca gagattcaag tggataattt gggaatatca	900
atgtctgtac ctgggaactc ctcttgttac ctttggttgg actccaacaa gagcctacat	960
ccatggctgc agaataatta cgattttcaa ccgtctgtga aattcctcga tttaaatttt	1020
ttggatgatg agtttggaga tctcacgttg ctgaaagagc tcacacatgt gacacatctc	1080
tatatttctg gtcattgtaga cctctgccgc ctccctgaca cactcacaaa tattacccat	1140
ctctctcttc atactgaaga tgacactgat gattcatttg attcctttct tgataggctg	1200
gcagagccat caaacttggt atcttttagat gtagatctta gtgaaacata cttgccgtca	1260
aacatccatc aattcgtcaa ccttaaatgt ctcaactgtaa gatatgccaa cagcaagcca	1320
ttagtacctg ataactggga aaagctatct aatttgaaat ctttggttct ctatacatgt	1380
tataatgtat cattgccaac acatttgaat ctcaactaacc tcaagctttt caattgcttt	1440
ttcgagaatg tcagcttact acctacaagt ctacaccgcc tagaattatt gcatagcaac	1500
gactattgca gtgccttttg ctgtgatgac ggggattgta gtgaagagcc tatactatgc	1560
ttgaatcagt ttgtcaacct agagacgctc tctataacat gttacgagta cactggcacc	1620

cgacttccca gcatagcagg actacgcaac ttgaaagaat tacaacttaa ggattgtttc	1680
ggcctcaaag aattaccccc agatttggat gagctagtgg aattatccat tctcaatatc	1740
agcggtacca gagtcaagtc ctttcctgat tgcatacaaa agctacaaaa gttgaaacac	1800
gtagtctctgc ccaagtgctt caaaaaggaa aatttaccca ataattcaaa aacgaagtac	1860
accactgatg acacggatga agaatactac aagcatagag gctattatag tagtgaatat	1920
gaaacctcaa atataacctc tgatgaaagt aatgagatca cagtagtaga ttctgcagag	1980
gtagccgaca aagtggtttc agaataattca caggaaggca tcatttcgca gcagatatca	2040
tcacccaac tcctgagtat acctaatact aatcagtttc ttggagatac tcatttcaat	2100
ggtagaagca atacgatggg cgagaattca caagttcaag agatggaaac ttcattctaca	2160
ggactcaatt caaatacaaa tgaaataaat gtcaccgacc agatgttgga attcctatatt	2220
gggaactcat catttgattt tgggcacatt tcttatagtg atgtgactaa tattgatcgt	2280
gttgagaata acgatcatgc ttcagaatat acgcagaaca acgagaatcc accaagtgat	2340
gagaaccagg gaaagagaca gaagaaggag attactcatg agaaaaatcc atgtctgatg	2400

gataaaaaca tgacacatga ggagctaggc gaatttaatc acaatggagg agaggatgca	2460
gtttatgaga tcagtcacag cgcttcttgc ggttcaccgg accaagacat ggagaatatg	2520
cctgtaggaa atgataaaga ttcaacatcc accatagttc gccgaggga acgtaacaaa	2580
atagagttaa atttgactag agaggaactt gaatcatact ggtccagaaa catgacggta	2640
gaagatgttg caaaagacat aggtgtgtca aggtctacat ttaaacgctg gttgaaggcc	2700
tccgtatta aatggcaaac aagcaggatt tcgaaaagtc aatgtgcaa caacaagaat	2760
accaatactg catcattctc tggaagtaaa cctgcagagg tcaactgtca tgaacatgca	2820
cctgagtgtt taagtgtgc aaatgaatgt gatgtcgta acaacttaac cttgctgtg	2880
acaatggata ctgaggaaga gcctggagta gcaacgcaat gccatagcaa tggtagcaaa	2940
caggcctctg acactctggt ggtgtcagat cagggtactc aacaagagag tccaagtta	3000
agcaaaatca ttgtgaaagc cacttacaaa gatgatactg ttagatttca tatctcttca	3060
actgctagtt tccatgaact agaaaaagaa gtggcaaaaa atctaaaact caagctaagc	3120
aaatttaaaa taaaatatca agatgaggac aaagagttga tgctaatac cttggactct	3180
cacttgaagg aacttctcga tctttcaaaa tcactctgga gcaaaattgt tcggttgta	3240

<210> 3

<211> 1084

<212> ПРТ

<213> Буряк звичайний

<400> 3

Met Ala Ala Glu Ala Gly Asn Val Lys Tyr Cys Trp Ser Phe Leu Arg

1 5 10 15

Glu Ala Glu Val Glu Val Ser Arg Val Tyr Asp Asp Gly Tyr Leu Phe

20 25 30

Leu Glu Glu Asp Pro Val Ala Trp Ile Gln Ser His Pro Ala Ala Ala

35 40 45

Asp Arg Leu Ser Val Arg Ile Leu Glu Leu Lys Leu Gly Leu Asn Gly

50 55 60

Val Glu Lys Ile Thr Asp Met Ile Glu Glu Leu Ser Glu Leu Thr His

65 70 75 80

Leu Tyr Val Tyr Leu Cys His Asn Leu Asp Cys Leu Pro Asp Thr Ile

85 90 95

Thr Arg Leu Ser Lys Leu Pro Glu Asn Leu Glu Glu Leu Glu Ser Leu

100 105 110

Thr His Leu Ser Leu Pro Tyr Cys Val Asp Ile Lys Ser Leu Pro Asn

115 120 125

Ser Leu Ala Asn Leu Ser Asn Leu Thr Thr Leu Asp Leu Ile Gly Cys

130 135 140

His Ser Leu Thr Glu Leu Pro Pro Asn Leu Asn Val Val His Leu Ile

145 150 155 160

Ile Lys Arg Cys Cys Lys Ile Lys Ala Leu Pro Thr Gly Leu Asn Asn

165 170 175

Leu Ala Ser Leu His Leu Lys Gln Cys Asn Tyr Cys Leu Ala Asn Leu

180

185

190

Lys His Ser Leu Asn Leu Arg His Leu Thr Leu Gln Ser Cys Asp Phe

195

200

205

His Ser His Ala Asp Val Ile Glu Phe Leu Pro Asn Leu Asp Glu Leu

210

215

220

Leu Gln Leu Ser Leu Leu Asp Ile Gln Asp Thr Lys Ile Arg Tyr Leu

225

230

235

240

Pro Trp Ser Ile Thr Lys Leu Leu Asn Leu Lys Phe Leu Cys Leu Pro

245

250

255

Arg Gly Phe Ile Leu Glu Thr Leu Pro Tyr His Leu Asn Asp Ser Val

260

265

270

Ile Ile Tyr Met Lys Asp Cys His Asp Arg Lys Thr Trp Lys Glu Leu

275

280

285

Lys Thr Glu Ile Gln Val Asp Asn Leu Gly Ile Ser Met Ser Val Pro

290

295

300

Arg Asn Ser Ser Cys Tyr Leu Trp Leu Asp Ser Asn Lys Ser Leu His

305

310

315

320

Pro Trp Leu Gln Asn Asn Tyr Asp Phe Gln Pro Ser Val Lys Phe Leu

325

330

335

Asp Leu Asn Phe Leu Asp Asp Glu Phe Gly Asp Leu Thr Leu Leu Lys

340

345

350

Glu Leu Thr His Val Thr His Leu Tyr Ile Ser Gly His Val Asp Leu

355

360

365

Cys Arg Leu Pro Asp Thr Leu Thr Asn Ile Thr His Leu Ser Leu His

370

375

380

Thr Glu Asp Asp Thr Asp Asp Ser Phe Asp Ser Phe Leu Asp Arg Leu

385 390 395 400

Ala Glu Pro Ser Asn Leu Val Ser Leu Asp Val Asp Leu Ser Glu Thr
405 410 415

Tyr Leu Pro Ser Asn Ile His Gln Phe Val Asn Leu Lys Cys Leu Thr
420 425 430

Val Arg Tyr Ala Asn Ser Lys Pro Leu Val Pro Asp Asn Trp Glu Lys
435 440 445

Leu Ser Asn Leu Lys Ser Leu Val Leu Tyr Thr Cys Tyr Asn Val Ser
450 455 460

Leu Pro Thr His Leu Asn Leu Thr Asn Leu Lys Leu Phe Asn Cys Phe
465 470 475 480

Phe Glu Asn Val Ser Leu Leu Pro Thr Ser Leu His Arg Leu Glu Leu
485 490 495

Leu His Ser Asn Asp Tyr Cys Ser Ala Phe Cys Cys Asp Asp Gly Asp

500

505

510

Cys Ser Glu Glu Pro Ile Leu Cys Leu Asn Gln Phe Val Asn Leu Glu

515

520

525

Thr Leu Ser Ile Thr Cys Tyr Glu Tyr Thr Gly Thr Arg Leu Pro Ser

530

535

540

Ile Ala Gly Leu Arg Asn Leu Lys Glu Leu Gln Leu Lys Asp Cys Phe

545

550

555

560

Gly Leu Lys Glu Leu Pro Pro Asp Leu Asp Glu Leu Val Glu Leu Ser

565

570

575

Ile Leu Asn Ile Ser Gly Thr Arg Val Lys Ser Phe Pro Asp Cys Ile

580

585

590

Thr Lys Leu Gln Lys Leu Lys His Val Val Leu Pro Lys Cys Phe Lys

595

600

605

Lys Glu Asn Leu Pro Asn Asn Ser Lys Thr Lys Tyr Thr Thr Asp Asp

610

615

620

Thr Asp Glu Glu Tyr Tyr Lys His Arg Gly Tyr Tyr Ser Ser Glu Tyr

625

630

635

640

Glu Thr Ser Asn Ile Thr Ser Asp Glu Ser Asn Glu Ile Thr Val Val

645

650

655

Asp Ser Ala Glu Val Ala Asp Lys Val Val Ser Glu Tyr Ser Gln Glu

660

665

670

Gly Ile Ile Ser Gln Gln Ile Ser Ser Pro Gln Leu Leu Ser Ile Pro

675

680

685

Asn Ala Asn Gln Phe Leu Gly Asp Thr His Phe Asn Gly Arg Ser Asn

690

695

700

Thr Met Gly Glu Asn Ser Gln Val Gln Glu Met Glu Thr Ser Ser Thr

705

710

715

720

Gly Leu Asn Ser Asn Thr Asn Glu Ile Asn Val Thr Asp Gln Met Leu

725

730

735

Glu Phe Leu Phe Gly Asn Ser Ser Phe Asp Phe Gly His Ile Ser Tyr

740

745

750

Ser Asp Val Thr Asn Ile Asp Arg Val Glu Asn Asn Asp His Ala Ser

755

760

765

Glu Tyr Thr Gln Asn Asn Glu Asn Pro Pro Ser Asp Glu Asn Gln Gly

770

775

780

Lys Arg Gln Lys Lys Glu Ile Thr His Glu Lys Asn Pro Cys Leu Met

785

790

795

800

Asp Lys Asn Met Thr His Glu Glu Leu Gly Glu Phe Asn His Asn Gly

805

810

815

Gly Glu Asp Ala Val Tyr Glu Ile Ser His Ser Ala Ser Cys Gly Ser

820

825

830

Pro Asp Gln Asp Met Glu Asn Met Pro Val Gly Asn Asp Lys Asp Ser

835

840

845

Thr Ser Thr Ile Val Arg Arg Gly Lys Arg Asn Lys Ile Glu Phe Asn

850

855

860

Leu Thr Arg Glu Glu Leu Glu Ser Tyr Trp Ser Arg Asn Met Thr Val

865

870

875

880

Glu Asp Val Ala Lys Asp Ile Gly Val Ser Arg Ser Thr Phe Lys Arg

885

890

895

Trp Leu Lys Ala Ser Gly Ile Lys Trp Gln Thr Ser Arg Ile Ser Lys

900

905

910

Ser Gln Cys Ala Asn Asn Lys Asn Thr Asn Thr Ala Ser Phe Ser Gly

915

920

925

Ser Lys Pro Ala Glu Val Asn Cys His Glu His Ala Pro Glu Cys Leu

930

935

940

Ser Asp Ala Asn Glu Cys Asp Val Val Asn Asn Leu Thr Leu Ala Val

945

950

955

960

Thr Met Asp Thr Glu Glu Glu Pro Gly Val Ala Thr Gln Cys His Ser

965

970

975

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

980

985

990

Thr Gln Gln Glu Ser Pro Ser Leu Ser Lys Ile Ile Val Lys Ala Thr

995

1000

1005

Tyr Lys Asp Asp Thr Val Arg Phe His Ile Ser Ser Thr Ala Ser

1010

1015

1020

Phe His Glu Leu Glu Lys Glu Val Ala Lys Asn Leu Lys Leu Lys

1025

1030

1035

Leu Ser Lys Phe Lys Ile Lys Tyr Gln Asp Glu Asp Lys Glu Leu

1040

1045

1050

Met Leu Met Thr Leu Asp Ser His Leu Lys Glu Leu Leu Asp Leu

1055

1060

1065

Ser Lys Ser Ser Gly Ser Lys Ile Val Arg Leu Leu Ile Phe Asp

1070

1075

1080

Leu

<210> 4

<211> 8671

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 4

atggtttctg cgggtgtaat tcgttttgta gctgggatta ttggttaagta tattcacaaa 60

ctatcttgct ctattaaatt acaaataaga aaaatgaagt atttattctt caacgaatgt 120

aatatgttct aacttatatg tattaatttc tttccttgca atattgtaat taataaagtt	180
ggtttatattt ggtttgcagg taatatgaca gcttttttct tattcttgtc tccagtgtaa	240
gttattcatg atggatttgc ttcgtactat attcatgtgc ataatttaca atatatgaag	300
atgaagctat ataatgtgta cccctctctt gcttatgcaa tggaaaggaat cattattatt	360
cattatagta ggtatttatg aaaattctat aatttggagt acagatttgt aataaaaaga	420
tttaaaactaa tgaattcaat caaaagctta agctgatggt tagagtccca cgaatagttt	480
tatactctat cacaccccc tcacgcgaga tccattgag cttaaagtgt ggatgtagcg	540
taggtctccc tcatactaga catattccac ttagaaagaa ggggtggacg agatttgaac	600
ccgtgacatt tatgtcacgt tggctctgat accatgtcaa aggaccaact caaccaagag	660
cttaagctta tggttggaga ctggagtccc aaaaatagtt ttatactatg tcggttatat	720
ttgcacatga ttttcattct tgctttccat ctttaggcc aacattcatc ggaatatgca	780
agaagaagac ggtggaacaa tactcgccag tgccatactt agccacattt gtgaattgca	840
tgctttgggt tgtgtatggt ctgcctatta ttaccctaa tagcatttta gtggtgacaa	900
tcaatggagc tgggtttttt attgaactgc ttacttgat actcttcgtg ctttactctg	960

acaaaaagaa taggctcaaa attgtgttga ttgcaattat tgagatcgta attgtgggaa	1020
ttatgactac cttggtcctc aactttgttc atactaccaa gcgtaggtct tcaattgttg	1080
gtatgattgc catcatatgt aacatcatga tgtatgcctc tcctttatcc gtcttggtaa	1140
ttatgcttaa ttaatctccc tttctcttta ctacttgcta acaagtagcg ggaactagaa	1200
ttattttcta aattacttaa tatttcctcc gtttcaaatt aaatgcaaca gcttctaaaa	1260
acgacagttt caaattaaat gcaacgtttt acttctttct attcttggtg aagacttttt	1320
agtgtgaaat tacagatata accttactaa aacaaattaa gcgttattaa cttagtcaca	1380
tgtccttact ttttcttaat ctcacctaag aagttttgcc taagagaatg tatcatctaa	1440
atcggtacat ttaatttggg acagaggaaa taatataaat ccctaatttt gtgtttttgg	1500
acagaaattg gtgataacaa caaaaagcgt ggaatacatg ccgttatctt tatcaattgc	1560
ttcatttgct aatggcattg catggacagt ctatgctttg taccctttcg atccttacat	1620
tgccgtaagc ctccctttga cccttaaatt gcaaataaat tacatattgc aagttctaag	1680
atttttattg tttgtaataa atttgacatg ctaattatta gattcctcgt tctattagct	1740

tatattgtgt atgtgtagta ttgcatctac caaaatatcc ttctaaattc acaaatcaat	1800
gcataatcaa aaatattaaa tcatataaaa gaaaatcaac catgcaggta gatattgttg	1860
tatagcgata tattttactt aatttaagac gtttgatgaa ttttttttcg ctacagtatg	1920
ttactctcat tatatacttc gttcgtttcg ttttaaatgc aacaaagcgg tattttttat	1980
gagatataaa atatttattc gttgcattta aaacgaaacg gaagaagtaa tcagaaaaga	2040
ctagtaaata gtacgagcta aagaaaatgg cttttgtttt acaacacagg caccaaattg	2100
gctgggtaca ctatttgtag tggccaact gattctgtat gcaacatact acaagtccac	2160
aaaagagcag atggcagcaa gaaaagccaa aaatgcagtg ggccgtgactg aagttgtctt	2220
caacggagac tctggaaaaa tggccaagt accacataat agtcgggccc aaatcccttg	2280
aagcccaatc caattttagc tcatgggttc ccaagctcac ccggctgac aaattccttt	2340
ttttcctttt tcttgcttct catgaattct ctttactatt atcaaccaat aaaacatgga	2400
gtcatttatg gaattttttt ttttctttt gttgaataga attattaact gaaataatgt	2460
tgttttgtca tctataatct cgattagttt tagcttaatg acaagatatt gaatggtctt	2520
tggattgaac gggtgattaa tgatatactt cttccgtttt gaattactcc gttatttatt	2580

tatgagattt gaccatatat tatttacaat tagataaaat caaatgttat aatgtaatat	2640
gttggtggat tgtctcaatg tatattttca taaaatcaaa tttttggtgt cccccctct	2700
tcccttatat aatagagatg attcgaattc aacaatattg ctatataatt aaattgtttg	2760
cctcgaagtt acgaacttaa aattgaacaa atcaatctat ttcaactttc aagcatagaa	2820
agttgaaata cagaacaaaa caagtcccc aattggaaaa tatgaatttg aatctagctt	2880
caaatctac acatagtcgt ttctaattgtt gaaattgagg ggaagataaa tcgtactgta	2940
ctaattgtct aattgaaaca ataaacaaaa tcaattgggtt attcaacata tctataaact	3000
cagctgaata aacattaaca tattcaaaca ctgcacaaaa tcataataag tattcaaatt	3060
gaacacaatc aaaattcatc aaaaaaattc atataacgac tctgtttggg gaagtatttt	3120
agctacctta aatgattagg tgctaacata ttttaggtac taaaataatt agtagtggtt	3180
ggggagcccc taaaataaat ttcaggcgac taaatgact taaatgataa gttaaaaatt	3240
ttaccttttc aaaatcaggt gattgaaatt ttggaaaatc tttccaaaat ttgacaaca	3300
attaattttg ctaaaataat ttattgactt aatcaactaa tattgctaaa cagttaaact	3360

aatcaattac cttatggatt caaggcttct aacaccttat cttttatttt cagctaataa	3420
tgctaaacag agccaaacaa ctgattttatc aattacaata cagagattca aacctccttt	3480
catttcctta atcaactgaa aataagccct agaaaacgaa acctaaccac cgaaaccgta	3540
aagatatcaa gtttctgtgc ctctttgtc caccctttcc caaacctaa cctcccttc	3600
ctctttctga cttttctct ctctctttc tgggttttct tctttctgtg attttttcag	3660
tttgaattgt tttgggttgt ggatgtgaat gttgtgggaa tggagaaaga agaggtgggt	3720
gattatatag tgaatggatt gttgaaatct tgagatttgg ttttgatact agagtaaagc	3780
aagctcctcc atagtccata gtccatagcc ctgaaaaaa aaaaaaaga ggtcctccat	3840
tgaagagagt aaagtagcat ctgcaaaata atagtagagt tttagatcta atttcttcaa	3900
ttttacgcct tttgataatg gcagctgaag cagtaggtaa tgtcaaatac tgtcggtcat	3960
atcttagagg agtagatgtc gaagtatccc gcgtatatga tgacggttac ctgtttttgg	4020
aggaggatcc agtggcatgg attgaaagtc acccagctgc tgctgacgt ctctctgtgc	4080
gaatcttgga gttgaaatgg atggatgatg tggataagat aacagacatg ataggggagc	4140
tgtctgagct cactcacctc tatttctatt ggtgtccaaa cctcaagtct ttgactgaca	4200

[illegible]

aactgggaag gttatatttc aagcattgtt gtttcatgct ctccttttct atccctaacg	5040
gcccccttgg ttagtggtta taaatagtgg taatggtaat gaaatttagt gtaaatttgt	5100
aaagattttc acatgtccat aaccatggga atgaaacttt atcacaaaac atgggttttc	5160
ctttataaat ttttattacc acctcccaa gtggtaatgg atagtaatga gatttttagga	5220
agaaaatgga tatcttgtga ttaagtagca ttaccattgg taatgacatt ggatttctag	5280
cacaaattta cactataatg cattaccatt cacatcattt ataacctctt accaaacggg	5340
ccgttaaaag tttatttgtc ctctagtcc aaccaattat gcaaaataag gagagattaa	5400
attcagacta tacatactgt tcatatattt tcctgttctt caattttatt tcttaattat	5460
cttcctcttt gtgctcctcc tccagtgaag aatttgggaa tatcaatgtc tgtacctcgg	5520
aacccctctt gttacctttg gttggacacc aacaagaaac tacatccatg gctgcagaat	5580
aattaccatc gtcaaccgtt tgtgaaatcc ctgcatttgc aatttttggg tgatgagttt	5640
ggagatctca agttgttgaa agagctcaca catgtgacac atctctatat ttctggtgat	5700
gtagaccact gccgcctccc tgacacactc acaaatatta cccatctctc tcttcatcat	5760
tgttacactt acactgatga ttcatttaag tccttattac tcgatagcct ggcagagcca	5820

tcaaaacttgg tatctttaga ttagatctt agtgaacat acttgccgc gaacatccat	5880
caattcgtca accttaaag tctcactgta agaatgacc acagcgagca attagtacct	5940
gatgactggg aaaagctatc taatttgaaa tctttggttc tctacagatg ttatgatgta	6000
tcattgccaa cacatttgaa tctaccaac ctcaagcttt ttgattgctt tttcaagaat	6060
gtcagcttac tacctacaag tataccgc ctagaattat ggcatagcaa atacttttgc	6120
tgtaaaaaca ggtattgtag taaagagcct atagtatgct tgaatcagtt ggtcaaccta	6180
aagagctct caataacatg ttacaagtac actagcaacc tacttcccag catagcagga	6240
ctacgcaact tgaaagaatt acaacttaag gattgtttcg gcctcaaaga attaccccca	6300
gatttggatg agctagtga attatccatt ctcaatatca gcgtaccag agtcaagtcc	6360
tttctgatt gcatcacaaa gctacaaaag ttgaaacag tagtcctgcc caagtgttc	6420
aaaaaggaaa atttaccat taatttcgaa acgacgtatg atgtcacgga tgaagagtac	6480
tacgagaata gaggctatta tgatagtac tatgatacat tctctgatga tgaaagcaat	6540
gagttcgag tagtagattc tgcagagtca gccgacgaac tggtttcaga atattcacag	6600

gaaggcatta ttgctcagca gatatcagct aatgctaattg tcaatcagct tcttgagggt	6660
acgtgcttct actatttcag aatcatagtg gtggagtaca ttgcaattct tctattttaa	6720
aatcagaatc taattgtcaa atgatcaagg tagtgtgctt ccaagttcca acactcctta	6780
accccatata tggggtctga accgtctgat agagtttggt tcataatatt aacttttatt	6840
gcgtggggtt gaatattaag tttttttata caagcagata ctcatattca tggtagaagc	6900
aataccatgg gcgagagttc acaagttcaa gagatggaaa ctcatctac aggactcaat	6960
tcatatacaa atgaataaaa tctcaccgac cagatgtcgg aattcgaatt aattgagatc	7020
tcatcatttg attttgggcc tatttcctct tgtgatgtaa ataattatgc tgggtgtgag	7080
aacaaccata atgcttcaga atatacacag aacaacgaga attcaccaag tgatgagaac	7140
cagggaaga gacaggagga gattattcat gagaaaaatc catgtctgaa tctgatggat	7200
aaaattatga cacaggtgaa ccttggaag gagctagggt gtacgttttt atcctttaca	7260
aagtattttc tcagtcctct tttgaattca gaatatgatt accatgagta tgattttctt	7320
gtattgatga atattaattt tttcatata agcagatact catttcaatg gtagaagcaa	7380
tacaattggc gagagttcac atgatgaaga gatggaaact tcactacag gactcaattc	7440

agatacacat gaaataaatc cacaaagtgg tgataagcag cgaaagagac agaagaagga	7500
gattaccctg gagaaaaatg catgtcttct tggcaaggag ctaggtggtg cgtttttatc	7560
ctttacatag tatttcctcc gtcctctttt aaattcagaa gcatatcgtg atatgcttcc	7620
gtgactatgg gtttcttgta tattatattg gtgattatta actatttaaa cagcaaagtt	7680
tgattttgac aagaataagt aggaacttta aaagattttg tttttggtgc aaatagaatt	7740
taatcacaat ggacgagaag atgcagttga tgggatcagt caccgcgtt ctttgggtct	7800
accagaccaa gacatggaga atatgcctgt aggaaatgat aaagattcaa catccaccat	7860
agttcgccga gggaaacgta acaaaataga gtttaatttg actagagagc aacttcaatc	7920
atactggtcc agaaacatga cggtagaaga tgttgacta gaattacgtg gtatgtttcc	7980
attctctgca aactatacgg tcattcactg cacttaattg atagatgcat ttgatgttat	8040
atgattcatt ccagtggcaa ggtcttcatt tagacgtgg ttgacggcct ccgaaattcc	8100
atggcaaaca agcaggattt cgaaaagtca atgtgccaac aacaagaata ccaatactgc	8160
atcatcctct ggaagtaaac ctgcagaggt caatttagtg aaacccttta atactccaac	8220

tggtcatgaa catgcacctg agtgtttaag tgatgcaaac gaatgcgttg tcgttaacaa	8280
cttcagcctt gctgtgacga cggacgctga gggagagcct ggagtagcaa cgagatgcca	8340
tagcaatggt cgtgaacaag cttctgacgc ttgggtgggt acaaatcagg gtactcgaca	8400
agagagccca agttaagca aattcgttgt gaaagccact tataaagatg atgattatag	8460
aattgagtta cttcaactg ctagtttcca tgaactaaag aaagaagtgg ctcgactct	8520
agaacttgag atgtgcaaat tcaaaataag atataaggac gaggataacg agtggacgcg	8580
aatgagcatt gactctcatt taaagcatct tatggatctt tcaagatcat ctggtaaaaa	8640
tgttattcgg ttgtcagtaa ttgatttg a	8671

<210> 5

<211> 4290

<212> ДНК

<213> Штучна послідовність

<220>

<223> кДНК LRR1 (Б/П1)

<400> 5

atggtttctg cgggtgtaat tcgttttgta gctgggatta ttggtaatat gacagctttt	60
---	----

ttcttattct tgtctccagt gccaacattc atcggaatat gcaagaagaa gacgggtggaa	120
caatactcgc cagtgccata cttagccaca tttgtgaatt gcatgctttg ggttgtgtat	180
ggtctgccta ttattcaccc taatagcatt ttagtggtga caatcaatgg agctggggtt	240
tttattgaac tgctttactt gatactcttc gtgctttact ctgacaaaaa gaataggctc	300
aaaatttgtt tgattgcaat tattgagatc gtaattgtgg gaattatgac taccttggtc	360
ctcaactttg ttcatactac caagcgtagg tcttcaattg ttggtatgat tgccatcata	420
tgtaacatca tgatgtatgc ctctccttta tccgtcttga aattggtgat aacaacaaaa	480
agcgtggaat acatgccgtt atctttatca attgcttcat ttgctaattg cattgcatgg	540
acagtctatg ctttgtatcc tttcgatcct tacattgccg caccaaatgg gctgggtaca	600
ctatttgcag tgggtccaact gattctgtat gcaacatact acaagtccac aaaagagcag	660
atggcagcaa gaaaagccaa aaatgcagtg ggcctgactg aagtgtctt caacggagac	720
tctggaaaaa tgggccaatt tgaattgttt tgggttgtgg atgtgaatgt tgtgggaatg	780
gagaaagaag aggtggctga agcagtaggt aatgtcaaact actgtcggtc atatcttaga	840

ggagtagatg tcgaagtatc ccgcgtatat gatgacggtt acctgttttt ggaggaggat	900
ccagtggcat ggattgaaag tcacccagct gctgctgac gtctctctgt gcgaatcttg	960
gagttgaaat ggatggatga tgtggataag ataacagaca tgatagggga gctgtctgag	1020
ctcactcacc tctatttcta ttggtgtcca aacctcaagt ctttgactga caccatcaca	1080
aggctgtcca acttacagtt gttaaaactt gaaggttgtt ataaactgga agaattacca	1140
gaaaatttgg gagagctgga gagccttacc catctctcta tttcttcttg tagagatatc	1200
aagtccttc ctaatagtct tacaaacctt tccaacttga cgactttgga tctttttgga	1260
tgcgattccc ttacagaatt gcctccaaat ttaaactgta tacacctcat tattaaacat	1320
tgctgcagca tcaaggccct tcctacaggt ttaagtaacc tggccagctt acatctcaaa	1380
caaagtcact attgtcttgc caatttaaag gactcgtca acctacgcca ccttaccctt	1440
gagagttgtg attttcatgg tcacgctaac gttatagaat tcctgccaaa ttggatgag	1500
ctgctacaat tatctcttgt ggatatccag gataccaaag tcagatatct tccttgagc	1560
atcacaaaagt tactcaattt gaaaattcta tgtctccccg gggactttat acttgaaaca	1620
ctaccatatc atttgaatga ttccgtcatc atttctatga aggattgtca caatcgcaaa	1680

acttggaag aactcaaac agagattcaa gtgaaaaatt tgggaatata aatgtctgta	1740
cctcggaacc cctcttgta cctttggtg gacaccaaca agaaactaca tccatggctg	1800
cagaataatt accatcgtca accgtttgtg aaatccctgc atttgcaatt ttgcatgat	1860
gagtttgag atctcaagtt gttgaaagag ctacacatg tgacacatct ctatattct	1920
ggtgatgtag accactgccg cctccctgac acactcaca atattacca tctctctct	1980
catcatgtt acacttacac tgatgattca ttaagtctt tattactga tagcctggca	2040
gagccatcaa acttggatc tttgatgta gatcttagtg aaacatact gccgtcgac	2100
atccatcaat tcgtcaacct taaatgtct actgtaagaa atgaccacag cgagcaatta	2160
gtacctgatg actgggaaaa gctatctaatt ttgaaatctt tggttctcta cagatgttat	2220
gatgtatcat tgccaacaca ttgaaatct accaacctca agctttttga ttgcttttc	2280
aagaatgtca gcttactacc tacaagtata caccgcctag aattatggca tagcaaatc	2340
ttttgctgta aaaacaggta ttgtagtaaa gaggctatag tatgcttgaa tcagttggc	2400
aacctaaaga cgctctcaat aacatgttac aagtacacta gcaacctact tcccagcata	2460

gcaggactac gcaacttgaa agaattacaa cttaggatt gtttcggcct caaagaatta	2520
ccccagatt tggatgagct agtgaatta tccatttca atatcagcgg taccagagtc	2580
aagtcctttc ctgattgcat cacaaagcta caaaagttga aacacgtagt cctgccaag	2640
tgcttcaaaa aggaaaattt accaattaat ttcgaaacga cgtatgatgt cacggatgaa	2700
gagtactacg agaatagagg ctattatgat agtgactatg atacattctc tgatgatgaa	2760
agcaatgagt tcgcagtagt agattctgca ggtcagccg acgaactggt ttcagaatat	2820
tcacaggaag gcattattgc tcagcagata tcagctaata ctaatgtcaa tcagcttctt	2880
ggagatactc atttcaatgg tagaagcaat accatgggag agagttcaca agttcaagag	2940
atggaaaatt catctacagg actcaattca tatacaaatg aaataaatct caccgaccag	3000
atgtcggaat tcgaattaat tgagatctca tcatttgatt ttgggcctat ttcctcttgt	3060
gatgtaaata atattgctgg tgttgagaac aaccataatg cttcagaata tacacagaac	3120
aacgagaatt caccaagtga tgagaaccag ggaaagagac aggaggagat tattcatgag	3180
aaaaatccat gtctgaatct gatggataaa attatgacac aggtgaacct tggcaaggag	3240
ctagtgata ctcatattcaa tggtagaagc aatacaattg gcgagagttc acatgatgaa	3300

gagatggaaa cttcatctac aggactcaat tcagatacac atgaaataaa tccacaaagt	3360
ggtgataagc agcgaaagag acagaagaag gagattaccc gtgagaaaaa tgcattgtctt	3420
cttggaagg agctaggaga attaatcac aatggacgag aagatgcagt tgatgggatc	3480
agtcaccgag cttctttggg tctaccagac caagacatgg agaataatgcc ttaggaaat	3540
gataaagatt caacatccac catagtctgc cgagggaac gtaacaaaat agagttaat	3600
ttgactagag agcaacttca atcactctgg tccagaaaca tgacggtaga agatgttgca	3660
ctagaattac gtgtggcaag gtcttcattt agacgttgtg tgacggcttc cgaaattcca	3720
tggcaaacaa gcaggatttc gaaaagtcaa tgtgccaaca acaagaatac caatactgca	3780
tcattctctg gaagtaaacc tgcagaggtc aatttagtga aaccctttaa tactccaact	3840
ggtcatgaac atgcacctga gtgtttaagt gatgcaaagc aatgcgttgt cgtaacaac	3900
ttcagccttg ctgtgacgac ggacgtgag ggagagcctg gagtagcaac gagatgcat	3960
agcaatggc gtgaacaagc ttctgacgct ttgtgggta caaatcaggg tactcgacaa	4020
gagagcccaa gtttaagcaa attcgttgtg aaagccactt ataaagatga tgattataga	4080

attgagttac cttcaactgc tagtttccat gaactaaaga aagaagtggc tcggactcta 4140

gaacttgaga tgtgcaaatt caaaataaga tataaggacg aggataacga gtggacgcga 4200

atgagcattg actctcattt aaagcatctt atggatcttt caagatcatc tggtaaaaat 4260

gttattcggg tgtcagtaat tgatttgtga 4290

<210> 6

<211> 1429

<212> ПРТ

<213> Буряк звичайний

<400> 6

Met Val Ser Ala Gly Val Ile Arg Phe Val Ala Gly Ile Ile Gly Asn

1 5 10 15

Met Thr Ala Phe Phe Leu Phe Leu Ser Pro Val Pro Thr Phe Ile Gly

20 25 30

Ile Cys Lys Lys Lys Thr Val Glu Gln Tyr Ser Pro Val Pro Tyr Leu

35 40 45

Ala	Thr	Phe	Val	Asn	Cys	Met	Leu	Trp	Val	Val	Tyr	Gly	Leu	Pro	Ile
50						55									60
Ile	His	Pro	Asn	Ser	Ile	Leu	Val	Val	Thr	Ile	Asn	Gly	Ala	Gly	Phe
65					70					75					80
Phe	Ile	Glu	Leu	Leu	Tyr	Leu	Ile	Leu	Phe	Val	Leu	Tyr	Ser	Asp	Lys
				85					90					95	
Lys	Asn	Arg	Leu	Lys	Ile	Val	Leu	Ile	Ala	Ile	Ile	Glu	Ile	Val	Ile
				100					105					110	
Val	Gly	Ile	Met	Thr	Thr	Leu	Val	Leu	Asn	Phe	Val	His	Thr	Thr	Lys
				115					120					125	
Arg	Arg	Ser	Ser	Ile	Val	Gly	Met	Ile	Ala	Ile	Ile	Cys	Asn	Ile	Met
				130					135					140	
Met	Tyr	Ala	Ser	Pro	Leu	Ser	Val	Leu	Lys	Leu	Val	Ile	Thr	Thr	Lys
145						150					155				160

Ser Val Glu Tyr Met Pro Leu Ser Leu Ser Ile Ala Ser Phe Ala Asn

165

170

175

Gly Ile Ala Trp Thr Val Tyr Ala Leu Tyr Pro Phe Asp Pro Tyr Ile

180

185

190

Ala Ala Pro Asn Gly Leu Gly Thr Leu Phe Ala Val Val Gln Leu Ile

195

200

205

Leu Tyr Ala Thr Tyr Tyr Lys Ser Thr Lys Glu Gln Met Ala Ala Arg

210

215

220

Lys Ala Lys Asn Ala Val Gly Leu Thr Glu Val Val Phe Asn Gly Asp

225

230

235

240

Ser Gly Lys Met Gly Gln Phe Glu Leu Phe Trp Val Val Asp Val Asn

245

250

255

Val Val Gly Met Glu Lys Glu Glu Val Ala Glu Ala Val Gly Asn Val

260

265

270

Lys Tyr Cys Arg Ser Tyr Leu Arg Gly Val Asp Val Glu Val Ser Arg

275

280

285

Val Tyr Asp Asp Gly Tyr Leu Phe Leu Glu Glu Asp Pro Val Ala Trp

290

295

300

Ile Glu Ser His Pro Ala Ala Ala Asp Arg Leu Ser Val Arg Ile Leu

305

310

315

320

Glu Leu Lys Trp Met Asp Asp Val Asp Lys Ile Thr Asp Met Ile Gly

325

330

335

Glu Leu Ser Glu Leu Thr His Leu Tyr Phe Tyr Trp Cys Pro Asn Leu

340

345

350

Lys Ser Leu Thr Asp Thr Ile Thr Arg Leu Ser Asn Leu Gln Leu Leu

355

360

365

Lys Leu Glu Gly Cys Tyr Lys Leu Glu Glu Leu Pro Glu Asn Leu Gly
370 375 380

Glu Leu Glu Ser Leu Thr His Leu Ser Ile Ser Ser Cys Arg Asp Ile
385 390 395 400

Lys Ser Leu Pro Asn Ser Leu Thr Asn Leu Ser Asn Leu Thr Thr Leu
405 410 415

Asp Leu Phe Gly Cys Asp Ser Leu Thr Glu Leu Pro Pro Asn Leu Asn
420 425 430

Val Ile His Leu Ile Ile Lys His Cys Cys Ser Ile Lys Ala Leu Pro
435 440 445

Thr Gly Leu Ser Asn Leu Ala Ser Leu His Leu Lys Gln Ser His Tyr
450 455 460

Cys Leu Ala Asn Leu Lys Asp Ser Leu Asn Leu Arg His Leu Thr Leu
465 470 475 480

Glu Ser Cys Asp Phe His Gly His Ala Asn Val Ile Glu Phe Leu Pro

485

490

495

Asn Leu Asp Glu Leu Leu Gln Leu Ser Leu Val Asp Ile Gln Asp Thr

500

505

510

Lys Val Arg Tyr Leu Pro Trp Ser Ile Thr Lys Leu Leu Asn Leu Lys

515

520

525

Ile Leu Cys Leu Pro Gly Asp Phe Ile Leu Glu Thr Leu Pro Tyr His

530

535

540

Leu Asn Asp Ser Val Ile Ile Ser Met Lys Asp Cys His Asn Arg Lys

545

550

555

560

Thr Trp Lys Glu Leu Lys Thr Glu Ile Gln Val Lys Asn Leu Gly Ile

565

570

575

Ser Met Ser Val Pro Arg Asn Pro Ser Cys Tyr Leu Trp Leu Asp Thr

580

585

590

Asn Lys Lys Leu His Pro Trp Leu Gln Asn Asn Tyr His Arg Gln Pro

595

600

605

Phe Val Lys Ser Leu His Leu Gln Phe Leu Asp Asp Glu Phe Gly Asp

610

615

620

Leu Lys Leu Leu Lys Glu Leu Thr His Val Thr His Leu Tyr Ile Ser

625

630

635

640

Gly Asp Val Asp His Cys Arg Leu Pro Asp Thr Leu Thr Asn Ile Thr

645

650

655

His Leu Ser Leu His His Cys Tyr Thr Tyr Thr Asp Asp Ser Phe Lys

660

665

670

Ser Leu Leu Leu Asp Ser Leu Ala Glu Pro Ser Asn Leu Val Ser Leu

675

680

685

Asp Val Asp Leu Ser Glu Thr Tyr Leu Pro Ser Asn Ile His Gln Phe

690

695

700

Val Asn Leu Lys Cys Leu Thr Val Arg Asn Asp His Ser Glu Gln Leu

705

710

715

720

Val Pro Asp Asp Trp Glu Lys Leu Ser Asn Leu Lys Ser Leu Val Leu

725

730

735

Tyr Arg Cys Tyr Asp Val Ser Leu Pro Thr His Leu Asn Leu Thr Asn

740

745

750

Leu Lys Leu Phe Asp Cys Phe Phe Lys Asn Val Ser Leu Leu Pro Thr

755

760

765

Ser Ile His Arg Leu Glu Leu Trp His Ser Lys Tyr Phe Cys Cys Lys

770

775

780

Asn Arg Tyr Cys Ser Lys Glu Pro Ile Val Cys Leu Asn Gln Leu Val

785

790

795

800

Asn Leu Lys Thr Leu Ser Ile Thr Cys Tyr Lys Tyr Thr Ser Asn Leu

805

810

815

Leu Pro Ser Ile Ala Gly Leu Arg Asn Leu Lys Glu Leu Gln Leu Lys

820

825

830

Asp Cys Phe Gly Leu Lys Glu Leu Pro Pro Asp Leu Asp Glu Leu Val

835

840

845

Glu Leu Ser Ile Leu Asn Ile Ser Gly Thr Arg Val Lys Ser Phe Pro

850

855

860

Asp Cys Ile Thr Lys Leu Gln Lys Leu Lys His Val Val Leu Pro Lys

865

870

875

880

Cys Phe Lys Lys Glu Asn Leu Pro Ile Asn Phe Glu Thr Thr Tyr Asp

885

890

895

Val Thr Asp Glu Glu Tyr Tyr Glu Asn Arg Gly Tyr Tyr Asp Ser Asp

900

905

910

Tyr Asp Thr Phe Ser Asp Asp Glu Ser Asn Glu Phe Ala Val Val Asp

915

920

925

Ser Ala Glu Ser Ala Asp Glu Leu Val Ser Glu Tyr Ser Gln Glu Gly

930

935

940

Ile Ile Ala Gln Gln Ile Ser Ala Asn Ala Asn Val Asn Gln Leu Leu

945

950

955

960

Gly Asp Thr His Phe Asn Gly Arg Ser Asn Thr Met Gly Glu Ser Ser

965

970

975

Gln Val Gln Glu Met Glu Thr Ser Ser Thr Gly Leu Asn Ser Tyr Thr

980

985

990

Asn Glu Ile Asn Leu Thr Asp Gln Met Ser Glu Phe Glu Leu Ile Glu

995

1000

1005

Ile Ser Ser Phe Asp Phe Gly Pro Ile Ser Ser Cys Asp Val Asn

1010

1015

1020

Asn	Ile	Ala	Gly	Val	Glu	Asn	Asn	His	Asn	Ala	Ser	Glu	Tyr	Thr
1025						1030					1035			

Gln	Asn	Asn	Glu	Asn	Ser	Pro	Ser	Asp	Glu	Asn	Gln	Gly	Lys	Arg
1040						1045					1050			

Gln	Glu	Glu	Ile	Ile	His	Glu	Lys	Asn	Pro	Cys	Leu	Asn	Leu	Met
1055						1060					1065			

Asp	Lys	Ile	Met	Thr	Gln	Val	Asn	Leu	Gly	Lys	Glu	Leu	Gly	Asp
1070						1075					1080			

Thr	His	Phe	Asn	Gly	Arg	Ser	Asn	Thr	Ile	Gly	Glu	Ser	Ser	His
1085						1090					1095			

Asp	Glu	Glu	Met	Glu	Thr	Ser	Ser	Thr	Gly	Leu	Asn	Ser	Asp	Thr
1100						1105					1110			

His	Glu	Ile	Asn	Pro	Gln	Ser	Gly	Asp	Lys	Gln	Arg	Lys	Arg	Gln
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

1115

1120

1125

Lys Lys Glu Ile Thr Arg Glu Lys Asn Ala Cys Leu Leu Gly Lys

1130

1135

1140

Glu Leu Gly Glu Phe Asn His Asn Gly Arg Glu Asp Ala Val Asp

1145

1150

1155

Gly Ile Ser His Arg Ala Ser Leu Gly Leu Pro Asp Gln Asp Met

1160

1165

1170

Glu Asn Met Pro Val Gly Asn Asp Lys Asp Ser Thr Ser Thr Ile

1175

1180

1185

Val Arg Arg Gly Lys Arg Asn Lys Ile Glu Phe Asn Leu Thr Arg

1190

1195

1200

Glu Gln Leu Gln Ser Tyr Trp Ser Arg Asn Met Thr Val Glu Asp

1205

1210

1215

Val	Ala	Leu	Glu	Leu	Arg	Val	Ala	Arg	Ser	Ser	Phe	Arg	Arg	Trp
1220						1225						1230		

Leu	Thr	Ala	Ser	Glu	Ile	Pro	Trp	Gln	Thr	Ser	Arg	Ile	Ser	Lys
1235						1240						1245		

Ser	Gln	Cys	Ala	Asn	Asn	Lys	Asn	Thr	Asn	Thr	Ala	Ser	Ser	Ser
1250						1255						1260		

Gly	Ser	Lys	Pro	Ala	Glu	Val	Asn	Leu	Val	Lys	Pro	Phe	Asn	Thr
1265						1270						1275		

Pro	Thr	Gly	His	Glu	His	Ala	Pro	Glu	Cys	Leu	Ser	Asp	Ala	Asn
1280						1285						1290		

Glu	Cys	Val	Val	Val	Asn	Asn	Phe	Ser	Leu	Ala	Val	Thr	Thr	Asp
1295						1300						1305		

Ala	Glu	Gly	Glu	Pro	Gly	Val	Ala	Thr	Arg	Cys	His	Ser	Asn	Gly
1310						1315						1320		

Arg	Glu	Gln	Ala	Ser	Asp	Ala	Leu	Val	Gly	Thr	Asn	Gln	Gly	Thr
1325				1330				1335						

Arg	Gln	Glu	Ser	Pro	Ser	Leu	Ser	Lys	Phe	Val	Val	Lys	Ala	Thr
1340				1345				1350						

Tyr	Lys	Asp	Asp	Asp	Tyr	Arg	Ile	Glu	Leu	Pro	Ser	Thr	Ala	Ser
1355				1360				1365						

Phe	His	Glu	Leu	Lys	Lys	Glu	Val	Ala	Arg	Thr	Leu	Glu	Leu	Glu
1370				1375				1380						

Met	Cys	Lys	Phe	Lys	Ile	Arg	Tyr	Lys	Asp	Glu	Asp	Asn	Glu	Trp
1385				1390				1395						

Thr	Arg	Met	Ser	Ile	Asp	Ser	His	Leu	Lys	His	Leu	Met	Asp	Leu
1400				1405				1410						

Ser	Arg	Ser	Ser	Gly	Lys	Asn	Val	Ile	Arg	Leu	Ser	Val	Ile	Asp
1415				1420				1425						

Leu

<210> 7

<211> 3773

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 7

atggcagatg aagcaggtaa tgtcaactac tgttgacgt gttggtcac tattagaaaa 60

gtggaagtcg aagtatcccg catatatgat gacggttacc tgttattgaa ggaggatcca 120

gtggcatgga ttcaaagtca ccccgctgct gctgacgct tctctgtgcg aatcttggag 180

ttgacattgg agctgtatgg tgtggataag ataacagaca tgataggga gctgtctgag 240

ctcactcacc tctatttcta ttggtgtctt tacctaaagt gtttcctga caccatcaca 300

aggctgtcca acttacagtt gttaaaactt gtaggttgtt atgaattgga agaattacca 360

gaaaatttgg gagagctgga gagccttacc catctctctc tttctcagag tcaaggtatc 420

aagtccttc ctaatagtct tacaaccta tccaacttga caactttgaa tatttttcaa 480

tgcaattccc ttacagaatt gcctccaaat ttgggagagc tggagagcct tacccatctc	540
tctcttttctt ttgtgaagg tatcaagtcc cttcctaata gtcttgcaaa cctaaccaac	600
ttgacaactt tggatcttca gtattgcaag tcccttagaa aattgcctcc aaatttgaat	660
gttgtagacc tcattattaa aggttgctgc agcatcaagg cccttcctac aggtttaagt	720
aacctggcca gcttacatct cacacaatgt aactatgatc ttgccaattt aaaggactcg	780
ctcaacctac gccacctcac cttgagagt tgcgaatgta atgttcacgc tgacgttata	840
gaattcctgg caaatttggg tgagctgcta caattatctg ttgttgatat ccaggatata	900
aaagtcagat atcttccttg gagcatcaca aagtactca atttgaaatt tctatgtctc	960
cctcagggtt ttatactga aacactacca tatcatctga atgattccgt catcatttat	1020
atgaaggatt gtgacgatcg caaaacttgg aaagaactca aaacagagat tgaaggtaag	1080
tgttttcgct attatctcac gaattgttgt ttcatgtttg cttctcttcc ggtaaatagc	1140
aaataacaaa tagcatagcc ctctttttat gtcaaaaaac ttattcgtac cattgtgcaa	1200
acatgggaag gttatatttc aagcattgtt gtttcatgct ctcttttcta tcccaaaaag	1260

tttgtttgtc ctcctaattcc aagtccaacc aattatgcaa ataaggaaag attagattca	1320
gactatatat aataatgtta atatattttc ctgttcttca attttatttc ttaattatct	1380
tcctctttgt cctcctccag tggataattt gggaatatca atgtctgtac ctcggaaccc	1440
ctcttgttac ctttggttgg actccaacaa gagcctacat ccatggctgc agaataatta	1500
cgattttcaa ccgtctgtga aattcctcga tttaaatttt ttggatgatg agtttggaga	1560
tctcacgttg ctgaaagagc tcacacatgt gacacatctc tatatttctg gtcatgtaga	1620
cctctaccgc ctccctgaca cactcacaaa tattaccat ctctctcttc atactgaaga	1680
tgacactgat gattcatttg attcctttct tgataggctg gcagagccat caaacttggg	1740
atcttttagat ctagatctta gtgaaacata cttgccgtca aacatccatc aattcgtcaa	1800
ccttaaatgt ctactgtaa gatatgccaa cagcaagcca ttagtacctg ataactggga	1860
aaagctatct aatttgaaat ctttggttct ctatacatgt tatgatgtat cattgccaac	1920
acatttgaat ctactaacc tcaagctttt caattgcttt ttcgagaatg tcagcttact	1980
acctacaagt ctacaccgcc tagaattatt gcatagcaac gactattgca gtgccttttg	2040
ctgtgatgac ggggattgta gtgaagagcc tatactatgc ttgaatcagt ttgtcaacct	2100

agagacgctc tctataacat gttacgagta cactggcacc cgacttccca gcatagcagg	2160
actacgcaac ttgaaagaat tacaacttaa ggattgtttc ggcctcaaag aattaccccc	2220
agatttggat gagctagtgg aattatccat tctcaatatc agcggtagca gagtcaagtc	2280
ctttcctgat tgcatcacia agctacaaaa gttgaaacac gtagtcctgc ccaagtgctt	2340
caaaaaggaa aatttaccba ataattcaaa aacgaagtac accactgatg acacggatga	2400
agaatactac aagcatagag gctattatag tagtgaatat gaaacctcaa ataaaacctc	2460
tgatgaaagt aatgagatca cagtagtaga ttctgcagag gtagccgaca aagtggtttc	2520
agaatattca caggaaggca tcatttcgca gcagatatca tcaccccaac tcctgagtat	2580
acctaattgt aatcagtttc ttggaggtag gtgcttctac tatttcagaa atcatttgtt	2640
ggagtacatt gcaattcttc tatcttaaaa tcaaaatcta attgtcaaat gatcaaggta	2700
gtgtgcttcc aagttccaac actccttaac cccattaatg gggctcaata gattttgttt	2760
cataatatta acttttattg cgtgggtttg aatattaagt tttttatata aaacagatac	2820
tcatttcact ggtagaagca atacaatggg cgaaagtcca caagttcaag agatggaaac	2880

ttcatctaca ggactcaatt caaatacaaa tgaaataaat ctcaccgacc agatgttgga	2940
attcggattt gggaactcat catttgattt tgggcacatt tcttatagtg atgtgactaa	3000
tattgatcgt gttgagaata accatcatgc ttcagaatat acgcagaaca aagagaatcc	3060
accaagtgat gagaaccagg ggaagagaca gaagaaggag attactcatg agaaaaataa	3120
tccatgtctg atggatataa acatgacaca agtgcacctt ggagaggagc taggcggtac	3180
gtttttatcc ttacaaagt attttatcag ttctcttttg aattcagaag tatatcggga	3240
tatgcttact ttgactgttg attatcaact atttaaaaag caaagtttga ttttgacaag	3300
aataaatggg aactccatta atttagaaga ttttgctttt ggtgcgaata gaatttaatc	3360
acaatggagg agaggatgca gtcgatggga tcaatcaciaa tggaggagag gatgcagttt	3420
atgagatcag tcacagcgct tcttgcggtt caccagacca agacatggag aatatgcctg	3480
taggaaatga taaagagtca acatccacca tagttggccg agggagaggt aagaaaatag	3540
agattaaatt gactagagag gaacttcaat catactggtc tagaaacatg acggtagaag	3600
atgttgcaaa agacatagat ggtatgtttc cattctctgc aaactatacg gtcattcact	3660
gcatttaatt gatagatgca tttgatgttc tatgattcat tccagtgtca aggtctacat	3720

ttaaacgctg gttgaaggcc tccggtatta aatggcaaac aaaacctaataa 3773

<210> 8

<211> 2898

<212> ДНК

<213> Штучна послідовність

<220>

<223> кДНК LRR3 (БЛПЗ)

<400> 8

atggcagatg aagcaggtaa tgtcaactac tgttgacgt gttggatcatt tattagaaaa 60

gtggaagtcg aagtatcccg catatatgat gacgggtacc tgttattgaa ggaggatcca 120

gtggcatgga ttcaaagtca ccccgctgct gctgatcgtc tctctgtgag aatcttgag 180

ttgacattgg agctgtatgg tgtggataag ataacagaca tgatagggga gctgtctgag 240

ctcactcacc tctatttcta ttggtgtctt tacctaaagt gtttgctga caccatcaca 300

aggctgtcca acttacagtt gttaaaactt gtaggttgtt atgaattgga agaattacca 360

gaaaatttgg gagagctgga gaggcttacc catctctctc tttctcagag tcaagaattg 420

cctccaaatt tgggagagct ggagagcctt acccatctct ctctttcttt ttgtgaaggt	480
atcaagtccc ttctaatag tcttgcaaac ctaaccaact tgacaacttt ggatcttcag	540
tattgcaagt ccctagaaa attgcctcca aatttgaatg ttgtacacct cattatta	600
ggttgctgca gcatcaaggc cttcctaca ggtttaagta acctggccag cttacatctc	660
acacaatgta actatgatct tgccaattta aaggactcgc tcaacctacg ccacctcacc	720
cttgagagtt gcgaatgtaa tgttcacgct gacgttatag aattcctggc aaatttggat	780
gagctgctac aattatctgt tgttgatata caggatacaa aagtcagata tcttccttgg	840
agcatcacia agttactcaa ttgaaattt ctatgtctcc ctacagggtt tatactcgaa	900
acactacat atcatctgaa tgattccgct atcatttata tgaaggattg tgacgatcgc	960
aaaacttgga aagaactcaa aacagagatt gaagtggata atttgggaat atcaatgtct	1020
gtacctcgga acccctcttg ttacctttgg ttggactcca acaagagcct acatccatgg	1080
ctgcagaata attacgattt tcaaccgtct gtgaaattcc tcgatttaaa ttttttggat	1140
gatgagtttg gagatctcac gttgctgaaa gagctcacac atgtgacaca tctctatatt	1200
tctggtcatg tagacctcta ccgcctccct gacacactca caaatattac ccatctctct	1260

cttcatactg aagatgacac tgatgattca ttgattcct ttcttgatag gctggcagag	1320
ccatcaaact tggatatctt agatctagat cttagtgaac catacttgcc gtcaaacatc	1380
catcaattcg tcaaccttaa atgtctcact gtaagatatg ccaacagcaa gccattagta	1440
cctgataact gggaaaagct atctaatttg aaatctttgg ttctctatac atgttatgat	1500
gtatcattgc caacacattt gaatctcact aacctcaagc ttttcaattg ctttttcgag	1560
aatgtcagct tactacctac aagtctacac cgcctagaat tattgcatag caacgactat	1620
tgacgtgcct ttgctgtga tgacggggat tgtagtgaag agcctatact atgcttgaat	1680
cagtttgtca acctagagac gctctctata acatgttacg agtacactgg caccgactt	1740
cccagcatag caggactacg caacttgaaa gaattacaac ttaaggattg ttccggcctc	1800
aaagaattac cccagattt ggatgagcta gtggaattat ccattctcaa tatcagcgg	1860
accagagtca agtcctttcc tgattgcatc acaaagctac aaaagttgaa acacgtagtc	1920
ctgccaagt gcttcaaaaa ggaaaattta cccaataatt caaaaacgaa gtacaccact	1980
gatgacacgg atgaagaata ctacaagcat agaggctatt atagtagtga atatgaaacc	2040

tcaaataaaa cctctgatga aagtaatgag atcacagtag tagattctgc agaggtagcc	2100
gacaaagtgg ttccagaata ttcacaggaa ggcatcattt cgcagcagat atcatcacc	2160
caactcctga gtatacctaa tgctaatacag tttcttgag atactcattt cactggtaga	2220
agcaatacaa tgggcgaaag ttcacaagtt caagagatgg aaacttcac tacaggactc	2280
aattcaaata caaatgaaat aaatctcacc gaccagatgt tggaattcgg atttggaac	2340
tcatcatttg attttgggca catttcttat agtgatgtga ctaatatga tcgtgtgag	2400
aataaccatc atgcttcaga atatacgag aacaaagaga atccaccaag tgatgagaac	2460
caggggaaga gacagaagaa ggagattact catgagaaaa ataatccatg tctgatggat	2520
ataaacatga cacaagtga cttggagag gagctaggcg aatttaatca caatggagga	2580
gaggatgcag tcgatgggat caatcacaat ggaggagagg atgcagtta tgagatcagt	2640
cacagcgctt cttgcggttc accagaccaa gacatggaga atatgcctgt aggaaatgat	2700
aaagagtcaa catccaccat agttggccga gggagaggta agaaaataga gattaaattg	2760
actagagagg aacttcaatc atactgtct agaaacatga cggtagaaga tgttgcaaaa	2820
gacatagatg tgtcaaggtc tacatttaaa cgctggtga aggcctccgg tattaatgg	2880

<210> 9

<211> 965

<212> ПРТ

<213> Буряк звичайний

<400> 9

Met Ala Asp Glu Ala Gly Asn Val Asn Tyr Cys Trp Thr Cys Trp Ser

1 5 10 15

Ser Ile Arg Lys Val Glu Val Glu Val Ser Arg Ile Tyr Asp Asp Gly

20 25 30

Tyr Leu Leu Leu Lys Glu Asp Pro Val Ala Trp Ile Gln Ser His Pro

35 40 45

Ala Ala Ala Asp Arg Leu Ser Val Arg Ile Leu Glu Leu Thr Leu Glu

50 55 60

Leu Tyr Gly Val Asp Lys Ile Thr Asp Met Ile Gly Glu Leu Ser Glu
65 70 75 80

Leu Thr His Leu Tyr Phe Tyr Trp Cys Leu Tyr Leu Lys Cys Leu Pro
85 90 95

Asp Thr Ile Thr Arg Leu Ser Asn Leu Gln Leu Leu Lys Leu Val Gly
100 105 110

Cys Tyr Glu Leu Glu Glu Leu Pro Glu Asn Leu Gly Glu Leu Glu Ser
115 120 125

Leu Thr His Leu Ser Leu Ser Gln Ser Gln Glu Leu Pro Pro Asn Leu
130 135 140

Gly Glu Leu Glu Ser Leu Thr His Leu Ser Leu Ser Phe Cys Glu Gly
145 150 155 160

Ile Lys Ser Leu Pro Asn Ser Leu Ala Asn Leu Thr Asn Leu Thr Thr
165 170 175

Leu Asp Leu Gln Tyr Cys Lys Ser Leu Arg Lys Leu Pro Pro Asn Leu
180 185 190

Asn Val Val His Leu Ile Ile Lys Gly Cys Cys Ser Ile Lys Ala Leu
195 200 205

Pro Thr Gly Leu Ser Asn Leu Ala Ser Leu His Leu Thr Gln Cys Asn
210 215 220

Tyr Asp Leu Ala Asn Leu Lys Asp Ser Leu Asn Leu Arg His Leu Thr
225 230 235 240

Leu Glu Ser Cys Glu Cys Asn Val His Ala Asp Val Ile Glu Phe Leu
245 250 255

Ala Asn Leu Asp Glu Leu Leu Gln Leu Ser Val Val Asp Ile Gln Asp
260 265 270

Thr Lys Val Arg Tyr Leu Pro Trp Ser Ile Thr Lys Leu Leu Asn Leu
275 280 285

Lys Phe Leu Cys Leu Pro Gln Gly Phe Ile Leu Glu Thr Leu Pro Tyr

290

295

300

His Leu Asn Asp Ser Val Ile Ile Tyr Met Lys Asp Cys Asp Asp Arg

305

310

315

320

Lys Thr Trp Lys Glu Leu Lys Thr Glu Ile Glu Val Asp Asn Leu Gly

325

330

335

Ile Ser Met Ser Val Pro Arg Asn Pro Ser Cys Tyr Leu Trp Leu Asp

340

345

350

Ser Asn Lys Ser Leu His Pro Trp Leu Gln Asn Asn Tyr Asp Phe Gln

355

360

365

Pro Ser Val Lys Phe Leu Asp Leu Asn Phe Leu Asp Asp Glu Phe Gly

370

375

380

Asp Leu Thr Leu Leu Lys Glu Leu Thr His Val Thr His Leu Tyr Ile

385 390 395 400

Ser Gly His Val Asp Leu Tyr Arg Leu Pro Asp Thr Leu Thr Asn Ile
405 410 415

Thr His Leu Ser Leu His Thr Glu Asp Asp Thr Asp Asp Ser Phe Asp
420 425 430

Ser Phe Leu Asp Arg Leu Ala Glu Pro Ser Asn Leu Val Ser Leu Asp
435 440 445

Leu Asp Leu Ser Glu Thr Tyr Leu Pro Ser Asn Ile His Gln Phe Val
450 455 460

Asn Leu Lys Cys Leu Thr Val Arg Tyr Ala Asn Ser Lys Pro Leu Val
465 470 475 480

Pro Asp Asn Trp Glu Lys Leu Ser Asn Leu Lys Ser Leu Val Leu Tyr
485 490 495

Thr Cys Tyr Asp Val Ser Leu Pro Thr His Leu Asn Leu Thr Asn Leu

500

505

510

Lys Leu Phe Asn Cys Phe Phe Glu Asn Val Ser Leu Leu Pro Thr Ser

515

520

525

Leu His Arg Leu Glu Leu Leu His Ser Asn Asp Tyr Cys Ser Ala Phe

530

535

540

Cys Cys Asp Asp Gly Asp Cys Ser Glu Glu Pro Ile Leu Cys Leu Asn

545

550

555

560

Gln Phe Val Asn Leu Glu Thr Leu Ser Ile Thr Cys Tyr Glu Tyr Thr

565

570

575

Gly Thr Arg Leu Pro Ser Ile Ala Gly Leu Arg Asn Leu Lys Glu Leu

580

585

590

Gln Leu Lys Asp Cys Phe Gly Leu Lys Glu Leu Pro Pro Asp Leu Asp

595

600

605

Glu Leu Val Glu Leu Ser Ile Leu Asn Ile Ser Gly Thr Arg Val Lys

610

615

620

Ser Phe Pro Asp Cys Ile Thr Lys Leu Gln Lys Leu Lys His Val Val

625

630

635

640

Leu Pro Lys Cys Phe Lys Lys Glu Asn Leu Pro Asn Asn Ser Lys Thr

645

650

655

Lys Tyr Thr Thr Asp Asp Thr Asp Glu Glu Tyr Tyr Lys His Arg Gly

660

665

670

Tyr Tyr Ser Ser Glu Tyr Glu Thr Ser Asn Lys Thr Ser Asp Glu Ser

675

680

685

Asn Glu Ile Thr Val Val Asp Ser Ala Glu Val Ala Asp Lys Val Val

690

695

700

Ser Glu Tyr Ser Gln Glu Gly Ile Ile Ser Gln Gln Ile Ser Ser Pro

705

710

715

720

Gln Leu Leu Ser Ile Pro Asn Ala Asn Gln Phe Leu Gly Asp Thr His
725 730 735

Phe Thr Gly Arg Ser Asn Thr Met Gly Glu Ser Ser Gln Val Gln Glu
740 745 750

Met Glu Thr Ser Ser Thr Gly Leu Asn Ser Asn Thr Asn Glu Ile Asn
755 760 765

Leu Thr Asp Gln Met Leu Glu Phe Gly Phe Gly Asn Ser Ser Phe Asp
770 775 780

Phe Gly His Ile Ser Tyr Ser Asp Val Thr Asn Ile Asp Arg Val Glu
785 790 795 800

Asn Asn His His Ala Ser Glu Tyr Thr Gln Asn Lys Glu Asn Pro Pro
805 810 815

Ser Asp Glu Asn Gln Gly Lys Arg Gln Lys Lys Glu Ile Thr His Glu

820

825

830

Lys Asn Asn Pro Cys Leu Met Asp Ile Asn Met Thr Gln Val His Leu

835

840

845

Gly Glu Glu Leu Gly Glu Phe Asn His Asn Gly Gly Glu Asp Ala Val

850

855

860

Asp Gly Ile Asn His Asn Gly Gly Glu Asp Ala Val Tyr Glu Ile Ser

865

870

875

880

His Ser Ala Ser Cys Gly Ser Pro Asp Gln Asp Met Glu Asn Met Pro

885

890

895

Val Gly Asn Asp Lys Glu Ser Thr Ser Thr Ile Val Gly Arg Gly Arg

900

905

910

Gly Lys Lys Ile Glu Ile Lys Leu Thr Arg Glu Glu Leu Gln Ser Tyr

915

920

925

Trp Ser Arg Asn Met Thr Val Glu Asp Val Ala Lys Asp Ile Asp Val

930

935

940

Ser Arg Ser Thr Phe Lys Arg Trp Leu Lys Ala Ser Gly Ile Lys Trp

945

950

955

960

Gln Thr Lys Pro Asn

965

<210> 10

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 10

mtttccttaa accctaaacc ctarttaata tgttcacatt tttctctaa ttagatctga 60

ataacttatg ccttttattt tatttttggt gttgtttatt tatgatttca ggattttrat 120

ttggtgatga ttcagaaaag taattctctt ttgattgat tgagaattta aktttataga 180

atttgaagat ggcgtatagg c 201

<210> 11
<211> 201
<212> ДНК
<213> Буряк звичайний

<400> 11
mtttccttaa accctaaacc ctarttaata tgttcacatt tttctrctaa ttagatctga 60

ataacttatg ccttttattt tatttttggt gttgtttatt gatgatttca ggattttrat 120

ttggtgatga tatcagaaag taattctctt ttgtattgat tgagaattta aktttataga 180

atttgaagat ggcgtatagg c 201

<210> 12
<211> 201
<212> ДНК
<213> Буряк звичайний

<400> 12
gtggcctgcc tttagtggc tatctccctt ttctgggttc taatctccat catagcttca 60

aagaattggc cagtttatat ggtccaatct tcaaactccg kcttggaact aaagattgta 120

ttgtgatcac ctcaccatca cttgtcaagg aggtgggttag ggaccaagat gttgtgttcg 180

ctaaccgagg acacattatt g

201

<210> 13

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 13

gtggcctgcc tttagtcggc tatctccctt ttctgggttc taatctccat catagcttca 60

aagaattggc cagtttatat ggtccaatct tcaaactccg gcttggaact aaagattgta 120

ttgtgatcac ctcaccatca ctgtcaagg aggtgggttag ggaccaagat gttgtgttcg 180

ctaaccgagg acacattatt g 201

<210> 14

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 14

ctcaagctcc tgctcccatc gattatcggt attgttgctc tatttgtttt tgcttcatta 60

tgctgtaatt tgactgtttt tagggttttc tcttctcaat cgatcttgaa aattcaattt 120

ctataggaaa tgtkttgtaa ttgattycrg atttcragtg waattcggaa cttctgattt 180

aaagtttaat tttgtacaac t 201

<210> 15

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 15

ctcaagctcc tgctcccatc gattatcggg attgttgctc tatttgtttt tgcttcatta 60

tgctgtaatt tgactgtttt tagggttttc tcttctcaat tgatcttgaa aattcaattt 120

ctataggaaa tgtkttgtaa ttgattycrg atttcragtg waattcggaa cttctgattt 180

aaagtttaat tttgtacaac t 201

<210> 16

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<220>

<221> misc_feature

<222> (193)..(195)

<223> n – це a, c, g, або t

<400> 16

ttctcttttt ctctcttttg tcttttttcc agtgatwggt tatattgcta gtggatatyt 60

acatcaaaca agtcacaagt ttctatactt agtgaagttt gtttttttgt tggattggtg 120

tttcttctcc tgtcttaatc tgggattgac aaatttagta acattttcat araacttctt 180

attaaacatc cttnntacaa g 201

<210> 17

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<220>

<221> misc_feature

<222> (193)..(195)

<223> n – це a, c, g, або t

<400> 17

ttctcttttt ctctcttttg tcttttttcc agtgatwggt tatattgcta gtggatatyt	60
acatcaaaca agtcacaagt ttctatactt agtgaagttt tttttttgtg tggattggtg	120
tttcttctcc tgtcttaatc tgggattgac aaatttagta acattttcat araacttctt	180
attaaacatc ctnnntacaa g	201

<210> 18
 <211> 201
 <212> ДНК
 <213> Буряк звичайний

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (140)..(142)
 <223> n – це a, c, g, або t

<400> 18	
gagaaactag gaaacagtag caaggaaaac agcaayaatg agaatgattc aggtgctttg	60
aattacwtaa acaaccaaga gaaaaccaac attattgctg aaaatcatca agttaacaac	120
tgtaaggaac aaaacaatgn nntgcttct acttcctcat tcatttccat tccatcaggt	180

aataatacta caatggctaa t

201

<210> 19

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<220>

<221> misc_feature

<222> (140)..(142)

<223> n – це a, c, g, або t

<400> 19

gagaaactag gaaacagtag caaggaaaac agcaayaatg agaatgattc aggtgctttg 60

aattacwtaa acaaccaaga gaaaaccaac attattgctg gaaatcatca agttaacaac 120

tgtaaggaac aaaacaatgn nnctgcttct acttcctcat tcatttccat tccatcaggt 180

aataatacta caatggctaa t 201

<210> 20

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<220>

<221> misc_feature

<222> (172)..(201)

<223> n – це a, c, g, або t

<400> 20

atgtagtатс ttctattgcc agagtgcaga tgctcagcga gaaactgcaa gtcaaacaat 60

tgatttgata aaggatcag tkgttgctga aacttcатca cagtttgтка actttggact 120

aatттgtatt tgttkgtaaa ctttacagta tctgatggag ttуaacagca cnnnnnnnnn 180

nnnnnnnnnn nnnnnnnnnn n 201

<210> 21

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<220>

<221> misc_feature

<222> (172)..(201)

<223> n – це a, c, g, або t

<400> 21

atgtagtatc ttctattgcc agagtgcaga tgctcagcga gaaactgcaa gtcaaacaat 60

tgatttgata aaggtatcag tkgttgctga aacttcacga tagtttgta actttggact 120

aatttgatatt tgttkgtaaa ctttacagta tctgatggag tttaacagca cnnnnnnnnn 180

nnnnnnnnnn nnnnnnnnnn n 201

<210> 22

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 22

ttagakcrag tacagtagat taaatgaaak macaaamaac atkcyagggc ctctttctct 60

gacmaaaatt cattagcacm ttgttcttgg aggaacatta aatagamacc amactgtcaa 120

taagcaamcc tcaamcagga agacatgtta ttgacagacc atwaaaagrt acactragcc 180

ttttggtgtc ctcctrttca t 201

<210> 23
 <211> 201
 <212> ДНК
 <213> Буряк звичайний

<400> 23
 ttagakcrag tacagtagat taaatgaaak macaaamaac atkcyaaggc ctctttctct 60
 gacmaaaatt cattagcacm ttgttcttgg aggaacatta tatagamacc amactgtcaa 120
 taagcaamcc tcaamcagga agacatgtta ttgacagacc atwaaaagrt acactragcc 180
 ttttggtgtc ctctrtttca t 201

<210> 24
 <211> 201
 <212> ДНК
 <213> Буряк звичайний

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(36)
 <223> n – це a, c, g, або t

<400> 24

nnnnnnnnnn nnnnnnnnnn nnnnnnnnnn nnnnnnacct cgaggtcgac ggtatccaag	60
agacccatca gataccgata ataccgttaa aatagttgtc actaataaca ctacaggcag	120
taattcagct ggaagcgggtt ccgctagcag gaatagcagt gggacgggtg agtcccatgt	180
cattgaagct ggaaatttgg t	201

<210> 25
 <211> 201
 <212> ДНК
 <213> Буряк звичайний

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(36)
 <223> n – це a, c, g, або t

<400> 25	
nnnnnnnnnn nnnnnnnnnn nnnnnnnnnn nnnnnnacct cgaggtcgac ggtatccaag	60
agacccatca gataccgata ataccgttaa aatagttgtc gctaataaca ctacaggcag	120
taattcagct ggaagcgggtt ccgctagcag gaatagcagt gggacgggtg agtcccatgt	180

cattgaagct ggaaatttgg t

201

<210> 26

<211> 98

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 26

ccccctgcac tcattcatcc aacttgaagc tagcaggaaa agaacacgaa tccccctctag 60

atcggatttc ttaccaact tcttactcca gaaacttc 98

<210> 27

<211> 98

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 27

ccccctgcac tcattcatcc aacttgaagc tagcaggaaa agaacatgaa tccccctctag 60

atcggatttc ttaccaact tcttactcca gaaacttc 98

<210> 28

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 28

ttttaattga tgtgatagat ggttggtgct gcgttggtat gaatggagat gtggttgctc 60

aaggctccca attttcattg aaagaygtgg aggttggtatt cgctcaagtg gaccttgatg 120

ctgtaagttc grttatttgg ttttagatt cttacctagt tacctgcttt ttttgctatt 180

attttgggggt tccttccttt g 201

<210> 29

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 29

ttttaattga tgtgatagat ggttggtgct gcgttggtat gaatggagat gtggttgctc 60

aaggctccca attttcattg aaagaygtgg aggttggtatt tgctcaagtg gaccttgatg 120

ctgtaagttc grttatttgg ttttagatt cttacctagt tacctgcttt ttttgctatt 180

attttgggggt tccttccttt g 201

<210> 30

<211> 116

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 30

gtaacaagat ccsaaatgat aatttcgttt ttcaaatcaa cgtaaaarta ttatcgacta 60

gactatacca tattatacct taacaaaatc aactyatgaa caaaccccta cccaac 116

<210> 31

<211> 116

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 31

gtaacaagat ccsaaatgat aatttcgttt ttcaaatcaa cgtaaaarta ttatcggcta 60

gactatacca tattatacct taacaaaatc aactyatgaa caaaccccta cccaac 116

<210> 32

<211> 144

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 32

sstcaaaatt tcgatttcaa ataktcatac rgagrgagga gaggttgaaa acattaatga 60

ggataagtta caaatgtcta ttatacttat gattgtgaat cacatcggtg tggccttgga 120

aataaaattg agatactaca gaga 144

<210> 33

<211> 144

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 33

sstcaaaatt tcgatttcaa ataktcatac rgagrgagga gaggttgaaa acattaatga 60

ggataagtta caaatgtcta ttatacttat gattgtgaat gacatcggtg tggccttgga 120

aataaaattg agatactaca gaga 144

<210> 34

<211> 120

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 34

ttatatttgc acatgatttt cattcttgct ttscatcttt taggccaaca ttcattcgga 60

tatgcaagaa gaagacgggtg gaacaatayt cgccagtgcc atacttagcc acatttgtga 120

<210> 35

<211> 120

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 35

ttatatttgc acatgatttt cattcttgct ttscatcttt taggccaaca tttattcgga 60

tatgcaagaa gaagacgggtg gaacaatayt cgccagtgcc atacttagcc acatttgtga 120

<210> 36

<211> 120

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 36

caccctaata gcatttttagt ggtgacaatc aatggagctg ggttttttat tgaactgctt 60

tacttgatac tcttygtgct ttactctgas aaaaagaata ggctcaaaat tgtgttgatt 120

<210> 37

<211> 120

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 37

caccctaata gcattttagt ggtgacaatc aatggagctg ggttttttat tgaattgctt 60

tacttgatac tcttygtgct ttactctgas aaaaagaata ggctcaaaat tgtgttgatt 120

<210> 38

<211> 95

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 38

atatcaagtt cgaaaacaca ccaccaacc agagcaacgc ccggacccaa atattaatag 60

aacaaaaaga tgtcgaaaat aattagaatt tgctg 95

<210> 39

<211> 95

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 39

atatcaagtt cgaaaacaca ccaccaaccc agagcaacgc ccgggcccaa atattaatag 60

aacaaaaaga tgtcgaaaat aattagaatt tgctg 95

<210> 40

<211> 135

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 40

agcagaaaaga gtatggcagc aacagcaaaa tagtatcttc cwrtttaggt tcaatcttgg 60

gtaaaagggt tattcattta tgtcaacact atgatttagt attattwgtw tgaattgcca 120

tgtgattggt agctt 135

<210> 41

<211> 135

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 41

agcagaaaaga gtatggcagc aacagcaaaa tagtatcttc cwrtttaggt tcaatcttgg 60

gtaaaagttg tattcattta tgtcaacact atgatttagt attattwgtw tgaattgcca 120

tgtgattggt agctt 135

<210> 42

<211> 148

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 42

tggcagaaaa tctggatgtc ataccagcag cactcatagc gaatctagga gatgggttg 60

gacaaggctg gtttaccag ctatgttctg gtatgacttc atccacattg gcctcagcaa 120

ctgagacaca aagatttcgt aaatcttt 148

<210> 43

<211> 148

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 43

tggcagaaaa tctggatgtc ataccagcag cactcatagc gaatctagga gatgggttg 60

gacaaggctg gtttatccag ctatgttctg gtatgacttc atccacattg gcctcagcaa 120

ctgagacaca aagatttcgt aaatcttt 148

<210> 44

<211> 170

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 44

ttgatgtccc ggcacttact tcccgggacc cactaggcgc ttagayaca aaccgtttt 60

kctctggaat cttttcttca tgacttgatg ccgccctgcc actggtctgc ccattaactc 120

taggactaaa ctgtggcaty tcacttcttt catcyggaag gtcacaggt 170

<210> 45

<211> 170

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 45

ttgatgtccc ggcacttact tcccgggacc cactaggcgc ttagayaca aaccgtttt 60

kctctggaat cttttcttca tgacttgatg ccgccctgcc actggtctgc ccattaactc 120

taggactaaa ctgtggcaty tcacttcttt catcyggaag gtcatcaggt 170

<210> 46

<211> 139

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<220>

<221> misc_feature

<222> (76)..(76)

<223> n – це a, c, g, або t

<400> 46

cattacktat tggattgtga tgaaaagtta twaaggaaaa ctcatgtttt atgatgaaat 60

ttcattacaa aggganwtga tactagaact tctctacaaa ttacactaa actatattcc 120

cattaccatt aatgaccac 139

<210> 47

<211> 139

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<220>

<221> misc_feature

<222> (76)..(76)

<223> n – це a, c, g, або t

<400> 47

cattacktat tggattgtga tgaaaagtta twaaggaaaa ctcatgtttt atgatgaaat 60

ttcattacga aggganwtga tactagaact tctctacaaa ttacactaa actatattcc 120

cattaccatt aatgaccac 139

<210> 48

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 48

tcacaatcca atmcgtaatg gaattaggaa gaaaatggat atctgagaag gagatagcat 60

taccatgagt aatgacaggt ttgtttaac aaatttatac cacaatgtat taccattacc 120

accatttatg accactaacc aaacgagtag ttaagggcaa tacctcaatg ccctctccat 180

cacaatgayg tctccagttr c

201

<210> 49

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 49

tcacaatcca atmcgtaatg gaattaggaa gaaaatggat atctgagaag gagatagcat 60

taccatgagt aatgacaggt ttgtttaac aaatttatac tacaatgtat taccattacc 120

accatttatg accactaacc aaacgagtag ttaagggcaa tacctcaatg ccctctccat 180

cacaatgayg tctccagttr c 201

<210> 50

<211> 125

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 50

gacacataat gtatgccaat tcatgtatgg tctttcattg gatttagyca cgggaatcgt 60

tgtttttcat ctgcaatatc tgtagakmar aatgagkaat gwgagttaag agggattgtc 120

agaag 125

<210> 51

<211> 125

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 51

gacacataat gtatgccaat tcatgtatgg tctttcattg gatttagyca ctggaatcgt 60

tgtttttcat ctgcaatatc tntagakmar aatgagkaat gwgagttaag agggattgtc 120

agaag 125

<210> 52

<211> 178

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 52

gaagaagatt tcgagtccgg gtttaggatt tacwcctcta gataactttg atgtatcatt 60

tataatcaaa gagaggatga cacaggcact tcggtatttc aaaraatcaa ctgaacaaaa 120

tcagatttta gctcagattt gggcacctgt aaagagtggg gatcattatg tgtaaca 178

<210> 53

<211> 178

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 53

gaagaagatt tcgagtccgg gtttaggatt tacwcctcta gataactttg atgtatcatt 60

tataatcaaa gagaggatga cacaggcgct tcggtatttc aaaraatcaa ctgaacaaaa 120

tcagatttta gctcagattt gggcacctgt aaagagtggg gatcattatg tgtaaca 178

<210> 54

<211> 149

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 54

agctacttta aacatcttaa gcatacttta acttgataat ccatctggat tagttagtga 60

tcgtgaattc gtgattcttt taccacccc caccmcaaat ctaactcaaa gtaatctgaa 120

agattttaga tagatggta taattcaag 149

<210> 55

<211> 141

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 55

agctacttta aacatcttaa gcatacttta acttgataat ccatctggat tagttagtga 60

tcgtgattct ttacccac cccaccmcaa atctaactca aagtaatctg aaagatttta 120

gatagatggt tataattcaa g 141

<210> 56

<211> 89

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 56

tgtagcatta tcaggagtct ttctttacaa aatgatataa atcattgtca tgactaaggt 60

tgagacttga gcaaaatagt cagtgattc 89

<210> 57

<211> 89

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 57

tgtagcatta tcaggagtct tttcttaca aatgatatta atcattgtca tgactaaggt 60

tgagacttga gcaaaaatagt cagtgattc 89

<210> 58

<211> 167

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 58

tgattccact tgcctacagc atmaaaaaga agaacaaagc aggagaaacc aacacttact 60

tggatggcat ctatctcttc ttacacctatt tcactaaacc cgaatccatt tcaartctkg 120

agaccatact ccaarccgac gacgatgtca taaggatcgc aagcttc 167

<210> 59

<211> 167

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 59

tgattccact tgcctacagc atmaaaaaga agaacaaagc aggagaaacc aacacttact 60

tggatggcat ctatctcctc ttcacctatt tcactaaacc tgaatccatt tcaartctkg 120

agaccatact ccaarccgac gacgatgtca taaggatcgc aagcttc 167

<210> 60

<211> 143

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 60

gatacttaca ccatrattha gaaggacaaa ttagcagatt tstmagaggt aggtctaact 60

gaaccaccay wwactagctg gtgttaaaac ggtacactat cgttatattgt tacctatata 120

aggtgggtgtg gacttggtga tat 143

<210> 61

<211> 143

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 61

gatacttaca ccatrattha gaaggacaaa ttagcagatt tstmgaggtt aggtctaact 60

gaaccaccay wwactagctg gtgttaaaat ggtacactat cgttatttgt tacctatata 120

aggtggtgtg gacttggtga tat 143

<210> 62

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 62

cttccaacgt cgtgcmittt ttggatgtcc atcatctttt atccagcccg aawtgcctga 60

acttagcccc aattatgtag taaagaagcc cattgggtca atrgagaytc ttgawttggc 120

ccatcgtgtt gctgcgtgta rctatgagaa ccayaatgsa tggggcataa aggtaagcac 180

ataraaaagtt gtmttcatta t 201

<210> 63

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 63

cttccaacgt cgtgcmттtct ttggatgtcc atcatctттt atccagcccg aawtgcctga 60

acttagcccc aattatgtag taaagaagcc cattgggtca gtrgagaytc ttgawttggc 120

ccatcgtgтт gctgcgtgta rctatgagaa ccayaatgsa tggggcataa aggtaagcac 180

ataraaaagтт gтттtcatta t 201

<210> 64

<211> 199

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<220>

<221> misc_feature

<222> (9)..(11)

<223> n – це a, c, g, або t

<220>

<221> misc_feature

<222> (23)..(25)

<223> n – це a, c, g, або t

<220>

<221> misc_feature

<222> (27)..(30)

<223> n – це a, c, g, або t

<400> 64

tttagtgann naagcgtctt ttnnnannnn cccttrggaa tggatgggct ttggggccca 60

aattatgtgg gyactggatg cttcttccaa cgtcgtgcat tctttggatg tccatcatct 120

tttatccagc ccgaawtgcc tgaacttagc cccaattatg tagtaaagaa gcccattggg 180

tcartrgaga ytcttgawt 199

<210> 65

<211> 199

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<220>

<221> misc_feature

<222> (9)..(11)

<223> n – це a, c, g, або t

<220>

<221> misc_feature

<222> (23)..(25)

<223> n – це a, c, g, або t

<220>

<221> misc_feature

<222> (27)..(30)

<223> n – це a, c, g, або t

<400> 65

tttagtgann naagcgtctt tttnnnnnnn cccttrggaa tggatgggct ttggggccca 60

aattatgtgg gyactggatg cttcttccaa cgtcgtgcct tctttggatg tccatcatct 120

tttatccagc ccgaawtgcc tgaacttagc cccaattatg tagtaaagaa gcccattggg 180

tcartgaga ytcttgawt 199

<210> 66

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 66

gtcgacggta tccccctaatt aattcacctc atgctgctcg ttctgctttt gatttcttca 60

aatgggtttc ctctaaatcc ccycwtttc agctcactga cgaggtactg tcttttttcg	120
ttgattatatt tggtcgtagg aaggatttta agataattca tgatgtactt gttggaggta	180
atggtgtaat tggtttcama a	201

<210> 67
 <211> 201
 <212> ДНК
 <213> Буряк звичайний

<400> 67	
gtcgacggta tcccccaat aattcacctc atgctgctcg ttctgctttt gatttcttca	60
aatgggtttc ctctaaatcc ccycwtttc agctcactga tgaggtactg tcttttttcg	120
ttgattatatt tggtcgtagg aaggatttta agataattca tgatgtactt gttggaggta	180
atggtgtaat tggtttcama a	201

<210> 68
 <211> 201
 <212> ДНК
 <213> Буряк звичайний

<220>

<221> misc_feature

<222> (6)..(12)

<223> n – це a, c, g, або t

<400> 68

tgggannnnn nncatgagat gtcattgcat adgagtmaag tggcttggaa caaatatatg 60

gatgcattta ygttcatttt atggcaattt tggatataac aagaaataaa caaatgcrgt 120

gttcaaaggc tttttgaggc aaggtaaatt gtgccaagta ccygckctac gttacaagtt 180

acgtcgcttt tcctaagaay g 201

<210> 69

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<220>

<221> misc_feature

<222> (6)..(12)

<223> n – це a, c, g, або t

<400> 69

tgggannnnn nncatgagat gtcattgcat adgagtmaag tggcttggaa caaatatatg 60

gatgcattta ygttcatttt atggcaattt tggatataac gagaaataaa caaatgcrgt 120

gttcaaaggc tttttgaggc aaggtaaattg gtgccaagta ccygckctac gttacaagtt 180

acgtcgcttt tcctaagaay g 201

<210> 70

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<220>

<221> misc_feature

<222> (17)..(18)

<223> n – це a, c, g, або t

<220>

<221> misc_feature

<222> (42)..(45)

<223> n – це a, c, g, або t

<220>

<221> misc_feature

<222> (173)..(178)

<223> n – це a, c, g, або t

<400> 70

gtaatagagg tgatccnnga ygtgtataca ttttcacaca ynnnngcctt taatatattt 60

gtatakattc tagttgtttt atgaggctaa aacaaaacta aattagccag caaayacact 120

aattagtcac atagcacctg aatccaataa atgraccact acactaacat atnnnnnnac 180

tatcatcctt tgctaatgca c 201

<210> 71

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<220>

<221> misc_feature

<222> (17)..(18)

<223> n – це a, c, g, або t

<220>

<221> misc_feature

<222> (42)..(45)

<223> n – це a, c, g, або t

<220>

<221> misc_feature

<222> (173)..(178)

<223> n – це a, c, g, або t

<400> 71

gtaatagagg tgatccnnga ygtgtataca ttttcacaca ynnnngcctt taatatattt 60

gtatakattc tagttgtttt atgaggctaa aacaaaacta gattagccag caaayacact 120

aattagtcac atagcacctg aatccaataa atgraccact acactaacat atnnnnnnac 180

tatcatcctt tgctaatagca c 201

<210> 72

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<220>

<221> misc_feature

<222> (23)..(28)

<223> n – це a, c, g, або t

<220>

<221> misc_feature

<222> (163)..(163)

<223> n – це a, c, g, або t

<400> 72

atgraccact acactaacat atnnnnnnac tatcatcctt tgctaatagca ctgcccctaa 60

aatggcctaa aacaagcacg cagtcttaac attgcctata cattaatatg tastatactc 120

gtgtctsgag gataaacaca aaatttttagc cayaagctag ctncattgga attttagcaa 180

cttaagrarc taattttgcc a 201

<210> 73

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<220>

<221> misc_feature

<222> (23)..(28)

<223> n – це a, c, g, або t

<220>

<221> misc_feature

<222> (163)..(163)

<223> n – це a, c, g, або t

<400> 73

atgraccact acactaacat atnnnnnnac tatcatcctt tgctaatagca ctgcccctaa 60

aatggcctaa aacaagcacg cagtcttaac attgcctata tattaatatg tastatactc 120

gtgtctsgag gataaacaca aaatttttagc cayaagctag ctncattgga attttagcaa 180

cttaagrarc taattttgcc a 201

<210> 74

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<220>

<221> misc_feature

<222> (8)..(8)

<223> n – це a, c, g, або t

<220>

<221> misc_feature

<222> (58)..(61)

<223> n - ce a, c, g, a6o t

<220>

<221> misc_feature

<222> (63)..(66)

<223> n - ce a, c, g, a6o t

<220>

<221> misc_feature

<222> (118)..(118)

<223> n - ce a, c, g, a6o t

<220>

<221> misc_feature

<222> (140)..(143)

<223> n - ce a, c, g, a6o t

<220>

<221> misc_feature

<222> (145)..(164)

<223> n - ce a, c, g, a6o t

<400> 74

gctagctnca ttggaatttt agcaacttaa grarctaatt ttgccaaata attagggnnn

60

ncnnnnaatg agttragaca gttcgcgagc tattcraact cgactcgrtc aaagtcnaa 120

wcgaatagtc gagckhgmwn nnnwnnnnnn nnnnnnnnnn nnnnctcgac aggttaacga 180

gtcgagtcga gcaactcaat a 201

<210> 75

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<220>

<221> misc_feature

<222> (8)..(8)

<223> n – це a, c, g, або t

<220>

<221> misc_feature

<222> (58)..(61)

<223> n – це a, c, g, або t

<220>

<221> misc_feature

<222> (63)..(66)

<223> n - ce a, c, g, a6o t

<220>

<221> misc_feature

<222> (118)..(118)

<223> n - ce a, c, g, a6o t

<220>

<221> misc_feature

<222> (140)..(143)

<223> n - ce a, c, g, a6o t

<220>

<221> misc_feature

<222> (145)..(164)

<223> n - ce a, c, g, a6o t

<400> 75

gctagctnca ttggaatddd agcaacttaa granctaatt ttgcaaata attagggnnn 60

ncnnnnaatg agttragaca gttcgcgagc tattcraact tgactcgrtc aaagctcnaa 120

wcgaatagtc gagckhgmwn nnnwnnnnnn nnnnnnnnnn nnnnctcgac aggttaacga 180

gtcgagtcga gcaactcaat a 201

<210> 76
<211> 201
<212> ДНК
<213> Буряк звичайний

<220>
<221> misc_feature
<222> (157)..(157)
<223> n – це a, c, g, або t

<400> 76
ttatttaawt ttgccattt tratgtktcc ttaatttctg ggtttgtgtt ttcgtttgt 60

ttttattcat acccattttg taatttgtga ttttaggcaa caccagttg ttcmtttcc 120

ctgattgttt ttggattaca aygtgggacc attttangtt ttccttgatt acttcttaat 180

tatattgttt tattatggta t 201

<210> 77
<211> 201
<212> ДНК
<213> Буряк звичайний

<220>

<221> misc_feature

<222> (157)..(157)

<223> n – це a, c, g, або t

<400> 77

ttatttaawt ttgccattt tratgtktcc ttaatttctg ggtttgtgtt ttcgtttgt 60

ttttattcat acccattttg taatttgtga ttttaggcaa gaccagttg ttcmtttcc 120

ctgattgttt ttggattaca aygtgggacc attttangtt ttccttgatt acttcttaat 180

tatattgttt tattatggtat t 201

<210> 78

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 78

accagcttaa ttctgccagt cgcctcctgg ctatgtgtag agtggatagc cttcgtccat 60

tctaaacctt atttacatta agtacataat acttgacct ccgtcgcggg cttgtaatgt 120

tgtagtctc caagtttggc aaatttgatg aaacatggga agtctatgag ggtttatctg 180

gtttagtggg ggaattgaag t

201

<210> 79

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 79

accagcttaa ttctgccagt cgcctcctgg ctatgtgtag agtggatagc cttcgtccat 60

tctaaacctt atttacatta agtacataat acttggacct tcgtcgcggg cttgtaatgt 120

tgttagtctc caagtttggc aaatttgatg aaacatggga agtctatgag ggtttatctg 180

gtttagtggg ggaattgaag t 201

<210> 80

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 80

gtattagtta tgttttgatg tatttagttt tttaaactcat tcagcgatgg gcggcactgc 60

caggtgaact acctcctatt gatgattgtg atgtcgatga ctgggttcca cgatttacag 120

tcctgcaagg atcctgtatt ttcttctacc tgtcatctac aggtaatacc ctggtgcatt 180

tacttcaaaa aaaaaaatta t 201

<210> 81

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 81

gtattagtta tgttttgatg tatttagttt tttaaatcat tcagcgatgg gcggcactgc 60

caggtgaact acctctatt gatgattgtg atgtcgatga ttgggttcca cgatttacag 120

tcctgcaagg atcctgtatt ttcttctacc tgtcatctac aggtaatacc ctggtgcatt 180

tacttcaaaa aaaaaaatta t 201

<210> 82

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<220>

<221> misc_feature

<222> (90)..(90)

<223> n – це а, с, g, або t

<400> 82

aaagttccat gttcarttcc atcccygccs cratgagtaa cgtattyaaa tmtgtygcyg 60

caccacattc ataccacact catcaccccn atcaaytath caaacttgca agagtgc aaa 120

tyttccacct taaacacatt mtgccacaay ataataaat awaaaaaktg taatattaat 180

aagtytagag actkstttaa y 201

<210> 83

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<220>

<221> misc_feature

<222> (90)..(90)

<223> n – це а, с, g, або t

<400> 83

aaagttccat gttcarttcc atcccygccs cratgagtaa cgtattyaaa tmtgtygcyg 60

cacccacttc ataccacact catcaccccn atcaaytath taaacttgca agagtgcaaa 120

tyttccacct taaacacatt mtgccacaay ataataataat awaaaaaktg taatattaat 180

aagtytagag actkstttaa y 201

<210> 84

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 84

tattagtact ctccagcagc tctatgatga gccaaaggaca actaggacag ccaggaggac 60

caggcattcc atgtagtcag gtggctaacg agytgttgcc atgtttatct taccttgacg 120

aacaaaccac atcacccctg agctcttgct gccaaaggac taagtatgtc tggaagcatt 180

atgggagagg aaagagcgaa a 201

<210> 85

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 85

tattagtact ctccagcagc tctatgatga gccaaaggaca actaggacag ccaggaggac 60

caggcattcc atgtagtcag gtggctaacg agytgttgcc gtgtttatct taccttgacg 120

aacaaaccac atcaccctcg agctcttgct gccaaaggac taagtatgtc tggaagcatt 180

atgggagagg aaagagcga a 201

<210> 86

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 86

agctywtcta ttagtactct ccagcagctc tatgatgagc caaggacaac taggacagcc 60

aggaggacca ggcatcccat gtagtcaggt ggctaacgag ctgttgccrt gtttatctta 120

ccttgacgaa caaaccacat caccctcgag ctcttgctgc caagggacta agtatgtctg 180

gaagcattat gggagaggaa a 201

<210> 87

<211> 201

<212> ДНК

<213> Буряк звичайний

<400> 87

agctywtcta ttagtactct ccagcagctc tatgatgagc caaggacaac taggacagcc 60

aggaggacca ggcattccat gtagtcaggt ggctaacgag ttgttgccrt gtttatctta 120

ccttgacgaa caaaccacat caccctcgag ctcttgctgc caagggacta agtatgtctg 180

gaagcattat gggagaggaa a 201

