



УКРАЇНА

(19) **UA** (11) **130939** (13) **C2**
(51) МПК (2026.01)

C07K 14/415 (2006.01)

C12N 15/82 (2006.01)

C12N 15/52 (2006.01)

A01H 3/00

A01H 5/08 (2018.01)

A01H 5/10 (2018.01)

НАЦІОНАЛЬНИЙ ОРГАН
ІНТЕЛЕКТУАЛЬНОЇ ВЛАСНОСТІ
ДЕРЖАВНА ОРГАНІЗАЦІЯ
"УКРАЇНСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ
ОФІС ІНТЕЛЕКТУАЛЬНОЇ
ВЛАСНОСТІ ТА ІННОВАЦІЙ"

(12) ОПИС ДО ПАТЕНТУ НА ВИНАХІД

(21) Номер заявки: **a 2019 09987**
(22) Дата подання заявки: **05.11.2014**
(24) Дата, з якої є чинними права інтелектуальної власності: **25.06.2026**
(31) Номер попередньої заявки відповідно до Паризької конвенції: **1319876.7**
(32) Дата подання попередньої заявки відповідно до Паризької конвенції: **11.11.2013**
(33) Код держави-учасниці Паризької конвенції, до якої подано попередню заявку: **GB**
(41) Публікація відомостей про заявку: **25.02.2020, Бюл.№ 4**
(46) Публікація відомостей про державну реєстрацію: **24.06.2026, Бюл.№ 25**
(62) Номер та дата подання попередньої заявки, з якої виділено заявку, позначену кодом (21): **a201605610, 05.11.2014**

(72) Винахідник(и):
Беван Майкл (GB),
Дюменіль Джек (GB)
(73) Володілець (володільці):
ПЛАНТ БЮСАЙЄНС ЛІМІТЕД,
Norwich Research Park, Colney Lane,
Norwich Norfolk NR4 7UH, United Kingdom
(GB)
(74) Представник:
Кістерський Тимофій Арсенійович,
реєстр. №457
(56) Перелік документів, взятих до уваги експертизою:
US 2009/094717 A1, 09.04.2009
WO 2009/047525 A1, 16.04.2009
T. XIA et al. The ubiquitin receptor DA1 interacts with the e3 ubiquitin ligase DA2 to regulate seed and organ size in Arabidopsis. The plant cell online. 01.09.2013. Vol. 25. No. 9. P. 3347-3359, URL:
<http://doi.org/10.1105/tpc.113.115063>
WO 2015/022192 A1, 19.02.2015
JP 2005185101 A, 14.07.2005
LI YUNHAI et. al. Control of final seed and organ size by the DA1 gene family in Arabidopsis thaliana. Genes and development. Cold spring harbor laboratory press. Plainview. NY. US. 01.05.2008. Vol. 22. No. 10, P. 1331-1336, URL:
<http://doi.org/10.1101/GAD.463608>
WENJUAN FANG et. al. Maternal control of seed size by EOD3/ CYP78A6 in Arabidopsis thaliana. The plant journal. Blackwell scientific publications. Oxford. GB. 01.06.2012. Vol. 70. No. 6. P. 929-939, URL:
<http://doi.org/10.1111/J.1365-313X.2012.04907.X>

UA 130939 C2

(54) СПОСІБ МОДУЛЮВАННЯ РОЗМІРУ НАСІННЯ ТА ОРГАНІВ У РОСЛИН

(57) Реферат:

Винахід належить до експресії білка DA1 з мутацією, яка порушує або інактивує LIM-домен або LIM-подібний домен, у клітинах рослини. Дана експресія може збільшити врожайність або підсилити пов'язану з врожайністю ознаку рослини. Запропоновані способи, рослини та клітини рослин.

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

Розмір насіння та органів є важливою з погляду агрономії та екології ознакою, що перебуває під генетичним контролем (Alonso-Blanco, C. PNAS USA 96, 4710-7 (1999); Song, X.J. Nat Genet 39, 623-30 (2007); Weiss, J. Int J Dev Biol 49, 513-25 (2005); Dinneny, J.R. Development 131, 1101-10 (2004); Disch, S. Curr Biol 16, 272-9 (2006); Science 289, 85-8 (2000); Horiguchi, G. Plant J 43, 68-78 (2005); Hu, Y Plant J 47, 1-9 (2006); Hu, Y. Plant Cell 15, 1951-61 (2003); Krizek, B.A. Dev Genet 25, 224-36 (1999); Mizukami, Y. PNAS USA 97, 942-7 (2000); Nath, U. Science 299, 1404-7 (2003); Ohno, C.K. Development 131, 1111-22 (2004); Szecsi, J. Embo J 25, 3912-20 (2006); White, D.W. PNAS USA 103, 13238-43 (2006); Horvath, B.M. Embo J 25, 4909-20 (2006); Garcia, D. Plant Cell 17, 52-60 (2005). Кінцевий розмір насіння та органів є постійним у межах конкретного виду, тоді як міжвидова варіативність розміру насіння та органів є значно більшою. Це свідчить про те, що рослинам властиві регуляторні механізми, скоординовані та вчасно контролюючі ріст насіння та органів. Однак, незважаючи на важливість розміру насіння та органів, про молекулярні та генетичні механізми, які контролюють кінцевий розмір насіння та органів у рослин, відомо небагато.

Генетичну регуляцію розміру насіння досліджували в рослин, у тому числі в помідорів, сої, маїсу та рису, із застосуванням картування локусу кількісних ознак (quantitative trait locus, QTL). В опублікованій на сьогоднішній день літературі повідомляється про виявлення двох генів (Song, X.J. Nat Genet 39, 623-30 (2007); Fan, C. Theor. Appl. Genet. 112, 1164-1171 (2006)), що відповідають двом великим QTL, відповідальним за розмір зерен рису, хоча молекулярні механізми функціонування даних генів до кінця не вивчені. В арабідопсису було картовано одинадцять локусів, що впливають на масу та/або довжину насіння у продуктах схрещування між ізолятами Ler і Cvi {Alonso-Blanco, 1999 посилання вище}, але відповідні гени не були виявлені. У недавніх проведених дослідженнях було показано, що AP2 і ARF2 залучені в контроль розміру насіння. Однак, на жаль, мутанти *ap2* і *arf2* характеризуються меншою фертильністю, ніж дикий тип (Schruff, M.C. Development 137, 251 - 261 (2006); Onto, M.A. PNAS USA 102, 3123 - 3128 (2005); Jofuku, K.D. PNAS USA 102, 3117 - 3122 (2005)). Крім того, дослідження із застосуванням мутантних рослин дозволили виявити декілька позитивних і негативних регуляторів, що впливають на розмір органів за допомогою впливу на проліферацію або розмноження клітин {Krizek, B.A. Dev Genet 25, 224-36 (1999); Mizukami, Y. Proc Natl Acad Sci USA 97, 942-7 (2000); Nath, U. Science 299, 1404 - 7 (2003); Ohno, C.K. Development 131, 1111-22 (2004); Szecsi, J. Embo J 25, 3912-20 (2006); White, D.W. PNAS USA 103, 13238 - 43 (2006); Horvath, B.M. Embo J 25, 4909-20 (2006); Garcia, D. Plant Cell 17, 52 - 60 (2005). Horiguchi, G. Plant J 43, 68 - 78 (2005); Hu, Y Plant J 41, 1 - 9 (2006) Dinneny, J.R. Development 131, 1101 - 10 (2004)).

Відомо, що на розмір насіння впливають декілька факторів, залучених в активності, пов'язані з убіквітином. Фактор, який обмежує ріст, DA1, являє собою рецептор убіквітину та містить два убіквітин - взаємодіючих мотиви (ubiquitin interaction motif, UIM), які зв'язують убіквітин *in vitro*, і в мутанта *da1-1* утворюються більші насінини в результаті впливу на материнські покриви сім'я бруньки (Li et al., 2008). Мутації в енхансері *da1-1* (EOD1), який кодує убіквітин-лігазу E3 BIG BROTHER (BB) (Disch et al., 2006; Li et al., 2008), синергетично підсилюють фенотип розміру насіння *da1-1*. Це свідчить, що DA1 діє синергетично з EOD1/BB при здійсненні контролю розміру насіння.

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

Короткий опис винаходу

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

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

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

Експресія білка DA1 з порушеним або інактивованим LIM - доменом або LIM - подібним доменом підсилює одну або декілька пов'язаних із врожайністю ознак і збільшує врожайність рослини.

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

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

введення в клітину рослини гетерологічної нуклеїнової кислоти, що кодує білок DA1, яка містить інактивований LIM - домен або LIM - подібний домен, або

введення в нуклеотидну послідовність клітини рослини, що кодує білок DA1, мутації, внаслідок якої LIM - домен або LIM - подібний домен білка DA1 стає інактивованим, і регенерацію рослини із клітини рослини.

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

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

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

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

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

На фігурі 3 представлені результати імунопреципітації *in vitro*, які демонструють сполучення da11im8 з DA1 дикого типу. Експресовані в *E. coli* білки-приманки, мічені GST (глутатіон-S-трансферазою), інкубували з експресованими в *E. coli* білками-здобичкою, міченими міткою FLAG, з наступним очищенням на гранулах глутатіон-сефарози й аналізом методом імуноблотингу для виявлення GST і FLAG. FLAG-DA1 і FLAG-da11im8 були виділені разом з GST-DA1 і GST-da11im8 (доріжки 5, 6, 8, 9), але не з негативним контролем GST-GUS (доріжки 2, 3); дані результати свідчать, що введення мутації в LIM - домен DA1 недостатньо для усунення фізичної взаємодії між білками DA1.

На фігурі 4 представлений ефект мутації 1im8 на розмір насіння у раси Col.

Докладний опис варіантів реалізації винаходу

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

DA1 являє собою рецептор убіквітину рослин, що докладно описаний у публікаціях Li et al (2008), Wang, et al (2012) і WO2009/047525.

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

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

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

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

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

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

C(X)₂C(X)₁₆₋₂₃(H)(X)₂(C)(X)₂C(X)₂C(X)₁₄₋₂₁H(X)₂CX,

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

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

CAGCNMEIGHGRFLNCLNSLWHPECFRCYGCSQPISEYEFSTSGNYPFHKACY

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

Інші LIM - домени включають LIM - домен відповідно до амінокислотної послідовності DA1, представленої в таблиці 1 (пунктирний квадрат), наприклад, залишки з 141 по 193 SEQ ID NO: 4 (Si_GI-514815267.pro), залишки з 123 по 175 SEQ ID NO: 5 (Bd_GI-357157184.pro), залишки з 155 по 207 SEQ ID NO: 6 (Br_DA1b.pro), залишки з 172 по 224 SEQ ID NO: 7 (Br_DA1a.pro),
10 залишки з 172 по 224 SEQ ID NO: 8 (At_GI-15221983.pro), залишки з 117 по 169 SEQ ID NO: 9 (Tc_GI-508722773.pro), залишки з 117 по 169 SEQ ID NO: 10 (Gm_GI-356564241.pro), залишки з 121 по 173 SEQ ID NO: 11 (Gm_GI-356552145.pro), залишки з 119 по 171 SEQ ID NO: 12 (Vv_GI-302142429.pro), залишки з 122 по 174 SEQ ID NO: 13 (Vv_GI-359492104.pro), залишки з 125 по 177 SEQ ID NO: 14 (S1_GI-460385048.pro), залишки з 516 по 568 SEQ ID NO: 15 (Os_GI-218197709.pro), залишки з 124 по 176 SEQ ID NO: 16 (Os_GI-115466772.pro), залишки з 150 по 202 SEQ ID NO: 17 (Bd_GI-357160893.pro), залишки з 132 по 184 SEQ ID NO: 18 (Bd_GI-357164660.pro), залишки з 124 по 176 SEQ ID NO: 19 (Sb_GI-242092232.pro), залишки з 147 по 199 SEQ ID NO: 20 (Zm_GI-212275448.pro), залишки з 190 по 242 SEQ ID NO: 21 (At_GI-240256211.pro), залишки з 162 по 214 SEQ ID NO: 22 (At_GI-145360806.pro), залишки з 1240 по 1291 SEQ ID NO: 23 (At_GI-22326876.pro), залишки з 80 по 122 SEQ ID NO: 24 (At_GI-30698242.pro), залишки з 347 по 402 SEQ ID NO: 25 (At_GI-30698240.pro), залишки з 286 по 341 SEQ ID NO: 26 (At_GI-15240018.pro) або залишки з 202 по 252 SEQ ID NO: 27 (At_GI-334188680.pro).

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

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

CX2CX16-23HX7CX2HX7CX2CX19CX2C

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

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

CXVCX16-23HPFWX3YCPXHX7CCSCERXEX5YX2LXDXRXLCXXC

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

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

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

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

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

CDVCSHFIPTNHAGLIEYRAHPFWVQKYCPSHEHDATPRCCSCERMEPRNTRYVELN
45 DGRKLCLEC (SEQ ID NO: 31)

Інші LIM - подібні домени включають LIM - домен відповідно до амінокислотної послідовності DA1, представленої в таблиці 1 (суцільний квадрат), наприклад, залишки з 200 по 266 SEQ ID NO: 4 (Si_GI-514815267.pro), залишки з 182 по 248 SEQ ID NO: 5 (Bd_GI-357157184.pro), залишки з 214 по 280 SEQ ID NO: 6 (Br_DA1b.pro), залишки з 231 по 297 SEQ ID NO: 7

(Br_DA1a.pro), залишки з 231 по 297 SEQ ID NO: 8 (At_GI-15221983.pro), залишки з 176 по 242 SEQ ID NO: 9 (Tc_GI-508722773.pro), залишки з 176 по 242 SEQ ID NO: 10 (Gm_GI-356564241.pro), залишки з 180 по 246 SEQ ID NO: 11 (Gm_GI-356552145.pro), залишки з 178 по 244 SEQ ID NO: 12 (Vv_GI-302142429.pro), залишки з 181 по 247 SEQ ID NO: 13 (Vv_GI-359492104.pro), залишки з 184 по 250 SEQ ID NO: 14 (S1_GI-460385048.pro), залишки з 575 по 641 SEQ ID NO: 15 (Os_GI-218197709.pro), залишки з 183 по 149 SEQ ID NO: 16 (Os_GI-115466772.pro), залишки з 209 по 275 SEQ ID NO: 17 (Bd_GI-357160893.pro), залишки з 191 по 257 SEQ ID NO: 18 (Bd_GI-357164660.pro), залишки з 183 по 249 SEQ ID NO: 19 (Sb_GI-242092232.pro), залишки з 206 по 272 SEQ ID NO: 20 (Zm_GI-212275448.pro), залишки з 249 по 315 SEQ ID NO: 21 (At_GI-240256211.pro), залишки з 221 по 287 SEQ ID NO: 22 (At_GI-145360806.pro), залишки з 1298 по 1363 SEQ ID NO: 23 (At_GI-22326876.pro), залишки з 130 по 176 SEQ ID NO: 24 (At_GI-30698242.pro), залишки з 406 по 465 SEQ ID NO: 25 (At_GI-30698240.pro), залишки з 345 по 404 SEQ ID NO: 26 (At_GI-15240018.pro) або залишки з 256 по 319 SEQ ID NO: 27 (At_GI-334188680.pro).

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

Крім LIM - домена та LIM - подібного домена, білок DA1 може додатково містити карбокси - кінцеву область, що містить амінокислотну послідовність, щонайменше на

20 %, щонайменше на 30 %, щонайменше на 40 %, щонайменше на 50 %, щонайменше на 60 %, щонайменше на 70 %, щонайменше на 80 %, щонайменше на 90 %, щонайменше на 95 % або щонайменше на 98 % амінокислот ідентичну послідовності залишків з 198 по 504 SEQ ID NO: 4, залишків з 180 по 487 SEQ ID NO: 5, залишків з 212 по 514 SEQ ID NO: 6, залишків з 229 по 532 SEQ ID NO: 7, залишків з 229 по 532 SEQ ID NO: 8, залишків з 174 по 478 SEQ ID NO: 9, залишків з 174 по 474 SEQ ID NO: 10, залишків з 178 по 478 SEQ ID NO: 11, залишків з 176 по 462 SEQ ID NO: 12, залишків з 179 по 482 SEQ ID NO: 13, залишків з 182 по 486 SEQ ID NO: 14, залишків з 573 по 878 SEQ ID NO: 15, залишків з 181 по 486 SEQ ID NO: 16, залишків з 207 по 512 SEQ ID NO: 17, залишків з 189 по 491 SEQ ID NO: 18, залишків з 181 по 486 SEQ ID NO: 19, залишків з 204 по 508 SEQ ID NO: 20, залишків з 247 по 553 SEQ ID NO: 21, залишків з 219 по 528 SEQ ID NO: 22, залишків з 1296 по 1613 SEQ ID NO: 23, залишків з 128 по 450 SEQ ID NO: 24, залишків з 404 по 702 SEQ ID NO: 25, залишків з 343 по 644 SEQ ID NO: 26 або залишків з 256 по 587 SEQ ID NO: 27.

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

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

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

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

p---pLpbA1 pb.Sbp-.pp p (SEQ ID NO: 35)

p---pLpbA1 pb.Sbp-spp p (SEQ ID NO: 36),

де:

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

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

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

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

відсутній або являє собою будь-яку амінокислоту, і

являє собою будь-яку амінокислоту.

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

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

LIM-домен згідно з SEQ ID NO: 1,

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

С-кінцеву область, яка характеризується ідентичністю послідовності щонайменше 20 % залишкам з 229 по 532 SEQ ID NO: 8, або еквівалентну область будь-якої з SEQ NO 4 - 7 або 9 - 27, викладених вище, і які містять мотив EK(X)₈R(X)₄SEEQ або EK(X)₈R(X)₄SEQ і мотив HEMMH, домен UIM SEQ ID NO: 35 і

5 домен UIM SEQ ID NO: 36.

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

10 Наприклад, білок DA1 може містити амінокислотну послідовність AtDA1, AtDAR1, AtDAR2, AtDAR3, AtDAR4, AtDAR5, AtDAR6, AtDAR7, BrDA1a, BrDA1b, BrDAR1, BrDAR2, BrDAR3-7, BrDAL1, BrDAL2, BrDAL3, OsDA1, OsDAR2, OsDAL3, OsDAL5, PpDAL1, PpDAL2, PpDAL3, PpDAL4, PpDAL5, PpDAL6, PpDAL7, PpDAL8, SmDAL1, SmDAL2 або ZmDA1 (ACR35367.1 GI:238008664), переважно AtDA1, AtDAR1 BrDA1a, BrDA1b, OsDA1 або ZmDA1, або алель або варіант однієї з даних послідовностей.

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

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

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

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

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

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

40 Нуклеїнова кислота, що кодує білок DA1, може містити нуклеотидну послідовність, викладену в записі бази даних, яку вибирають з групи, що включає NM_101785.3 GL42562170 (AtDA1); NM_001057237.1 GI:115454202 (OsDA1); BT085014.1 GI: 238008663 (ZmDA1), або може являти собою алель або варіант однієї з даних послідовностей, які кодують активний білок DA1.

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

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

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

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

щонайменше 20 % або щонайменше 30 % з послідовністю еталонної нуклеїнової кислоти, переважно щонайменше 40 %, щонайменше 50 %, щонайменше 60 %, щонайменше 65 %, щонайменше 70 %, щонайменше 80 %, щонайменше 90 %, щонайменше 95 % або щонайменше 98 %. Ідентичність послідовності описана в даній заявці.

5 Ідентичність послідовності зазвичай визначають на підставі алгоритму GAP (Wisconsin Package, Accelrys, San Diego, USA). В GAP використовується алгоритм Нідлмана-Вунша для вирівнювання двох повних послідовностей, що збільшує до максимуму кількість збігів і зменшує до мінімуму кількість пропусків. Як правило, використовують параметри за замовчуванням із штрафом за введення пропуску ("gap creation penalty") 12 і штрафом за подовження пропуску ("gap extension penalty") 4. Застосування GAP може бути бажаним, однак можна використовувати й інші алгоритми, наприклад, BLAST (у якому використовується спосіб Altschul et al. (1990) J. Mol. Biol. 215: 405-410), FASTA (у якому використовується спосіб Pearson and Lipman (1988) PNAS USA 85: 2444-2448) або алгоритм Сміта-Вотермана (Smith and Waterman (1981) J. Mol Biol. 147: 195-197) або програму TBLASTN, Altschul et al. (1990) посилання вище, як правило, з використанням параметрів за замовчуванням. Зокрема, можна застосовувати алгоритм psi-Blast (Nucl. Acids Res. (1997) 25 3389-3402).

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

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

25 Суворі умови включають, наприклад, у випадку гібридизації послідовностей, які є ідентичними приблизно на 80-90 %, гібридизацію протягом ночі при температурі 42 °C в 0,25 M Na₂HPO₄, pH 7,2, 6,5 % SDS (додецилсульфаті натрію), 10 % сульфаті декстрану та завершальне промивання при температурі 55 °C в 0,1x SSC (цитраті та хлориді натрію), 0,1 % SDS. Умови, що підходять для виявлення послідовностей, які ідентичні більше ніж приблизно на 90 %, включають гібридизацію протягом ночі при температурі 65 °C в 0,25 M Na₂HPO₄, pH 7,2, 6,5 % SDS, 10 % сульфаті декстрану та завершальне промивання при температурі 60 °C в 0,1x SSC, 0,1 % SDS.

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Одиничні заміни амінокислот у межах LIM- доменів і LIM- подібних доменів достатні, щоб викликати фенотип нокауту LIM. LIM- домени, наприклад, можна інактивувати за допомогою мутацій залишків, що координують Zn, або інших залишків у межах LIM- домена (McIntosh et al (1998) Am J Human Genet 63 1651-16581; Clough et al (1999) Human mutation 14 459-465; Hamlington et al (2001) Human mutation 18 458-464; Taira et al., Nature 1994 372, 677-9; Agulnick et al., Nature 1996 384, 270-2). LIM- подібні домени можна також інактивувати у результаті мутацій залишків, що координують Zn (тобто консервативних залишків Cys), або інших залишків у межах LIM- подібного домена (Yang et al Plant Journal, (2010), 63,283-296).

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

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

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

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

Залишки, що координують Zn, у межах LIM-домена білка DA1 можна виявити із застосуванням стандартних аналізів послідовності. Залишки цистеїну та гістидину, еквівалентні

C172, C175, H193, C196, C199, C202, H220 і C223 в SEQ ID NO: 8, являють собою залишки послідовності, що перебувають у тому ж оточенні в іншій послідовності білка DA1, які можна виявити із застосуванням стандартних аналізів послідовності, представленої в таблиці 1.

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

Інактивований або порушений LIM- подібний домен може містити мутацію одного або декількох з першого, другого, третього, четвертого, п'ятого, шостого, сьомого та восьмого залишків, що координують Zn, або передбачуваних залишків, що координують Zn, в LIM- подібному домені, представленому в будь-якій з SEQ ID NO: 28-31 вище. Наприклад, інактивований або порушений LIM- подібний домен може містити мутацію одного або декількох залишків цистеїну в мотиві CXXC або залишку цистеїну або гістидину в мотиві CXXH, наприклад, залишків цистеїну/гістидину, представлених у положеннях 1, 4, 29, 32, 40, 43, 63 або 66 SEQ ID NO: 31 і підкреслених в SEQ ID NO 28-31 вище. Два з трьох передбачуваних залишків, що координують Zn, H252, C260, H263 в LIM- подібному домені відповідають за координацію Zn (тобто H252 і C260; H252 і H263; або C260 і H263). LIM- подібний домен зазначеного білка DA1 може містити мутацію одного або декількох підкреслених залишків AtDA1 LIM- подібного домена, представленого вище, переважно, C232, C235, H252, C260, H263, C271, C274, C294 і/або C297 послідовності AtDA1 згідно з SEQ ID NO: 8, або еквівалентних залишків цистеїну в послідовності іншого білка DA1. Наприклад, білок DA1 з порушенням LIM може містити заміни С на У, С на G або інші заміни в одному або декількох з даних положень.

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

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

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

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

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

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

Експресія білка DA1 з порушенням LIM в одній або декількох клітинах рослини зменшує активність DA1 у клітинах і підсилює ознаки рослини, пов'язані з врожайністю, такі як розмір насіння або органів (див., наприклад, публікації Li et al (2008); WO2009/047525; Wang et al 2012), за допомогою цього збільшуючи врожайність рослин. Рослина, експресуюча білок DA1 з порушенням LIM, може характеризуватися фенотипом da1-i або фенотипом, подібним da1-1.

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Фахівці в даній області техніки можуть конструювати вектори та розробити протоколи для експресії рекомбінантних генів, наприклад, у клітині мікроорганізмів або рослин. Можна вибрати або конструювати підходящі вектори, що містять відповідні регуляторні послідовності, включаючи послідовності промотору, термінуючі фрагменти, послідовності поліаденілювання, послідовності енхансера, гени-маркери та інші послідовності, при необхідності. Докладні вказівки див., наприклад, у керівництвах *Molecular Cloning: a Laboratory Manual: 3rd edition*, Sambrook et al, 2001, Cold Spring Harbor Laboratory Press і *Protocols in Molecular Biology*, Second

Edition, Ausubel et al. eds. John Wiley & Sons, 1992. Конкретні процедури та вектори, які раніше з великим успіхом використовували в рослин, описані у публікаціях Bevan, Nuc1. Acids Res. (1984) 12, 8711-8721), і Guerinneau and Mullineaux, (1993) Plant transformation and expression vectors. In: Plant Molecular Biology Labfax (Croy RRD ed) (Croy RRD ed) Oxford, BIOS Scientific Publishers, pp 121-148.

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

Переважно застосування конструкції та способу трансформації, які підсилюють експресію нуклеїнової кислоти, що кодує білок DA1 з порушенням LIM- або LIM- подібним доменом. Інтеграція однієї копії гена в геном клітини рослини може бути корисною для мінімізації ефектів придушення експресії гена. Аналогічно, щодо цього може бути корисним контроль повноти інтеграції. Особливий інтерес у цьому зв'язку являє собою трансформація клітин рослин із застосуванням мінімальної конструкції експресії гена згідно з, наприклад, європейським патентом № EPI407000B1, включеним в дану заявку за допомогою посилання з даною метою.

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

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

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

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

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

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

для даного винаходу або не є обмежуючим даний винахід, як і вибір методики для регенерації рослини.

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

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

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

Методики мутагенезу, інактивації або нокауту цільових генів добре відомі в даній області техніки (див., наприклад, керівництва *In Vitro Mutagenesis Protocols*; *Methods in Molecular Biology* (2nd edition) Ed Jeff Braman; Sambrook J et al. 2012. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual* (4th Edition) CSH Press; *Current Protocols in Molecular Biology*; Ed Ausubel et al (2013) Wiley). Відповідно до деяких варіантів реалізації даного винаходу мутації в цільову послідовність, що кодує DA1, можна ввести із застосуванням методик геномного редагування, наприклад, методик на основі нуклеази, що направляє PHK, така як методика на основі CRISPR (clustered regularly interspaced short palindromic repeats – короткі паліндромні повтори, регулярно розташовані групами), методик на основі нуклеаз "цинкових пальців" (zinc-finger nucleases, ZFN) і ефекторних нуклеаз, подібних до активаторів транскрипції (transactivator-like effector nucleases, TALEN) (Urnov, F.D. et al *Nature reviews. Genetics* 11, 636-646 (2010); Joung, J.K. et al. *Nature reviews. Molecular cell biology* 14, 49-55 (2013); Gasiunas, G. et al *PNAS USA* 109, E2579-2586 (2012); Cong, L. et al. *Science* 339, 819-823 (2013)).

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

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

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

Ефект домінантно-негативних алелей DA1 на пов'язані з врожайністю ознаки рослин є посиленням у рослин, які є дефіцитними за експресією або активністю EOD1 (Li et al (2008), WO2009/047525).

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

Білки EOD1 являють собою убіквітин-лігази E3 рослин (Disch et al. (2006), Li et al (2008), WO2009/047525). Білки EOD1 містять домен EOD. Домен EOD рослин може складатися з амінокислотної послідовності SEQ ID NO: 37:

(E/K)RCVICQ(L/M)(K/R/G/T/E)Y(K/R)(M)(G/K)(D/N/E)(R/O/K/L)Q(V/M/V)(K/N/T/A)L(L/P)C(K/S)H(V/A)YH(S/T/G/A)(E/Q/D/S/G)C(I/G/T/V)(S/T)(K/R)WL(G/T/S)INK(V/I/A/K)CP(V/I)C(SEQ ID NO: 37)

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

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

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

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

Білок EOD, що являє собою варіант будь-якої з SEQ ID NO: 38-53, може додатково містити домен EOD, що містить послідовність SEQ ID NO: 37. Приклади підходящих послідовностей викладені вище.

Нуклеїнова кислота, яка кодує білок EOD1, може містити нуклеотидну послідовність, викладену в записі бази даних, яку вибирають з групи, що включає XM_002299911.1 GI:224059639 (PtEOD1); XM_002531864.1 GI:255582235 (RcEOD1); XM_002279758.2 GI:359487285 (VvEOD1); XM_003542806.1 GI:356548934 (GmEOD1a); XM_003540482.1 GI:356544175 (GmEOD1b); XM_002468372.1 GI:242042044 (SbEOD1); NM_001147247.1 GI:226496788 (ZmEOD1); або NP_001030922.1 GI:79316205 (AtEOD1; At3g63530), або може являти собою варіант однієї з даних послідовностей.

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

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

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

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

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

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

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

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

Білки DA1 з порушеним LIM можна експресувати, як описано в даній заявці, у будь-якому виді рослин. Приклади рослин, що підходять для застосування відповідно до будь-якого аспекту даного винаходу, описаному в даній заявці, включають однодольні та дводольні вищі рослини, наприклад, сільськогосподарські або культурні рослини, такі як рослини, які вибирають з групи, що включає *Lithospermum erythrorhizon*, *Taxus* spp, тютюн, гарбуз, моркву, овочеву культуру

роду Капуста, диню, перець однолітній, виноград, салат, полуницю, олійну культуру роду Капуста, цукровий буряк, пшеницю, ячмінь, маїс, рис, сою, горох, сорго, соняшник, помідор, картоплю, перець, хризантему, гвоздику, льон, коноплі та жито.

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

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

Експерименти

1. Методи

1.1 Аналіз коїмунопреципітації

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

У колбу, яка містить 10 мл середовища LB з відповідними антибіотиками, інокулювали штам BL21 з відповідною експресуючою конструкцією у вихідному розчині гліцеролу та залишали вирощувати протягом ночі при температурі 37 °C і при 220 об./хв. На наступний ранок 10 мл прекультури використовували для інокуляції в колбу, яка містить LB об'ємом 100 мл (у співвідношенні 1:100), і дану культуру інкубували при температурі 37 °C протягом двох годин при 220 об./хв. Колбу виймали з інкубатора, додавали IPTG (ізопропілтіоґалактозид, Melford MB 1008) до кінцевої концентрації 1 мМ, після чого інкубували культуру при температурі 28 °C (і 220 об./хв.) протягом ще трьох годин.

Після даної фази росту культури центрифугували при 4500g протягом 10 хвилин, супернатанти відкидали, і осад ресуспендували при температурі 4 °C в 2,5 мл буфера TGH (50 мМ HEPES (pH 7,5), 150 мМ NaCl, 1 % Triton-X-100, 10 % гліцерол, 1 мМ DTT (дитіотреїтол), 1 таблетка повного інгібітора протеази, який не містить EDTA (complete EDTA-free protease inhibitor, на 50 мл, Roche 11873580001)). Потім бактеріальну суспензію обробляли ультразвуком (на льоді) протягом чотирьох циклів тривалістю по десять секунд, розділених інтервалами по 20 секунд, після чого центрифугували при 12000 g протягом 20 хвилин, щоб осадити весь

клітинний дебрис. Виділені зразки після обробки ультразвуком зберігали на льоді, поки не була приготовлена 50 % суспензія промитих гранул глутатіон-сефарози (GE Life Sciences 17-0756-01) відповідно до інструкцій виробника. Потім 20 мкл 50 % суспензії глутатіон-сефарози поєднували з 2,5 мл екстракту білка із клітин, експресуючих білок-приманку (мічений GST), і з 2,5 мл екстракту білка із клітин, експресуючих білок-здобич (мічений HA-/FLAG-/HIS). Дану суміш інкубували протягом 30 хвилин при температурі 4 °C на обертовому столі, після чого гранули глутатіон-сефарози промивали п'ять разів надлишком (500 мкл) буфера TGH (відповідно до інструкцій виробника). Після промивання білки елюювали 35 мкл буфера для елюювання GST (50 mM TRIS-гліцин (pH 8,0), 10 mM відновленого глутатіону) протягом більше 30 хвилин при температурі 4 °C з наступним аналізом методом вестерн-блоттингу.

1.2 Вестерн-блоттинг

20 %, 12 % або 4-20 % заздалегідь приготовлені SDS-поліакриламідні гелі (RunBlue NXG02012, NXG01227, NXG42027) занурювали у буфер для аналізу RunBlue SDS-TRIS-трицин (RunBlue NXB0500) у резервуарах для гелю (Atto Japan AE6450). Зразки змішували з 2x буфером для зразка Лемлі (Bio-Rad Ltd 161-0737), що поміщали в термоблок при температурі 96 °C протягом 10 хвилин, а потім наносили у промиті лунки в гелі в аликвотах по 10 мкл або 20 мкл. Гелі аналізували при 160 В протягом 60 хвилин разом з аликвотою попередньо пофарбованої "драбинки" маркерів молекулярної маси PageRuler Plus Prestained Protein Ladder, від 10 до 250 кДа (Fermentas 26619) об'ємом 3 мкл. При необхідності, на даній стадії гелі офарблювали.

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

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

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

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

1.3 Визначення розміру насіння

Площу насіння використовували як репрезентативний показник розміру насіння. Насіння розкидали в чашці Петри та сканували проти білого фону із застосуванням настільного сканера (Hewlett Packard ScanJet 4370) при високій роздільній здатності (<3600 точок на дюйм). Зображення зберігали у вигляді чорно-білих зображень розміром 8 біт, і аналіз зображень проводили із застосуванням програмного забезпечення Image. Відкривали програму Image і встановлювали поріг (Ctrl+Shift+T) так, щоб все насіння було повністю червоним, потім вибирали все насіння за допомогою інструмента "прямокутного вибору" і вибирали варіант аналізу (Analyze > Analyze Particles). У діалоговому вікні встановлювали розмір порога, щоб виключити з аналізу менші (відмінні від насіння) структури та великі структури, такі як агрегати

насіння. Довжину та ширину насіння розраховували за допомогою підгонки овалу до кожного насіння (Analyze > Set measurements > Fit ellipse). При виборі даного варіанта аналіз видає "Більше" і "Менше" значення, що відповідає довжині та ширині овалу, представляючи найбільш довгу та найбільш широку частини насіння. [J1]

5 2. Результати

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

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

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

Для одержання мутанта DAllim84 ключові амінокислоти, які координують цинк (C172, C175, C199 і C202), перетворювали в гліцин. Згідно з прогнозом, дані мутації усувають мотив "цинкового пальця", що утворюється в результаті координації Zn ділянками залишків цистеїну (C).

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

Дані експерименти з коімунопреципітації in vitro продемонстрували, що DAllim8 здатний сполучатись з білком DA1 дикого типу (фігура 3), і що фенотип розміру насіння lim8 у раси Col еквівалентний такому для da1-l (фігура 4).

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

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

Внаслідок цього LIM-подібний домен являє собою другий "цинковий палець", який містить LIM-домени у межах білка DA1.

Si_GI-514815267.pro	-----	
Bd_GI-357157184.pro	-----	
Br_DAlb.pro	-----	
Br_DAla.pro	-----	
At_GI-15221983.pro	-----	
Tc_GI-508722773.pro	-----	
Gm_GI-356564241.pro	-----	
Gm_GI-356552145.pro	-----	
Vv_GI-302142429.pro	-----	
Vv_GI-359492104.pro	-----	
Sl_GI-460385048.pro	-----	
Os_GI-218197709.pro	-----	
Os_GI-115466772.pro	-----	
Bd_GI-357160893.pro	-----	
Bd_GI-357164660.pro	-----	
Sb_GI-242092232.pro	-----	
Zm_GI-212275448.pro	-----	
At_GI-240256211.pro	-----	
At_GI-145360806.pro	-----	
At_GI-22326876.pro	-----	MEPPAARVTPSIKADCSHVSNIICEETVLHSLVSHLSAALRREGISVFVDACGLQETKFF 60
At_GI-30698242.pro	-----	
At_GI-30698240.pro	-----	
At_GI-15240018.pro	-----	
At_GI-334188680.pro	-----	
Si_GI-514815267.pro	-----	
Bd_GI-357157184.pro	-----	
Br_DAlb.pro	-----	
Br_DAla.pro	-----	
At_GI-15221983.pro	-----	
Tc_GI-508722773.pro	-----	
Gm_GI-356564241.pro	-----	
Gm_GI-356552145.pro	-----	
Vv_GI-302142429.pro	-----	
Vv_GI-359492104.pro	-----	
Sl_GI-460385048.pro	-----	
Os_GI-218197709.pro	-----	
Os_GI-115466772.pro	-----	
Bd_GI-357160893.pro	-----	
Bd_GI-357164660.pro	-----	
Sb_GI-242092232.pro	-----	
Zm_GI-212275448.pro	-----	
At_GI-240256211.pro	-----	
At_GI-145360806.pro	-----	
At_GI-22326876.pro	-----	SIKQNPPLTDGARVLVVVISDEVEFYDPWFPKFLKVIQGWQNGHVVPVFGVDSLTRV 120
At_GI-30698242.pro	-----	
At_GI-30698240.pro	-----	
At_GI-15240018.pro	-----	
At_GI-334188680.pro	-----	
Si_GI-514815267.pro	-----	
Bd_GI-357157184.pro	-----	
Br_DAlb.pro	-----	
Br_DAla.pro	-----	
At_GI-15221983.pro	-----	
Tc_GI-508722773.pro	-----	
Gm_GI-356564241.pro	-----	
Gm_GI-356552145.pro	-----	
Vv_GI-302142429.pro	-----	
Vv_GI-359492104.pro	-----	
Sl_GI-460385048.pro	-----	
Os_GI-218197709.pro	-----	
Os_GI-115466772.pro	-----	
Bd_GI-357160893.pro	-----	
Bd_GI-357164660.pro	-----	
Sb_GI-242092232.pro	-----	
Zm_GI-212275448.pro	-----	
At_GI-240256211.pro	-----	
At_GI-145360806.pro	-----	
At_GI-22326876.pro	-----	YGWANSWLEAEKLTSHQSKILSNNVLTDSSELVEEIVRDVYGKLYPAERVGIIYARLLEIEK 180
At_GI-30698242.pro	-----	
At_GI-30698240.pro	-----	

At_GI-15240018.pro	-----	
At_GI-334188680.pro	-----	
Si_GI-514815267.pro	-----	
Bd_GI-357157184.pro	-----	
Br_DAlb.pro	-----	
Br_DAla.pro	-----	
At_GI-15221983.pro	-----	
Tc_GI-508722773.pro	-----	
Gm_GI-356564241.pro	-----	
Gm_GI-356552145.pro	-----	
Vv_GI-302142429.pro	-----	
Vv_GI-359492104.pro	-----	
Sl_GI-460385048.pro	-----	
Os_GI-218197709.pro	-----	
Os_GI-115466772.pro	-----	
Bd_GI-357160893.pro	-----	
Bd_GI-357164660.pro	-----	
Sb_GI-242092232.pro	-----	
Zm_GI-212275448.pro	-----	
At_GI-240256211.pro	-----	
At_GI-145360806.pro	-----	
At_GI-22326876.pro	-----	LLYKQHRDIRSIGIWGMPGIGKTTLAKAVFNHMSTDYDASCFIENFDEAFHKEGLHRLK 240
At_GI-30698242.pro	-----	
At_GI-30698240.pro	-----	
At_GI-15240018.pro	-----	
At_GI-334188680.pro	-----	
Si_GI-514815267.pro	-----	
Bd_GI-357157184.pro	-----	
Br_DAlb.pro	-----	
Br_DAla.pro	-----	
At_GI-15221983.pro	-----	
Tc_GI-508722773.pro	-----	
Gm_GI-356564241.pro	-----	
Gm_GI-356552145.pro	-----	
Vv_GI-302142429.pro	-----	
Vv_GI-359492104.pro	-----	
Sl_GI-460385048.pro	-----	
Os_GI-218197709.pro	-----	
Os_GI-115466772.pro	-----	
Bd_GI-357160893.pro	-----	
Bd_GI-357164660.pro	-----	
Sb_GI-242092232.pro	-----	
Zm_GI-212275448.pro	-----	
At_GI-240256211.pro	-----	
At_GI-145360806.pro	-----	
At_GI-22326876.pro	-----	ERIGKILKDEFDIESSYIMRPTLHRDKLYDKRILVVLDDVRDSLAAESFLKRLDWFGSGS 300
At_GI-30698242.pro	-----	
At_GI-30698240.pro	-----	
At_GI-15240018.pro	-----	
At_GI-334188680.pro	-----	

```

Si_GI-514815267.pro -----
Bd_GI-357157184.pro -----
Br_DAlb.pro -----
Br_DAla.pro -----
At_GI-15221983.pro -----
Tc_GI-508722773.pro -----
Gm_GI-356564241.pro -----
Gm_GI-356552145.pro -----
Vv_GI-302142429.pro -----
Vv_GI-359492104.pro -----
Sl_GI-460385048.pro -----
Os_GI-218197709.pro -----
Os_GI-115466772.pro -----
Bd_GI-357160893.pro -----
Bd_GI-357164660.pro -----
Sb_GI-242092232.pro -----
Zm_GI-212275448.pro -----
At_GI-240256211.pro -----
At_GI-145360806.pro -----
At_GI-22326876.pro -----
At_GI-30698242.pro -----
At_GI-30698240.pro -----

```

At_GI-15240018.pro
At_GI-334188680.pro

Si_GI-514815267.pro	-----
Bd_GI-357157184.pro	-----
Br_DAlb.pro	-----
Br_DAla.pro	-----
At_GI-15221983.pro	-----
Tc_GI-508722773.pro	-----
Gm_GI-356564241.pro	-----
Gm_GI-356552145.pro	-----
Vv_GI-302142429.pro	-----
Vv_GI-359492104.pro	-----
Sl_GI-460385048.pro	-----
Os_GI-218197709.pro	-----
Os_GI-115466772.pro	-----
Bd_GI-357160893.pro	-----
Bd_GI-357164660.pro	-----
Sb_GI-242092232.pro	-----
Zm_GI-212275448.pro	-----
At_GI-240256211.pro	-----
At_GI-145360806.pro	-----
At_GI-22326876.pro	NGNPLALSIYGRELMGKKSEMETAFELKHCPLKIQDVLKNAYSALS DNEKNIVLDIAF 420
At_GI-30698242.pro	-----
At_GI-30698240.pro	-----
At_GI-15240018.pro	-----
At_GI-334188680.pro	-----

Si_GI-514815267.pro	-----	
Bd_GI-357157184.pro	-----	
Br_DAlb.pro	-----	
Br_DAla.pro	-----	
At_GI-15221983.pro	-----	
Tc_GI-508722773.pro	-----	
Gm_GI-356564241.pro	-----	
Gm_GI-356552145.pro	-----	
Vv_GI-302142429.pro	-----	
Vv_GI-359492104.pro	-----	
Sl_GI-460385048.pro	-----	
Os_GI-218197709.pro	-----	
Os_GI-115466772.pro	-----	
Bd_GI-357160893.pro	-----	
Bd_GI-357164660.pro	-----	
Sb_GI-242092232.pro	-----	
Zm_GI-212275448.pro	-----	
At_GI-240256211.pro	-----	
At_GI-145360806.pro	-----	
At_GI-22326876.pro	FFKGETVNYVMQLEESHYFPRLAIDLVLVDKCVLTISENTVQMNLIQDTCQEIFNGEIE	480
At_GI-30698242.pro	-----	
At_GI-30698240.pro	-----	
At_GI-15240018.pro	-----	
At_GI-334188680.pro	-----	

Si_GI-514815267.pro	-----	
Bd_GI-357157184.pro	-----	
Br_DAlb.pro	-----	
Br_DAla.pro	-----	
At_GI-15221983.pro	-----	
Tc_GI-508722773.pro	-----	
Gm_GI-356564241.pro	-----	
Gm_GI-356552145.pro	-----	
Vv_GI-302142429.pro	-----	
Vv_GI-359492104.pro	-----	
Sl_GI-460385048.pro	-----	
Os_GI-218197709.pro	-----	
Os_GI-115466772.pro	-----	
Bd_GI-357160893.pro	-----	
Bd_GI-357164660.pro	-----	
Sb_GI-242092232.pro	-----	
Zm_GI-212275448.pro	-----	
At_GI-240256211.pro	-----	
At_GI-145360806.pro	-----	
At_GI-22326876.pro	TCTRMWEPSRIRYLLLEYDELEGSGETKAMPKSGLVAEHIESIFLDTSNVKFDVKHDAFKN	540
At_GI-30698242.pro	-----	
At_GI-30698240.pro	-----	

At_GI-15240018.pro
At_GI-334188680.pro

Si_GI-514815267.pro
Bd_GI-357157184.pro
Br_DAlb.pro
Br_DAla.pro
At_GI-15221983.pro
Tc_GI-508722773.pro
Gm_GI-356564241.pro
Gm_GI-356552145.pro
Vv_GI-302142429.pro
Vv_GI-359492104.pro
Sl_GI-460385048.pro
Os_GI-218197709.pro
Os_GI-115466772.pro
Bd_GI-357160893.pro
Bd_GI-357164660.pro
Sb_GI-242092232.pro
Zm_GI-212275448.pro
At_GI-240256211.pro
At_GI-145360806.pro
At_GI-22326876.pro
At_GI-30698242.pro
At_GI-30698240.pro
At_GI-15240018.pro
At_GI-334188680.pro

MFNLKFLKIYNCSKYISGLNFPKGLDSLPLYELRLHWHENYPLQSLPQDFDFGHLVKLSM 600

Si_GI-514815267.pro
Bd_GI-357157184.pro
Br_DAlb.pro
Br_DAla.pro
At_GI-15221983.pro
Tc_GI-508722773.pro
Gm_GI-356564241.pro
Gm_GI-356552145.pro
Vv_GI-302142429.pro
Vv_GI-359492104.pro
Sl_GI-460385048.pro
Os_GI-218197709.pro
Os_GI-115466772.pro
Bd_GI-357160893.pro
Bd_GI-357164660.pro
Sb_GI-242092232.pro
Zm_GI-212275448.pro
At_GI-240256211.pro
At_GI-145360806.pro
At_GI-22326876.pro
At_GI-30698242.pro
At_GI-30698240.pro
At_GI-15240018.pro
At_GI-334188680.pro

PYSQLHKLGTTRVKDLVMLKRLILSHSLQLVECDILIYAQNIELIDLGCTGLQRFPDTSQ 660

Si_GI-514815267.pro	-----	
Bd_GI-357157184.pro	-----	
Br_DAlb.pro	-----	
Br_DAla.pro	-----	
At_GI-15221983.pro	-----	
Tc_GI-508722773.pro	-----	
Gm_GI-356564241.pro	-----	
Gm_GI-356552145.pro	-----	
Vv_GI-302142429.pro	-----	
Vv_GI-359492104.pro	-----	
Sl_GI-460385048.pro	-----	
Os_GI-218197709.pro	-----	MGDRP 5
Os_GI-115466772.pro	-----	
Bd_GI-357160893.pro	-----	
Bd_GI-357164660.pro	-----	
Sb_GI-242092232.pro	-----	
Zm_GI-212275448.pro	-----	
At_GI-240256211.pro	-----	
At_GI-145360806.pro	-----	
At_GI-22326876.pro	LQNLRVVNLSGCTEIKCFSGVPPNIEELHMQGTRIREIPIFNATHPPKVKLDRKKLWNLL	720
At_GI-30698242.pro	-----	
At_GI-30698240.pro	-----	
At_GI-15240018.pro	-----	
At_GI-334188680.pro	-----	
Si_GI-514815267.pro	-----	
Bd_GI-357157184.pro	-----	
Br_DAlb.pro	-----	
Br_DAla.pro	-----	
At_GI-15221983.pro	-----	
Tc_GI-508722773.pro	-----	
Gm_GI-356564241.pro	-----	
Gm_GI-356552145.pro	-----	
Vv_GI-302142429.pro	-----	
Vv_GI-359492104.pro	-----	
Sl_GI-460385048.pro	-----	
Os_GI-218197709.pro	DMGAGVALRFSHNDWTLEEDSKALHFLQPDVLVFTGDYGNENVQLVKSISDLQLPKAAIL	65
Os_GI-115466772.pro	-----	
Bd_GI-357160893.pro	-----	
Bd_GI-357164660.pro	-----	
Sb_GI-242092232.pro	-----	
Zm_GI-212275448.pro	-----	
At_GI-240256211.pro	-----	
At_GI-145360806.pro	-----	
At_GI-22326876.pro	ENFSDVEHIDLECVTNLATVTSNNHVMGKLVCLNMKYCSNLRGLPDMVSLESLSKVLVLSG	780
At_GI-30698242.pro	-----	
At_GI-30698240.pro	-----	
At_GI-15240018.pro	-----	
At_GI-334188680.pro	-----	

Si_GI-514815267.pro	-----	
Bd_GI-357157184.pro	-----	
Br_DAlb.pro	-----	
Br_DAla.pro	-----	
At_GI-15221983.pro	-----	
Tc_GI-508722773.pro	-----	
Gm_GI-356564241.pro	-----	
Gm_GI-356552145.pro	-----	
Vv_GI-302142429.pro	-----	
Vv_GI-359492104.pro	-----	
Sl_GI-460385048.pro	-----	
Os_GI-218197709.pro	GNHDCWHTYQFSEKKVDRVQLQLESLEGEQHVGYKCLDFPTIKLSVVGGRPFSCGGNRIFR	125
Os_GI-115466772.pro	-----	
Bd_GI-357160893.pro	-----	
Bd_GI-357164660.pro	-----	
Sb_GI-242092232.pro	-----	
Zm_GI-212275448.pro	-----	
At_GI-240256211.pro	-----	
At_GI-145360806.pro	-----	
At_GI-22326876.pro	CSELEKIMGFPRNLKKLYVGGTAIRELPQLPNSLEFLNAHGCKHLKSINLDFEQLPRHFI	840
At_GI-30698242.pro	-----	
At_GI-30698240.pro	-----	
At_GI-15240018.pro	-----	
At_GI-334188680.pro	-----	
Si_GI-514815267.pro	-----	
Bd_GI-357157184.pro	-----	
Br_DAlb.pro	-----	
Br_DAla.pro	-----	
At_GI-15221983.pro	-----	
Tc_GI-508722773.pro	-----	
Gm_GI-356564241.pro	-----	
Gm_GI-356552145.pro	-----	
Vv_GI-302142429.pro	-----	
Vv_GI-359492104.pro	-----	
Sl_GI-460385048.pro	-----	
Os_GI-218197709.pro	PKLLSKWYGVNDMAESAKRIYDAATNAPKEHAVILLAHNGPTGLGSRMEDICGRDWWAGG	185
Os_GI-115466772.pro	-----	
Bd_GI-357160893.pro	-----	
Bd_GI-357164660.pro	-----	
Sb_GI-242092232.pro	-----	
Zm_GI-212275448.pro	-----	
At_GI-240256211.pro	-----	
At_GI-145360806.pro	-----	
At_GI-22326876.pro	FSNCYRFSSQVIAEFVEKGLVASLARAKQEELIKAPEVIICIPMDTRQRSSFRLQAGRNA	900
At_GI-30698242.pro	-----	
At_GI-30698240.pro	-----MPISDVASLVGGAALGAPLSE	21

At_GI-15240018.pro	-----MASDYSSDDEGFGEKVGLIG	21
At_GI-334188680.pro	-----MWCLSCFKPSTKHDP	15
Si_GI-514815267.pro	-----	
Bd_GI-357157184.pro	-----	
Br_Dalb.pro	-----	
Br_Dala.pro	-----	
At_GI-15221983.pro	-----	
Tc_GI-508722773.pro	-----	
Gm_GI-356564241.pro	-----	
Gm_GI-356552145.pro	-----	
Vv_GI-302142429.pro	-----	
Vv_GI-359492104.pro	-----	
Sl_GI-460385048.pro	-----	
Os_GI-218197709.pro	GDHGDLPDLEQAISDLQRETGVSIPLVVF GHMHKSLAYGRGLRKMIAFGANRTIYLN GAVV	245
Os_GI-115466772.pro	-----	
Bd_GI-357160893.pro	-----	
Bd_GI-357164660.pro	-----	
Sb_GI-242092232.pro	-----	
Zm_GI-212275448.pro	-----	
At_GI-240256211.pro	-----	
At_GI-145360806.pro	-----	
At_GI-22326876.pro	MTDLVPWMQKPISGFSMSVVVSFQDDYHNDVGLRIRC VGTWKTWNNQPDRIVERFFQCWA	960
At_GI-30698242.pro	-----	
At_GI-30698240.pro	IFKLVIEEAKKVKDFKP-----L	39
At_GI-15240018.pro	EKDRFEAETIHVIEVSQ-----H	39
At_GI-334188680.pro	SEDRFEEETNIVTGIS-----	31
Si_GI-514815267.pro	-----	
Bd_GI-357157184.pro	-----	
Br_Dalb.pro	-----	
Br_Dala.pro	-----	
At_GI-15221983.pro	-----	
Tc_GI-508722773.pro	-----	
Gm_GI-356564241.pro	-----	
Gm_GI-356552145.pro	-----	
Vv_GI-302142429.pro	-----	
Vv_GI-359492104.pro	-----	
Sl_GI-460385048.pro	-----	
Os_GI-218197709.pro	PRVNHAQSSRQPAISTSEKTGLEGLTGLMVPTSRAFTIVDLFEGAVEKISEVWVTVGDAR	305
Os_GI-115466772.pro	-----	
Bd_GI-357160893.pro	-----	
Bd_GI-357164660.pro	-----	
Sb_GI-242092232.pro	-----	
Zm_GI-212275448.pro	-----	
At_GI-240256211.pro	-----	
At_GI-145360806.pro	-----MDSSSSSSSSPSSSYGVARVS	22
At_GI-22326876.pro	PTEAPKVVDHIFVLYDTKMHPDSEENHISMWAHEVKFEFHTVSGENNPLGASCKVTEC	1020
At_GI-30698242.pro	-----	
At_GI-30698240.pro	SQDLASTMERLVPINFNEIDMMQCGSNRGTSSELKVL TETMERAGEMVHKCSRIQWYSIAKK	99
At_GI-15240018.pro	EADIQKAKQRLATHEAEKLDLATHEAEQLDLAIQEF SRQEEEEERRRTRELENDQIAN	99
At_GI-334188680.pro	-----LYEDVILRQRSEADQIEWAIQDSFNPQE---TSRCRQREDDQIAR	75

Si_GI-514815267.pro	-----MGWLSKIFKGSVN-RVSRGHYNGNSHE----	GYS	29
Bd_GI-357157184.pro	-----MGWLNKIFKGSVN-RVSRGNYDGNWHD----	GNS	29
Br_DAlb.pro	-----MGWLNKIFKGSNQ-RHPLGNEHYHHNGGYENYP		33
Br_DAla.pro	-----MGWFNKIFKGSTQ-RFRLGNDHDHN--GYYSYP		31
At_GI-15221983.pro	-----MGWFNKIFKGSNQ-RLRVGNKHNHN-VYYDNYP		32
Tc_GI-508722773.pro	-----MDWIKKIFKGCAN-KFSEG---HHHG----	NYV	25
Gm_GI-356564241.pro	-----MGWLSRIFKGSNDHKLSEGHYYKEDA----	GY	29
Gm_GI-356552145.pro	-----MGWLSRIFKGSNDHKLSEGHYYKEDA----	GY	29
Vv_GI-302142429.pro	-----MGWLNKIFKGSSH-KISEGNYHGRYQ----	GDT	28
Vv_GI-359492104.pro	-----MGWLNKIFKGSSH-KISEGNYHGRYQ----	GDT	28
Sl_GI-460385048.pro	-----MGWLNKIFRGSSH-KISEGQYDWRCE----	GHT	28
Os_GI-218197709.pro	TELEQELVLYKQPHKSVPSNIAIWSTMGWLTKFFRGSTH-KISEGQYHSPAEETIWNGP		364
Os_GI-115466772.pro	-----MGWLTKFFRGSTH-KISEGQYHSPAEETIWNGP		33
Bd_GI-357160893.pro	-----MGWLTKIFRGSTY-KISEGQYHSPAEETIWNGP		33
Bd_GI-357164660.pro	-----MGWLTKFFRGSTH-NISEGQYHSPAEETIWNGP		33
Sb_GI-242092232.pro	-----MGWLTKFFRGSTH-NISEGQYHSPAEETIWNGP		33
Zm_GI-212275448.pro	-----MGWLTKFFRGSTH-NISEGQYHSPAEETIWNGP		33
At_GI-240256211.pro	-----MGWLTKILKGSSH-KFSDGQCNGRYREDNRLEGP		33
At_GI-145360806.pro	HISNPCIFGEVGSSTYRDKKWKLKWSKLFKSGSNGGGGSAHTNHHPPQFQEDENM		82
At_GI-22326876.pro	GVEVITAATGDTSVSGIIRESETITIEKEDTIIDEEDTPLLRSKPEETNRSRSSLQK		1080
At_GI-30698242.pro	-----		
At_GI-30698240.pro	ALYTREIKA--INQDFLKFCQIELQLIQRNLQYMRSMGMASVSTKADLLSDIGNEFSK		157
At_GI-15240018.pro	VLQHEERE-----RLINKKTALEDEDELLARTLEESLKENRRKMFEEQVKNDEQ		150
At_GI-334188680.pro	GLQYVEET-----ELDKSVVDEED-----QQ		96
Si_GI-514815267.pro	TQHTKSY-----		36
Bd_GI-357157184.pro	SENIR-----		34
Br_DAlb.pro	-HEHS-----EPSAETDA-----DHT		48
Br_DAla.pro	-HDEPSADTDPDPDPDE-----THT		52
At_GI-15221983.pro	TASHDDEPSAADTDADNDP-----HHT		55
Tc_GI-508722773.pro	EDPHP-----QF		32
Gm_GI-356564241.pro	LPSTS-----		34
Gm_GI-356552145.pro	LPSTS-----		34
Vv_GI-302142429.pro	VQNEP-----		33
Vv_GI-359492104.pro	VQNEP-----		33
Sl_GI-460385048.pro	EEDDP-----		33
Os_GI-218197709.pro	SNSAVVTMVYPLESTFGQLDLLLATDLRQLVIDDVDCCKLRQQAQPVHLMYSQQLLQ		424
Os_GI-115466772.pro	SNSAVVT-----		40
Bd_GI-357160893.pro	SSSTVVT-----		40
Bd_GI-357164660.pro	SSSTAVN-----		40
Sb_GI-242092232.pro	SSSPVVT-----		40
Zm_GI-212275448.pro	SSSPVVT-----		40
At_GI-240256211.pro	RYSAGSDFDKEEIECAIALSLS-----EQEHVIPQDDKGGKII		73
At_GI-145360806.pro	VFPLPPS-----		89
At_GI-22326876.pro	LSSTSSKVRSGNVFWKWLGCFF-----LQPKNLSRSRRTTALEEA		1122
At_GI-30698242.pro	-----		
At_GI-30698240.pro	LCLVAQPEVVTKFWLKRPLMELKKMLFEDGV-----VTVVVSAPYALGKTTLVTK		207
At_GI-15240018.pro	LALIVQESLNMEEYPIR-LEEYK-----SISRRAPLDVDEQ-FAKA		189
At_GI-334188680.pro	LSKIVEESLKE-----		107

```

Si_GI-514815267.pro -----GAHGNEDE-----DMDRAIALSLSEQDQRKGKAITTEHLLD--ED 74
Bd_GI-357157184.pro -----GAYDESDNE-----DIDRAIALSLAEEDPNKGKAIIDPDYS----- 70
Br_DAlb.pro -----QEPSTSEETWNGKENE-----EVDRAIALSILEE-ENQRPETNTG----- 88
Br_DAla.pro -----QEPSTSEEDTS-GQENE-----DIDRAIALSLIENSQQTNNNTCAAN----- 93
At_GI-15221983.pro -----QEPSTSEDNTSNDQENE-----DIDRAIALSLLEE--NQEQTSISG----- 94
Tc_GI-508722773.pro -----NAPSVS-GDAWQELNE-----DVDRAIALSLLGE--SQKGRKVID----- 70
Gm_GI-356564241.pro -----GVTN-----NQNE-----DIDRAIALSLVEESRRANNVNGER----- 69
Gm_GI-356552145.pro -----GVTNDAWNQSQNQNE-----DIDRAIALSLVEETQKANNNVN----- 73
Vv_GI-302142429.pro -----SCSGDVWAETENE-----DIDRAIALSLSEE--EQKGKKVID----- 68
Vv_GI-359492104.pro -----SCSGDVWAETENE-----DIDRAIALSLSEE--EQKGKKVIDE----- 69
Sl_GI-460385048.pro -----STAEDSWSEIE-----EIDRAIALSLSEE--EQKGKIVID----- 66
Os_GI-218197709.pro -----TSHAHQHGDVPSEFDNE-----DIARAISSLLEEEQRKAKAIEKD----- 465
Os_GI-115466772.pro -----DVPSEFDNE-----DIARAISSLLEEEQRKAKAIEKD----- 73
Bd_GI-357160893.pro -----DVLSEFDNE-----DIDRAIALSLSEE-QRKSkgTGkd----- 72
Bd_GI-357164660.pro -----YALSEFDNE-----DIDRAIALSLSEEEQRKSGTGkd----- 73
Sb_GI-242092232.pro -----DIFSEFNNE-----DIDRAIALSLSEEEQRKAKTIDKD----- 73
Zm_GI-212275448.pro -----DILSEFNNE-----DIDRAIALSLSEEEQRKAKIDKD----- 73
At_GI-240256211.pro -----YKSETEDDDDDEDEDEEYMRQAQLEAAEEEEERRVAQAQIEEEEKRRAEQLEETEKLAK 133
At_GI-145360806.pro -----SLDDRSRGARDKE-----ELDRSISLSLADN-TRKPHGYGWS----- 125
At_GI-22326876.pro -----LEEALKEREKLEDTRREL-----QIALIESKKIKKIKQADERDQIKHADER--- 1167
At_GI-30698242.pro -----MVRRRKQEEDEKI-----EIERVKESLKLAKQAEKRRLEESKEQ--- 41
At_GI-30698240.pro -----LCHDADVKEKFKQIFFI-----SVSKFPNVRLIGHKLEHIGCKANEYEN--- 252
At_GI-15240018.pro -----VKESLKNKGKQFEDGE-----QVKKDEQLALIVQESLNMVESPPRLEEN--- 234
At_GI-334188680.pro -----KGKSKQFEDD-----QVENDEQQALMVQESLYMVLSAQLEED--- 145

Si_GI-514815267.pro -----EQLARALQENTSPTLDEDEQLAR-----ALQESMNDHEP 108
Bd_GI-357157184.pro -----LEEDEQLAR-----ALHESLNTGSP 90
Br_DAlb.pro -----AWKHAM-MDDDEQLAR-----AIQESMIARN- 113
Br_DAla.pro -----AGKYAM-VDEDEQLAR-----AIQESMVVGNT 119
At_GI-15221983.pro -----KYSMPVDEDEQLAR-----ALQESMVVGNS 119
Tc_GI-508722773.pro -----DEYQLEEDEQLAR-----ALQESLNFEP 94
Gm_GI-356564241.pro -----ILSLQTLLEEDEQLAR-----AIEQSLNLESP 96
Gm_GI-356552145.pro -----DYRSQLEEDEQLAR-----AIEQSLNLESP 98
Vv_GI-302142429.pro -----NEFQLEEDEQLAR-----AIQESLNIESP 92
Vv_GI-359492104.pro -----L-DNEFQLEEDEQLAR-----AIQESLNIESP 95
Sl_GI-460385048.pro -----SESQKKEDEQLAR-----ALQESLNVESP 90
Os_GI-218197709.pro -----MHLEEDEQLAR-----AIQESLNVESP 487
Os_GI-115466772.pro -----MHLEEDEQLAR-----AIQESLNVESP 95
Bd_GI-357160893.pro -----LHLDEDEQLAR-----AIHESLNVESP 94
Bd_GI-357164660.pro -----QHLDEDEQLAR-----AIQESLNVESP 95
Sb_GI-242092232.pro -----MHLEEDEQLAR-----AIQESLNVESP 95
Zm_GI-212275448.pro -----MHLEEDEQLAR-----AIQESLNVESP 95
At_GI-240256211.pro -----ARLEEEEMRRSKAQLEEDELLAK-----ALQESMNVGSP 167
At_GI-145360806.pro -----MDNNRDFPR-----PFHGGLNPSSF 145
At_GI-22326876.pro -----EQRKHSKDHEEEIEESNEKEERRHSDYVIEELVLKGGKRRQLDDDDKADEKEQ 1221
At_GI-30698242.pro -----GKRIQVDDD-----QLAKTTSKDKGQ 62
At_GI-30698240.pro -----DLDAMLYIQQLLKQLGRNGSILLVLDDV-----WAEESLLQKFL 292

```

At_GI-15240018.pro -----NNISTRAPVDEDEQLAK-----AVEESLKKGKQ 262
 At_GI-334188680.pro -----KNISTIPLNEDAQLQK-----VIWESAKKGKQ 173

Si_GI-514815267.pro PR-----QHIPIEDVHSESAPASSLPPYVFPNGSRVCA 142
 Bd_GI-357157184.pro PH-----QNVPPVVDVPSERVPTREPPPVFLSSGFRA 124
 Br_DAlb.pro ----GTT-----YDFGNAY-----GNGHMHGGGNNVYDNGDIYYPRPIAFSMDFRICA 156
 Br_DAla.pro PRQKHGSS-----YDIGNAYGAGDVYGNHMHGGGNNVYANGDIYYPRPTAFPMDFRICA 173
 At_GI-15221983.pro PRHKS GST-----YDNGNAYGAGDLYGNHMYGGGNNVYANGDIYYPRPITFQMDFRICA 173
 Tc_GI-508722773.pro P-----QYENANMYQMPVHFPMGYRICA 118
 Gm_GI-356564241.pro P-----RYGNENMYQPPIQYFPLG---ICA 118
 Gm_GI-356552145.pro P-----RYGNENMYQPPIQYFPMGSRICA 122
 Vv_GI-302142429.pro PQ-----HGNGN-----GNGNIYQPIFPYSTGFRTCA 120
 Vv_GI-359492104.pro PQ-----HGNGN-----GNGNIYQPIFPYSTGFRTCA 123
 Sl_GI-460385048.pro PQ-----HVS RNDHGGGNNVYGNFYHPVFPFYSASFRVCA 126
 Os_GI-218197709.pro -----PRARENGNANGGNNYQPLPFMFSSGFRTCA 517
 Os_GI-115466772.pro -----PRARENGNANGGNNYQPLPFMFSSGFRTCA 125
 Bd_GI-357160893.pro PCARDNGSPPH---ARDNSSPPHARENSSHPRARENGIANGGNSIQHSFPMFSSGFRTCA 151
 Bd_GI-357164660.pro -----PRAREKSSHPRARENGSANGGNSYQL-PLMFSSGFRTCA 133
 Sb_GI-242092232.pro P-----PSRENGSANGGNAHYHPLPFMFSSGFRTCA 125
 Zm_GI-212275448.pro PRRNGSAN-----GGTMYHPPRETGNAYQPPRENGSANGGNAHYHPLPFMFSSGFRTCA 148
 At_GI-240256211.pro P-----RYDPGNILQPYFPLIPSSHRICV 191
 At_GI-145360806.pro IP-----PYEPSYQYRRRRQRICG 163
 At_GI-22326876.pro IKH-----SKDHVEE-----EVNPPLSKCK 1241
 At_GI-30698242.pro INH-----SKDVVEE-----DVNPPPS-I 80
 At_GI-30698240.pro IQLPDYKILVTSRFETSFSGPTFHLKPLIDDEVECRDEIEENEKLP---EVNPPLSMCG 348
 At_GI-15240018.pro IKQ-----SKDEVEGDGMLL---ELNPPPSLCG 287
 At_GI-334188680.pro IEH-----FKDPVEEDGNLPRVDLNVNHPHSICD 202

Si_GI-514815267.pro GCKTPIGQGRFLSCMDSVWHPQCFCRCYGCDIPISEYEFVAVHE---DHAYHRSCYKERF-H 198
 Bd_GI-357157184.pro GCNNPIGNRFLSCMDSVWHPQCFCRCFACNKPISEYEFAMHE---NQPYHKSCYKDF-H 180
 Br_DAlb.pro GCNMEIGHGRYLNLCLNALWHPQCFCRCYGCSPHISEYEFSTSG---NYPFHKACYKERF-H 212
 Br_DAla.pro GCNMEIGHGRYLNLCLNALWHPCEFCRCYGCSPHISEYEFSTSG---NYPFHKACYKERY-H 229
 At_GI-15221983.pro GCNMEIGHGRFLNLCLNSLWHPCEFCRCYGCSPHISEYEFSTSG---NYPFHKACYKERY-H 229
 Tc_GI-508722773.pro GCNTEIGHGRFLNLCLNAFWHPCEFCRCHACNLPISDYEFMSG---NYRFHKSCYKERY-H 174
 Gm_GI-356564241.pro GCYTEIGGRYLNLCLNAFWHPCEFCRCHACNLPISDYEFMSG---NYPYHKSCYKESY-H 174
 Gm_GI-356552145.pro GCYTEIGGRYLNLCLNAFWHPCEFCRCHACNLPISDYEFMSG---NYPYHKSCYKESY-H 178
 Vv_GI-302142429.pro GCNTEIGHGRFLSCMGAVWHPCEFCRCHGCGYPISDYEFMSG---NYPYHKSCYKEHY-H 176
 Vv_GI-359492104.pro GCNTEIGHGRFLSCMGAVWHPCEFCRCHGCGYPISDYEFMSG---NYPYHKSCYKEHY-H 179
 Sl_GI-460385048.pro GCSTEIGHGRFLSCMGAVWHPCEFCRCHACNLPISDYEFMSG---NYPYHKTCYKERY-H 182
 Os_GI-218197709.pro GCHSEIGHGRFLSCMGAVWHPCEFCRCHACNLPIDYEFMSG---NHPYHKTCYKERY-H 573
 Os_GI-115466772.pro GCHSEIGHGRFLSCMGAVWHPCEFCRCHACNLPIDYEFMSG---NHPYHKTCYKERY-H 181
 Bd_GI-357160893.pro GCHSEIGHGRFLSCMGAVWHPCEFCCHACNSQPIDYEFMSG---NHPYHKTCYKERY-H 207
 Bd_GI-357164660.pro GCHSEIGHGRFLSCMGAVWHPCEFCCHGCSQPIDYEFMSG---NHPYHKTCYKERY-H 189
 Sb_GI-242092232.pro GCHREIGHGRFLSCMGAVWHPCEFCRCHACNSQPIDYEFMSG---NHPYHKTCYKEQF-H 181
 Zm_GI-212275448.pro GCHREIGHGRFLSCMGAVWHPCEFCRCHACNSQPIDYEFMSG---NHPYHKTCYKEQF-H 204
 At_GI-240256211.pro GCQAEIGHGRFLSCMGVWHPCEFCNACDKPIIDYEFMSG---NRPYHKLKYEQH-H 247
 At_GI-145360806.pro GCNSDIGSGNYLGCMTFFHPEFCRCHSCGYAITHEHFSLSG---TKPYHKLKYELT-H 219
 At_GI-22326876.pro DCKSAIEDGISINAYGSVWHPQCFCCLRCREPIAMNEISDLR---GMYHKPCYKELR-H 1296
 At_GI-30698242.pro DGKSEIGDGTSVN-----PRCLCCFHCHRPVFMHEILKK---GKFHIDCYKEYYRN 128
 At_GI-30698240.pro GCNSAVKHESVNILGLVWHPGCFCCRSCDKPIAHELENHVSNSRGKFKHSCYER---404
 At_GI-15240018.pro GCNFAVEHGGSVNIGLVWHPGCFCCRACHKPIAHDIEHVSNSRGKFKHSCYER---343
 At_GI-334188680.pro GCKSAIEYGRSVHALGVNWHPEFCFCRYCDKPIAMHEFS---NTKGRCHITCYERSH--256

Si_GI-514815267.pro PKCDVCNSFIPTNKNGLIEYRAHPFWMQKYCPSHENDGTPRCCSCERMPEKHSQYITLDD 258
 Bd_GI-357157184.pro PKCDVCKDFIPTNKDGLIEYRAHPFWMQKYCPSHEDDGTTPRCCSCERMPEPTDIKYIRLDD 240
 Br_DAlb.pro PKCDVCSLFISTNHAGLIEYRAHPFWMQKYCPSHEHDATPRCCSCERMPEPRNTGYFELND 272
 Br_DAla.pro PKCDVCSLFIPTNHAGLIEYRAHPFWMQKYCPSHEHDATPRCCSCERMPEPRNTGYVELND 289
 At_GI-15221983.pro PKCDVCSHFIPITNHAGLIEYRAHPFWMQKYCPSHEHDATPRCCSCERMPEPRNTRYVELND 289
 Tc_GI-508722773.pro PKCDVCNDFIPTNPAGLIEYRAHPFWMQKYCPSHEHDTTPRCCSCERMPEQDTGYVALND 234
 Gm_GI-356564241.pro PKCDVCKHFIPITNPAGLIEYRAHPFWMQKYCPTHEHDTTPRCCSCERMESQEAGYIALKD 234
 Gm_GI-356552145.pro PKCDVCKHFIPITNPAGLIEYRAHPFWMQKYCPTHEHDTTPRCCSCERMESQEAGYIALKD 238
 Vv_GI-302142429.pro PKCDVCKHFIPITNPAGLIEYRAHPFWMQKYCPSHEHDTTPRCCSCERMPEPRDTRYVALND 236
 Vv_GI-359492104.pro PKCDVCKHFIPITNPAGLIEYRAHPFWMQKYCPSHEHDTTPRCCSCERMPEPRDTRYVALND 239
 Sl_GI-460385048.pro PKCDVCKHFIPITNAAGLIEYRAHPFWSQKYCPTHEHDTTPRCCSCERMPEPRDTRYIALDD 242
 Os_GI-218197709.pro PKCDVCKQFIPTNMNGLIEYRAHPFWMQKYCPSHEVDGTTPRCCSCERMPEPRESRYVLLDD 633
 Os_GI-115466772.pro PKCDVCKQFIPTNMNGLIEYRAHPFWMQKYCPSHEVDGTTPRCCSCERMPEPRESRYVLLDD 241
 Bd_GI-357160893.pro PKCDVCKQFIPTNMNGLIEYRAHPFWMQKYCPSHEVDGTTPRCCSCERMPEPRESRYVLLDD 267
 Bd_GI-357164660.pro PKCDVCKQFIPTNTNGLIEYRAHPFWMQKYCPSHEVDGTTPRCCSCERMPEPRESRYVLLDD 249
 Sb_GI-242092232.pro PKCDVCKQFIPTNMNGLIEYRAHPFWMQKYCPSHEVDGTTPRCCSCERMPEPRESRYVLLDD 241

[illegible]

庚 寅 年 辛 丑 月 壬 子 日 癸 丑 時
 庚 寅 年 辛 丑 月 壬 子 日 癸 丑 時

* * * * * : * :

 * * * * :

```

Si_GI-514815267.pro      YGLPRLLTGSILAHEMMHAYLRLK-----GYRTLSPPEV 406
Bd_GI-357157184.pro      YGLPRLQTGSILAHEMMHAYLRLK-----GYRSLSPQV 388
Br_DAlb.pro              FGLPRLLTGSILAHEMMHAWMLRLK-----GFRPLSQDV 418
Br_DAla.pro              FGLPRLLTGSILAHEMMHAWMLRLK-----GFRTLSDQV 438
At_GI-15221983.pro       FGLPRLLTGSILAHEMMHAWMLRLK-----GFRTLSDQV 437
Tc_GI-508722773.pro      YGLPRLLTGSILAHEMMHAWMLRLQ-----GFRTLSDQV 383
Gm_GI-356564241.pro      YGLPRLLTGSILAHEMMHAWMLRLK-----GYRTLSDQV 378
Gm_GI-356552145.pro      YGLPRLLTGSILAHEMMHAWMLRLK-----GYRTLSDQV 382
Vv_GI-302142429.pro      YGLPRLLTGSILAHEMMHAWMLRLN-----GYRTLSDQV 385
Vv_GI-359492104.pro      YGLPRLLTGSILAHEMMHAWMLRLN-----GYRTLSDQV 388
Sl_GI-460385048.pro      YGLPRLLTGSILAHEMMHAWMLRLR-----GYRTLSDQV 391
Os_GI-218197709.pro      YGLPRLLTGSILAHEMMHAWMLRLK-----GYRTLSPDV 781
Os_GI-115466772.pro      YGLPRLLTGSILAHEMMHAWMLRLK-----GYRTLSPDV 389
Bd_GI-357160893.pro      YGLPRLLTGSILAHEMMHAWMLRLK-----GYRTLSPDI 415
Bd_GI-357164660.pro      YGLPRLLTGSILAHEMMHAWMLRLK-----GYRTLSPDI 397

Sb_GI-242092232.pro      YGLPRLLTGSILAHEMMHAWMLRLK-----GYRTLSPDV 389
Zm_GI-212275448.pro      YGLPRLLTGSILAHEMMHAWMLRLK-----GYRTLSPDV 411
At_GI-240256211.pro      YGLPRLLTGSILAHEMMHAWMLRLN-----GYPNLRPEV 456
At_GI-145360806.pro      YGLPRLLTGAILAHMLHGWMLRLN-----GFRNLNPEV 427
At_GI-22326876.pro       YGLPRLLTGYILAHEMMHAYLRLN-----GYRNLNMVL 1507
At_GI-30698242.pro       YGLPRLLTGYILAHEMMHAWMLRLN-----GYKNLKLLEL 337
At_GI-30698240.pro       YGLPRLLTGYILAHEMMHAWMLRLN-----GHMNLNNIL 603
At_GI-15240018.pro       YGLPRLLTGYILAHEMMHAYLRLN-----GHRNLNNIL 545
At_GI-334188680.pro      YGLPRLLTGYILAHEMMHAWMLRLNTTSTQFVFANQYCESSQLKVLFCGLITGYRNLKLLEL 487
: ***** :

Si_GI-514815267.pro      EEGICQVLAHLWLESEITSGSGSMATTSAASSS----SSTS--SSSKKGA-KTEFEKRL 458
Bd_GI-357157184.pro      EEGICQVLSHMLWLESEI IAGASGNTASTSVPS--SSAP--TSSKKGA-KTEFEKRL 440
Br_DAlb.pro              EEGICQVMAHKWLEAEALAAGSRNSNAASSSSSS----Y----GGVKKGP-RSQYERKL 467
Br_DAla.pro              EEGICQVMAHKWLEAEALAAGSRNSNVASSSSSS----RGVKKGP-RSQYERKL 485
At_GI-15221983.pro       EEGICQVMAHKWLEAEALAAGSTNSNAASSSSSS----QGLKKGP-RSQYERKL 485
Tc_GI-508722773.pro      EEGICQVLAHMLWLTQLEYAS--SSNVASASSA----S----SRLQKGP-RPQFEGKL 431
Gm_GI-356564241.pro      EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA----S----HTSRKGP-RPQFERKL 427
Gm_GI-356552145.pro      EEGICQVLSHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA----S----HTSRKGP-RPQFERKL 431
Vv_GI-302142429.pro      EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA----S----HTSRKGP-RPQFERKL 431
Vv_GI-359492104.pro      EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA----S----HTSRKGP-RPQFERKL 431
Sl_GI-460385048.pro      EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA----S----HTSRKGP-RPQFERKL 431
Os_GI-218197709.pro      EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA----S----HTSRKGP-RPQFERKL 431
Os_GI-115466772.pro      EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA----S----HTSRKGP-RPQFERKL 431
Bd_GI-357160893.pro      EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA----S----HTSRKGP-RPQFERKL 431
Bd_GI-357164660.pro      EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA----S----HTSRKGP-RPQFERKL 431
Sb_GI-242092232.pro      EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA----S----HTSRKGP-RPQFERKL 431
Zm_GI-212275448.pro      EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA----S----HTSRKGP-RPQFERKL 431
At_GI-240256211.pro      EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA----S----HTSRKGP-RPQFERKL 431
At_GI-145360806.pro      EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA----S----HTSRKGP-RPQFERKL 431
At_GI-22326876.pro       EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA----S----HTSRKGP-RPQFERKL 431
At_GI-30698242.pro       EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA----S----HTSRKGP-RPQFERKL 431
At_GI-30698240.pro       EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA----S----HTSRKGP-RPQFERKL 431
At_GI-15240018.pro       EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA----S----HTSRKGP-RPQFERKL 431
At_GI-334188680.pro      EEGICQVLAHMLWLESELSSASGSNFVSASSSSA----S----HTSRKGP-RPQFERKL 431
: ***** :

```

Si_GI-514815267.pro	GEFFKHQIETDPSVAYGDGFRAGMRAVERYG--LRSTLDHIKLTGSFP-----	504	SEQ 4
Bd_GI-357157184.pro	GAFIKNQIETDSSVEYGDGFRAGNRAVERYG--LRSTLDHMKITGSFPY----	487	SEQ 5
Br_DAlb.pro	GEFFKHQIESDASPVYGDGFRAGRLAVNKYK--LWRTLEHIQMTGRFPV----	514	SEQ 6
Br_DAla.pro	GEFFKHQIESDASPVYGDGFRAGRLAVNKYK--LPKTLLEHIQMTGRFPV----	532	SEQ 7
At_GI-15221983.pro	GEFFKHQIESDASPVYGDGFRAGRLAVHKYK--LRKTLLEHIQMTGRFPV----	532	SEQ 8
Tc_GI-508722773.pro	GEFFKHQIESDTSVPYGDGFRAGHQAVYKYK--LRRTLEHIRMTGRFPY----	478	SEQ 9
Gm_GI-356564241.pro	GEFFKHQIESDTSVPYGDGFRAGQKAVRKYK--LQRTLHHIRMTGTFFPY----	474	SEQ 10
Gm_GI-356552145.pro	GEFFKHQIESDTSVPYGGGFRAGQKAVSKYK--LQRTLHHIRMTGTFFPY----	478	SEQ 11
Vv_GI-302142429.pro	GQFFKHQIESDTSVYAGDGFRAGHQAVLYK--LPATLKKHHLTGTFPPY----	462	SEQ 12
Vv_GI-359492104.pro	GQFFKHQIESDTSVYAGDGFRAGHQAVLYK--LPATLKKHHLTGTFPPY----	482	SEQ 13
Sl_GI-460385048.pro	GDFFKHQIESDTSPIYGNFGRAGNQAVLYK--LERTLDHIRMTGTFFPY----	486	SEQ 14
Os_GI-218197709.pro	GDFFKHQIESDTSVYAGDGFRAGNRAVLQYK--LKRTLEHIRLTGTFFPY----	878	SEQ 15
Os_GI-115466772.pro	GDFFKHQIESDTSVYAGDGFRAGNRAVLQYK--LKRTLEHIRLTGTFFPY----	486	SEQ 16
Bd_GI-357160893.pro	GDFFKHQIESDTSVYAGNGFRSGNQAVLYK--LKRTLEHIWLTGTWPF----	512	SEQ 17
Bd_GI-357164660.pro	GDFFKHQIESDTSVYAGDGFRAGNQAVLYK--LKRTLEHIRLTGTLPF----	491	SEQ 18
Sb_GI-242092232.pro	GDFFKHQIETDTSVYAGDGFRAGNRAVLQYK--LKRTLEHIRLTGTFFPY----	486	SEQ 19
Zm_GI-212275448.pro	GDFFKHQIETDTSVYAGDGFRAGNRAVLQYK--LKRTLEHIRLTGTFFPY----	508	SEQ 20
At_GI-240256211.pro	GEFFKHQIESDSSAYGDGFRQGNQAVLKHG--LRRTLDHIRLTGTFFP----	553	SEQ 21
At_GI-145360806.pro	GEFFKHQIAHDASPAYGGGFRAANAAACKYK--LRRTLDHIRLTGTFFP----	528	SEQ 22
At_GI-22326876.pro	VNFCKHQIETDESPFFGDFGRKVNMMASNNHSLKDTLKEIISISKTPQYSKL	1613	SEQ 23
At_GI-30698242.pro	VEFCMNQIKEDDSPVYGLGFKQVYEMMVSNYNIKDTLKDIVSASNATPDSTV	450	SEQ 24
At_GI-30698240.pro	VEFCNKQIETDESPVYGLGFRFTVNEMVTNS--SLQETLKEILRRR-----	702	SEQ 25
At_GI-15240018.pro	VEFCNKQIETDDSPVYGLGFRFTVNEMVTNS--SLQETLKEILRQR-----	644	SEQ 26
At_GI-334188680.pro	VEFCNDQIETDDSPVYGVGFRKVNQMVSDS--SLHKILKSIQHWTKPDSNL	587	SEQ 27

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

Pt_GI-224059640.pro	-----MEVHYMNTDFPYTTTESFMDFFEGGLTHAPV	30
Rc_GI-255582236.pro	-----MEVHYINTGFPYTVTESFLDFEGLSHVPV	30
Pp_GI-462414664.pro	-----MNGN--GQMDVHYIDTDFPYTPTESFMDFFGGVTHVPM	36
Tc_GI-508704801.pro	-----MNGN--RQMEVHYIDTGFPHYTATESFMDFFEGGLTHVPV	36
Vv_GI-359487286.pro	-----MNGN--RQMEVHYINTGFPYTTITESFMDFFEGGLGHVPV	36
Gm_GI-356548935.pro	-----MNDG--RQMGVHYVDAGFPYAVNDNFVDFQGGFTHVPV	36
Gm_GI-356544176.pro	-----MNDG--RQMGVNYVDAGFPYAVNENFVDFQGGFTVPV	36
At_EOD1.pro	-----MNGDNRPVEDAHYTETGFPYAATGSYMDFFGGAAQGPL	38
Cr_GI-482561003.pro	-----MNGD--RPVEDAHYTEAEFPYAASGSYIDFYGGAPQGPL	37
Sb_GI-242042045.pro	-----MNSC--RQMEVHYINTGFPYTTITESFMDFFEGGLTYAHA	36
Zm_GI-223973923.pro	-----MNSS--RQMEVHYINTGFPYTTITESFMDFFEGGLTYAHA	36
Zm_GI-226496789.pro	-----MTSS--RQMEVHYINTGFPYTTITESFMDFFEGGLTYAHA	36
Os_GI-222624282.pro	MTESHERDTEVTRWQVHDPSEGMNGS--RQMEVHYINTGFPYTTITESFMDFFEGGLTYAHA	58
Os_GI-115451045.pro	-----MNGS--RQMEVHYINTGFPYTTITESFMDFFEGGLTYAHA	36
Bd_GI-357113826.pro	-----MNGS--RQMEVHYINTGFPYTTITESFMDFFEGGLTYAHA	36
Sl_GI-460410949.pro	-----MNWN--QQTEIYYTNGAMPYNSIGSFMDFFGGVTYDHY	36
	* : : * : : * : *	
Pt_GI-224059640.pro	NYAHNGPMHD---QDNAYWSMN-MNAYKFGFSGLGSTSYSP---YEVNDNLPRMDVSRM	83
Rc_GI-255582236.pro	HYAHTGQVLDQ-VQENAYWSMN-MNAYKFGFSGPGST-YYDP---YEVNDNLPRMDVSRM	84
Pp_GI-462414664.pro	NYGHAMPMD---QETAYWSMN-MHSYKFGPGSGSNSYSGNY---YEVNDNLPRMDVSRM	90
Tc_GI-508704801.pro	NYTHTVPMQD---QENIYWSMS-MNAYKFGFSGPEST-FYSP---YEVSDHLPRMDVSRM	88
Vv_GI-359487286.pro	NYAQAEAMHNQSIQENFYWTMN-MNSYKFGFSGPGST-YYGP---YDVNEHVPGIEVSRR	91
Gm_GI-356548935.pro	NYAFAGSIPD---QESVYWSMN-MNPYKFGLSGPGSTSYSS---YEVNGHLPRMEIDRA	89
Gm_GI-356544176.pro	NYAFAGSIPD---QESVYWSMN-MNPYKFGLSGPGSTSYSS---YEVNGHLPRMEIDRA	89
At_EOD1.pro	NYDHAATMHP---QDNLYWTMN-TNAYKFGFSGSDNASFYGS---YDMNDHLSRMSIGRT	91
Cr_GI-482561003.pro	NYAHAGTM-----DNLYWTMN-TNAYKFGFSGSDNPSFYNS---YDMTDHLSRMSIGRT	87
Sb_GI-242042045.pro	DFALMDGFQD---QGNPYWAMMHTNSYKYGYSGPG--NYITYAHVYDIDDYMHRRADGRR	91
Zm_GI-223973923.pro	DFALTDGFQD---QGNPYWAMMHTNSYKYGYSGPG--NYITYAHVYDIDDYMHRRADGRR	91
Zm_GI-226496789.pro	DFALMDGFQD---QGNPYWAMMHTNSYKYGYSGSG--NYYSYAHAYDIDDYMHRRADGRR	91
Os_GI-222624282.pro	DFAIADAFHD---QANPYWAMMHTNSYKYGYSGAG--NYYSYGHVYDMNDYMHRRADGRR	113
Os_GI-115451045.pro	DFAIADAFHD---QANPYWAMMHTNSYKYGYSGAG--NYYSYGHVYDMNDYMHRRADGRR	91
Bd_GI-357113826.pro	DFALADAFQD---QANPYWMMQTNNSYKYGYSGAS--NYYSYGHVYDMNDYMHRRADGRR	91
Sl_GI-460410949.pro	NYIFADPPYA---QES-LYPSISTNPYKFGYSEAGSFYDYDYREYVNDHVSIGIEEHR	92
	: : . : . : . * : * : * : *	

Pt_GI-224059640.pro	AW EYPSVV-----IKALWQDDVDPDT	104
Rc_GI-255582236.pro	TWEYPSVVN-MEEATTTDTQSEGDVAVGVHASPEECIPN-HT-SGDSPQGVWQDDVDPDN	141
Pp_GI-462414664.pro	TWEHPYSVMN-SEEPANIDSHPEED-AVAFAAPEECIQN-HQ-NTNTSQVVWQDDIDPDN	146
Tc_GI-508704801.pro	TWDYPSFTLN-SEEPATIDMQPGGEAVVGLHAIP EECITN-QQ-SNSNSQVVWQDNDIDPDN	145
Vv_GI-359487286.pro	PWEYPSMMI-VEEPTTITQTPTGNEVMNVHAIPEECSPN-HY-SATSSQAIWQDNDVDPDN	148
Gm_GI-356548935.pro	EWEYPTSTITTVEEPATTDSPPRRDGVTSMQTIPEECSPN-HHESNSSSQVIWQDNTYPDD	148
Gm_GI-356544176.pro	EWEYPTSTITTVEEPATTDSPPRRDGVTNMQTIPEECSPN-HHESNSSSQVIWQDNDIDPDN	148
At_EOD1.pro	NWDYHPMVNVADDPENTVARSQIGDTHSEAECCIAN-EH-DPDS PQVSWQDDIDPDT	149
Cr_GI-482561003.pro	NWEYHPMVNVDD-PDITLARSVQIGDSEHSEAECCIAN-EH-DPDS PQVSWQDDIDPDT	144
Sb_GI-242042045.pro	VWDNTTPANNVDSANVVLQGS-EAPRTTANTTTTEC IQQ-VHQSPGSPHVWQDNDIDPDN	149
Zm_GI-223973923.pro	IWDNTTPVNVNDSANVVLQGG-EAPRTTANTTINKEC IQQ-VHQSPGSPQVVWQDNDIEPDN	149
Zm_GI-226496789.pro	TWDNTTPVNVNDSANVVLQGG-EAPRTTANTTSED C IQQ-VHQSPGSPQVVWQDNDIDPDN	149
Os_GI-222624282.pro	IWDNATPVNNTESPNVVLQGG-ETPHANTSTTTEEC IQQVHQNSSSPQVIWQDNDIDPDN	172
Os_GI-115451045.pro	IWDNATPVNNTESPNVVLQGG-ETPHANTSTTTEEC IQQVHQNSSSPQVIWQDNDIDPDN	150
Bd_GI-357113826.pro	IWDNPTPASNTDPSNVVLQGAEEAPHRASSTTEEC IQQVHQNSSSPQVVWQDNDVDPDN	151
Sl_GI-460410949.pro	HLENPTTTTVNVAANVHRE---EISGNSLTNSVECPRG--QINTRDSEVVWQDNDIDPDN	147

Pt_GI-224059640.pro	MTYEELVDLGETVGTQSKGLSPELISLLPTSKCKFGSFFSRKRSG-ERCVICQMKYKRGD	163
Rc_GI-255582236.pro	MTYEELLDLGETVGTQSRGLSQELISLLPTSKCKFRSFFLRKKAG-ERCVICQMRYKRGD	200
Pp_GI-462414664.pro	MTYEELLDLGEAVGTQSRGLSDELISSLLPTSKYKCGSFFSRKKSG-ERCVICQMRYKRGD	205
Tc_GI-508704801.pro	MTYEELDLGETIGSQSRGLSELIIDLPTSKCKFGSFFSTKR---ERCVICQMRYKRGE	202
Vv_GI-359487286.pro	MTYEELLDLGEAVGTQSRGLSQEHINLLPTCRYKSGRLFSRKRSA-ERCVICQMGYKRGD	207
Gm_GI-356548935.pro	MTYEELLDLGEAVGTQSRGLSQELIDMLPTSKYKFGSLFKRKNSG-KRCVICQMITYRGD	207
Gm_GI-356544176.pro	MTYEELLDLGEAVGTQSRGLSQELIDMLPTSKYKFGNLFKRKNNSG-KRCVICQMITYRGD	207
At_EOD1.pro	MTYEELVELGEAVGTESRGLSQELIETLPTKKYKFGSIFSRKRAG-ERCVICQLKYKIGE	208
Cr_GI-482561003.pro	MTYEELVELGEAVGTESRGLSQELIETLPTKFKFGSIFSRKRAG-ERCVICQLKYKIGE	203
Sb_GI-242042045.pro	MTYEELLDLGEVVGVTQSRGLSQERISSLPVTKYKCG-FFSRKKTRRERCVICQMEYRRGN	208
Zm_GI-223973923.pro	MTYEELLDLGEAVGTQSRGLSQERISSLPVTKYKCG-FFSRKKTRRERCVICQMEYRRGN	208
Zm_GI-226496789.pro	MTYEELLDLGEAVGTQSRGLSQECISSLPVITKYKCG-FFSRKKTRRERCVICQMEYRRGN	208
Os_GI-222624282.pro	MTYEELLDLGEAVGTQSRGLSQERISSLPVTKYKCG-FFSRKKTRRERCVICQMEYRRGN	231
Os_GI-115451045.pro	MTYEELLDLGEAVGTQSRGLSQERISSLPVTKYKCG-FFSRKKTRRERCVICQMEYRRGN	209
Bd_GI-357113826.pro	MTYEELLDLGEAVGTQSRGLSQERISSLPVTKYKCG-FFSRKKTRRERCVICQMEYRRGD	210
Sl_GI-460410949.pro	MTYEELLELGEAVGTQSRGLSONOISLPPVTKKCG-FFSRKSKRKERCVICQMEYKRKD	205

Pt_GI-224059640.pro	KQIKLLCKHAYHSECITKWLGINKVCPCVNDEVFGEESRN----	203
Rc_GI-255582236.pro	KQMKLPCKHVVYHSECISKWLGINKVCPCVNNEVFGEDSRH----	240
Pp_GI-462414664.pro	RQINLPCKHVVYHSECISKWLGINKVCPCVNLEVSGEESRH----	245
Tc_GI-508704801.pro	QQMKLPCKHVVYHSCITKWLSTINKVCPCVNNEVFGEDSRH----	242
Vv_GI-359487286.pro	ROIKLPCKHVVYHTDCGKTWLTINKVCPCVNIEVFGEDSRH----	247
Gm_GI-356548935.pro	QQMKLPCSHVYHGECITKWLSTINKKCPVCNTEVFGGEESTH----	247
At_GI-356544176.pro	QQMKLPCSHVYHGECITKWLSTINKKCPVCNTEVFGGEESTH----	247
Gt_EOD1.pro	RQMNLPCKHVVYHSECISKWLSINKVCPCVNSEVFGEPSIH----	248
Cr_GI-482561003.pro	RQMNLPCKHVVYHSECISKWLSINKVCPCVNTEVFGDPSIH----	243
Sb_GI-242042045.pro	LQMTLPCKHVVYHASCVTRWLSINKVCPCVFAEVPGDPEKRR----	249
Zm_GI-223973923.pro	LQMTLPCKHVVYHASCVTRWLGINKVCPCVFAEVPGDPEAMSQQL	253
Zm_GI-226496789.pro	LQITLPCKHVVYHASCVTRWLSINKVCPCVFAEVPGDPSLRQ----	249
Os_GI-222624282.pro	LQMTLPCKHVVYHASCVTRWLSINKVCPCVFAEVPGDPEKRRQ----	272
Os_GI-115451045.pro	LQMTLPCKHVVYHASCVTRWLSINKVCPCVFAEVPGDPEKRRQ----	250
Bd_GI-357113826.pro	LQMALPCKHVVYHASCVTRWLSINKVCPCVFAEVPSEEPSRQ----	251
Sl_GI-460410949.pro	QOVTLPCKHVVYHAGCGSRWLSINKACPICYTEVVTINSKR----	246

5 Таблица 2 (SEO ID NO 38-53)

ПЕРЕЛІК ПОСЛІДОВНОСТЕЙ

<110> Plant Bioscience Limited

<120> Способи моделювання розміру насіння та органів у рослин

<130> NRS/LP7065238

<150> GB 1319876.7

<151> 2013-11-11

<160> 54

<170> Patentin version 3.3

- <210> 1
 <211> 66
 <212> PRT
 <213> Штучна послідовність
- 5
- <220>
 <223> Синтетична послідовність: LIM-домен
- 10
- <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (2)...(3)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
- 15
- <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (5)...(27)
 <223> Хаа у положеннях 5-27 являє собою будь-яку амінокислоту, та до семи із них можуть бути відсутні; являє собою діапазон 16-23 амінокислот.
- 20
- <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (28) ... (28)
 <223> Хаа являє собою His або Cys
- 25
- <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (29)... (32)
 <223> Хаа у положеннях 29-32 являє собою будь-яку амінокислоту, або будь-які дві із них можуть бути відсутні; являє собою ланцюжок із 2 або 4
- 30 амінокислот.
- <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (33)...(33)
 <223> Хаа являє собою Cys, His або Glu
- 35
- <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (34)...(35)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
- 40
- <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (37)...(38)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
- 45
- <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (40)...(60)
 <223> Хаа у положеннях 40-60 являє собою будь-яку амінокислоту, та до семи із них можуть бути відсутні; являє собою діапазон 14-21 амінокислот.
- 50
- <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (61)...(61)
 <223> Хаа являє собою Cys або His
- 55
- <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (62)...(64)
- 60

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

5 <220>
<221> ВАРІАНТ
<222> (65)...(65)
<223> Хаа являє собою Cys, His, Asp або Glu

10 <220>
<221> ВАРІАНТ
<222> (66)...(66)
<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

15 <400> 1

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

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

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

Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа
50 55 60

Хаа Хаа
65

20 <210> 2
<211> 63
<212> PRT
<213> Штучна послідовність

25 <220>
<223> Синтетична послідовність: LIM-домен
<220>
<221> ВАРІАНТ
<222> (2)...(3)
<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

30 <220>
<221> ВАРІАНТ
<222> (5)...(27)
<223> Хаа у положеннях 5-27 являє собою будь-яку амінокислоту, та до
35 семи з них можуть бути відсутніми; являє собою діапазон 16-23 амінокислот.

40 <220>
<221> ВАРІАНТ
<222> (29)...(30)
<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

45 <220>
<221> ВАРІАНТ
<222> (32)...(33)
<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

<220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (35)... (36)
 5 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

<220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (38)... (58)
 10 <223> Хаа у положеннях 38-58 являє собою будь-яку амінокислоту, та до семи з них можуть бути відсутніми; являє собою діапазон 14-21 амінокислот.

<220>
 <221> ВАРИАНТ
 15 <222> (60)... (61)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

<220>
 <221> ВАРИАНТ
 20 <222> (63)... (63)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

<400> 2

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

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

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

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

25

<210> 3
 <211> 53
 <212> PRT
 30 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 3

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

Leu Asn Ser Leu Trp His Pro Glu Cys Phe Arg Cys Tyr Gly Cys Ser
 20 25 30

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

His Lys Ala Cys Tyr
 50

35

<210> 4
 <211> 504

<212> PRT

<213> *Setaria italica*

<400> 4

5

```

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

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

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

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

Ile Asp Thr Glu His His Leu Asp Glu Asp Glu Gln Leu Ala Arg Ala
65      70      75      80

Leu Gln Glu Asn Thr Ser Pro Thr Leu Asp Glu Asp Glu Gln Leu Ala
      85      90      95

Arg Ala Leu Gln Glu Ser Met Asn Asp Glu His Pro Pro Arg Gln His
      100      105      110

Ile Pro Ile Glu Asp Val His Ser Glu Ser Ala Pro Ala Ser Ser Leu
      115      120      125

Pro Pro Tyr Val Phe Pro Thr Asn Gly Ser Arg Val Cys Ala Gly Cys
      130      135      140

Lys Thr Pro Ile Gly Gln Gly Arg Phe Leu Ser Cys Met Asp Ser Val
145      150      155      160

Trp His Pro Gln Cys Phe Arg Cys Tyr Gly Cys Asp Ile Pro Ile Ser
      165      170      175

Glu Tyr Glu Phe Ala Val His Glu Asp His Ala Tyr His Arg Ser Cys
      180      185      190

Tyr Lys Glu Arg Phe His Pro Lys Cys Asp Val Cys Asn Ser Phe Ile
      195      200      205

Pro Thr Asn Lys Asn Gly Leu Ile Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp
      210      215      220

Met Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu Asn Asp Gly Thr Pro Arg Cys
225      230      235      240

```

Cys Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro Lys His Ser Gln Tyr Ile Thr Leu
 245 250 255
 Asp Asp Gly Arg Arg Leu Cys Leu Glu Cys Leu His Thr Ala Ile Met
 260 265 270
 Asp Thr Asn Glu Cys Gln Pro Leu Tyr Ile Asp Ile Gln Glu Phe Tyr
 275 280 285
 Glu Gly Met Asn Met Lys Val Glu Gln Gln Val Pro Leu Leu Leu Val
 290 295 300
 Glu Arg Gln Ala Leu Asn Glu Ala Met Glu Ala Glu Lys Ile Gly His
 305 310 315 320
 His Leu Pro Glu Thr Arg Gly Leu Cys Leu Ser Glu Glu Gln Ile Val
 325 330 335
 Arg Thr Ile Leu Arg Arg Pro Ile Ile Gly Pro Gly Asn Arg Ile Ile
 340 345 350
 Asp Met Ile Thr Gly Pro Tyr Lys Leu Val Arg Arg Cys Glu Val Thr
 355 360 365
 Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Ser Ile
 370 375 380
 Leu Ala His Glu Met Met His Ala Tyr Leu Arg Leu Lys Gly Tyr Arg
 385 390 395 400
 Thr Leu Ser Pro Glu Val Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Leu Ala His
 405 410 415
 Leu Trp Leu Glu Ser Glu Ile Thr Ser Gly Ser Gly Ser Met Ala Thr
 420 425 430

Thr Ser Ala Ala Ser Ser Ser Ser Ser Thr Ser Ser Ser Ser Lys Lys
435 440 445

Gly Ala Lys Thr Glu Phe Glu Lys Arg Leu Gly Glu Phe Phe Lys His
450 455 460

Gln Ile Glu Thr Asp Pro Ser Val Ala Tyr Gly Asp Gly Phe Arg Ala
465 470 475 480

Gly Met Arg Ala Val Glu Arg Tyr Gly Leu Arg Ser Thr Leu Asp His
485 490 495

Ile Lys Leu Thr Gly Ser Phe Pro
500

5 <210> 5
<211> 487
<212> PRT
<213> Brachypodium distachyon

<400> 5

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

Arg Gly Asn Tyr Asp Gly Asn Trp His Asp Gly Asn Ser Ser Glu Asn
20 25 30

Ile Arg Gly Ala Tyr Asp Glu Ser Asp Asn Glu Asp Ile Asp Arg Ala
35 40 45

10 Ile Ala Leu Ser Leu Ala Glu Glu Asp Pro Asn Lys Gly Lys Ala Ile
50 55 60

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

Leu His Glu Ser Leu Asn Thr Gly Ser Pro Pro His Gln Asn Val Pro
85 90 95

Val Val Asp Val Pro Ser Glu Arg Val Pro Thr Arg Glu Pro Pro Pro
100 105 110

Pro Val Phe Leu Ser Ser Gly Phe Arg Ala Cys Ala Gly Cys Asn Asn
115 120 125

Pro Ile Gly Asn Gly Arg Phe Leu Ser Cys Met Asp Ser Val Trp His
130 135 140

Pro Gln Cys Phe Arg Cys Phe Ala Cys Asn Lys Pro Ile Ser Glu Tyr
145 150 155 160

Glu Phe Ala Met His Glu Asn Gln Pro Tyr His Lys Ser Cys Tyr Lys
165 170 175

Asp Phe Phe His Pro Lys Cys Asp Val Cys Lys Asp Phe Ile Pro Thr
180 185 190

Asn Lys Asp Gly Leu Ile Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Met Gln
195 200 205

Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu Asp Asp Gly Thr Pro Arg Cys Cys Ser
210 215 220

Cys Glu Arg Met Glu Pro Thr Asp Ile Lys Tyr Ile Arg Leu Asp Asp
225 230 235 240

Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Thr Ser Ala Thr Met Asp Ser
245 250 255

Pro Glu Cys Gln His Leu Tyr Met Asp Ile Gln Glu Phe Phe Glu Gly
260 265 270

Leu Asn Met Lys Val Glu Gln Gln Val Pro Leu Leu Leu Val Glu Arg
275 280 285

Gln Ala Leu Asn Glu Ala Leu Glu Ala Glu Lys Ser Gly His His Leu
290 295 300

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

Ile Leu Arg Arg Pro Thr Ile Gly Pro Gly Asn Arg Ile Ile Asp Met
325 330 335

Ile Thr Gly Pro Tyr Lys Leu Val Arg Arg Cys Glu Val Thr Ala Ile
340 345 350

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

His Glu Met Met His Ala Tyr Leu Arg Leu Lys Gly Tyr Arg Ser Leu
370 375 380

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

Leu Glu Ser Glu Ile Ile Ala Gly Ala Ser Gly Asn Thr Ala Ser Thr
405 410 415

Ser Val Pro Ser Ser Ser Ser Ala Pro Thr Ser Ser Lys Lys Gly Ala
420 425 430

Lys Thr Glu Phe Glu Lys Arg Leu Gly Ala Phe Ile Lys Asn Gln Ile
435 440 445

Glu Thr Asp Ser Ser Val Glu Tyr Gly Asp Gly Phe Arg Ala Gly Asn
450 455 460

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

Ile Thr Gly Ser Phe Pro Tyr
485

5 <210> 6
<211> 514
<212> PRT
<213> Brassica rapa
<400> 6

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

Leu Gly Asn Glu His Tyr His His Asn Gly Gly Tyr Tyr Glu Asn Tyr
20 25 30

Pro His Glu His Ser Glu Pro Ser Ala Glu Thr Asp Ala Asp His Thr
35 40 45

Gln Glu Pro Ser Thr Ser Glu Glu Glu Thr Trp Asn Gly Lys Glu Asn
50 55 60

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

Gln Arg Pro Glu Thr Asn Thr Gly Ala Trp Lys His Ala Met Met Asp
85 90 95

Asp Asp Glu Gln Leu Ala Arg Ala Ile Gln Glu Ser Met Ile Ala Arg
100 105 110

Asn Gly Thr Thr Tyr Asp Phe Gly Asn Ala Tyr Gly Asn Gly His Met
115 120 125

His Gly Gly Gly Asn Val Tyr Asp Asn Gly Asp Ile Tyr Tyr Pro Arg

130	135	140
Pro Ile Ala Phe Ser Met Asp Phe Arg Ile Cys Ala Gly Cys Asn Met 145 150 155 160		
Glu Ile Gly His Gly Arg Tyr Leu Asn Cys Leu Asn Ala Leu Trp His 165 170 175		
Pro Gln Cys Phe Arg Cys Tyr Gly Cys Ser His Pro Ile Ser Glu Tyr 180 185 190		
Glu Phe Ser Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Phe His Lys Ala Cys Tyr Arg 195 200 205		
Glu Arg Phe His Pro Lys Cys Asp Val Cys Ser Leu Phe Ile Ser Thr 210 215 220		
Asn His Ala Gly Leu Ile Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Val Gln 225 230 235 240		
Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu His Asp Ala Thr Pro Arg Cys Cys Ser 245 250 255		
Cys Glu Arg Met Glu Pro Arg Asn Thr Gly Tyr Phe Glu Leu Asn Asp 260 265 270		
Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ser Val Met Asp Thr 275 280 285		
Phe Gln Cys Gln Pro Leu Tyr Leu Gln Ile Gln Glu Phe Tyr Glu Gly 290 295 300		
Leu Asn Met Thr Val Glu Gln Glu Val Pro Leu Leu Leu Val Glu Arg 305 310 315 320		
Gln Ala Leu Asn Glu Ala Arg Glu Gly Glu Arg Asn Gly His Tyr His 325 330 335		
Met Pro Glu Thr Arg Gly Leu Cys Leu Ser Glu Glu Gln Thr Val Arg 340 345 350		
Thr Val Arg Lys Arg Ser Lys Gly Asn Trp Ser Gly Asn Met Ile Thr 355 360 365		
Glu Gln Phe Lys Leu Thr Arg Arg Cys Glu Val Thr Ala Ile Leu Ile 370 375 380		
Leu Phe Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Ser Ile Leu Ala His Glu		

385					390					395					400
Met	Met	His	Ala	Trp	Met	Arg	Leu	Lys	Gly	Phe	Arg	Pro	Leu	Ser	Gln
				405					410					415	
Asp	Val	Glu	Glu	Gly	Ile	Cys	Gln	Val	Met	Ala	His	Lys	Trp	Leu	Glu
			420					425					430		
Ala	Glu	Leu	Ala	Ala	Gly	Ser	Arg	Asn	Ser	Asn	Ala	Ala	Ser	Ser	Ser
		435					440					445			
Ser	Ser	Ser	Tyr	Gly	Gly	Val	Lys	Lys	Gly	Pro	Arg	Ser	Gln	Tyr	Glu
	450					455					460				
Arg	Lys	Leu	Gly	Glu	Phe	Phe	Lys	His	Gln	Ile	Glu	Ser	Asp	Ala	Ser
465					470					475					480
Pro	Val	Tyr	Gly	Asp	Gly	Phe	Arg	Ala	Gly	Arg	Leu	Ala	Val	Asn	Lys
				485					490					495	
Tyr	Gly	Leu	Trp	Arg	Thr	Leu	Glu	His	Ile	Gln	Met	Thr	Gly	Arg	Phe
			500					505					510		

Pro Val

```
<210> 7
<211> 532
<212> PRT
<213> Brassica rapa
```

<400> 7

Met	Gly	Trp	Phe	Asn	Lys	Ile	Phe	Lys	Gly	Ser	Thr	Gln	Arg	Phe	Arg
1				5					10					15	
Leu	Gly	Asn	Asp	His	Asp	His	Asn	Gly	Tyr	Tyr	Gln	Ser	Tyr	Pro	His
			20					25					30		
Asp	Glu	Pro	Ser	Ala	Asp	Thr	Asp	Pro	Asp	Pro	Asp	Pro	Asp	Pro	Asp
		35					40					45			
Glu	Thr	His	Thr	Gln	Glu	Pro	Ser	Thr	Ser	Glu	Glu	Asp	Thr	Ser	Gly
	50					55					60				
Gln	Glu	Asn	Glu	Asp	Ile	Asp	Arg	Ala	Ile	Ala	Leu	Ser	Leu	Ile	Glu
65					70					75					80
Asn	Ser	Gln	Gly	Gln	Thr	Asn	Asn	Thr	Cys	Ala	Ala	Asn	Ala	Gly	Lys
				85					90					95	

Tyr Ala Met Val Asp Glu Asp Glu Gln Leu Ala Arg Ala Ile Gln Glu
 100 105 110
 Ser Met Val Val Gly Asn Thr Pro Arg Gln Lys His Gly Ser Ser Tyr
 115 120 125
 Asp Ile Gly Asn Ala Tyr Gly Ala Gly Asp Val Tyr Gly Asn Gly His
 130 135 140
 Met His Gly Gly Gly Asn Val Tyr Ala Asn Gly Asp Ile Tyr Tyr Pro
 145 150 155 160
 Arg Pro Thr Ala Phe Pro Met Asp Phe Arg Ile Cys Ala Gly Cys Asn
 165 170 175
 Met Glu Ile Gly His Gly Arg Tyr Leu Asn Cys Leu Asn Ala Leu Trp
 180 185 190
 His Pro Glu Cys Phe Arg Cys Tyr Gly Cys Arg His Pro Ile Ser Glu
 195 200 205
 Tyr Glu Phe Ser Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Phe His Lys Ala Cys Tyr
 210 215 220
 Arg Glu Arg Tyr His Pro Lys Cys Asp Val Cys Ser Leu Phe Ile Pro
 225 230 235 240
 Thr Asn His Ala Gly Leu Ile Gly Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Val
 245 250 255
 Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu His Asp Ala Thr Pro Arg Cys Cys
 260 265 270
 Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro Arg Asn Thr Gly Tyr Val Glu Leu Asn
 275 280 285
 Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ala Val Met Asp
 290 295 300
 Thr Phe Gln Cys Gln Pro Leu Tyr Leu Gln Ile Gln Glu Phe Tyr Glu
 305 310 315 320
 Gly Leu Phe Met Lys Val Glu Gln Asp Val Pro Leu Leu Leu Val Glu
 325 330 335
 Arg Gln Ala Leu Asn Glu Ala Arg Glu Gly Glu Lys Asn Gly His Tyr
 340 345 350

His Met Pro Glu Thr Arg Gly Leu Cys Leu Ser Glu Glu Gln Thr Val
355 360 365

Ser Thr Val Arg Lys Arg Ser Lys His Gly Thr Gly Asn Trp Ala Gly
370 375 380

Asn Met Ile Thr Glu Pro Tyr Lys Leu Thr Arg Gln Cys Glu Val Thr
385 390 395 400

Ala Ile Leu Ile Leu Phe Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Ser Ile
405 410 415

Leu Ala His Glu Met Met His Ala Trp Met Arg Leu Lys Gly Phe Arg
420 425 430

Thr Leu Ser Gln Asp Val Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Met Ala His
435 440 445

Lys Trp Leu Glu Ala Glu Leu Ala Ala Gly Ser Arg Asn Ser Asn Val
450 455 460

Ala Ser Ser Ser Ser Ser Arg Gly Val Lys Lys Gly Pro Arg Ser Gln
465 470 475 480

Tyr Glu Arg Lys Leu Gly Glu Phe Phe Lys His Gln Ile Glu Ser Asp
485 490 495

Ala Ser Pro Val Tyr Gly Asp Gly Phe Arg Ala Gly Arg Leu Ala Val
500 505 510

Asn Lys Tyr Gly Leu Pro Lys Thr Leu Glu His Ile Gln Met Thr Gly
515 520 525

Arg Phe Pro Val
530

- 5 <210> 8
<211> 532
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

- 10 <400> 8

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

Val Gly Asn Asn Lys His Asn His Asn Val Tyr Tyr Asp Asn Tyr Pro
20 25 30

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

Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ala Val Met Asp
 290 295 300
 Thr Met Gln Cys Gln Pro Leu Tyr Leu Gln Ile Gln Asn Phe Tyr Glu
 305 310 315 320
 Gly Leu Asn Met Lys Val Glu Gln Glu Val Pro Leu Leu Leu Val Glu
 325 330 335
 Arg Gln Ala Leu Asn Glu Ala Arg Glu Gly Glu Lys Asn Gly His Tyr
 340 345 350
 His Met Pro Glu Thr Arg Gly Leu Cys Leu Ser Glu Glu Gln Thr Val
 355 360 365
 Ser Thr Val Arg Lys Arg Ser Lys His Gly Thr Gly Lys Trp Ala Gly
 370 375 380
 Asn Ile Thr Glu Pro Tyr Lys Leu Thr Arg Gln Cys Glu Val Thr Ala
 385 390 395 400
 Ile Leu Ile Leu Phe Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Ser Ile Leu
 405 410 415
 Ala His Glu Met Met His Ala Trp Met Arg Leu Lys Gly Phe Arg Thr
 420 425 430
 Leu Ser Gln Asp Val Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Met Ala His Lys
 435 440 445
 Trp Leu Asp Ala Glu Leu Ala Ala Gly Ser Thr Asn Ser Asn Ala Ala
 450 455 460
 Ser Ser Ser Ser Ser Ser Gln Gly Leu Lys Lys Gly Pro Arg Ser Gln
 465 470 475 480
 Tyr Glu Arg Lys Leu Gly Glu Phe Phe Lys His Gln Ile Glu Ser Asp
 485 490 495
 Ala Ser Pro Val Tyr Gly Asp Gly Phe Arg Ala Gly Arg Leu Ala Val
 500 505 510
 His Lys Tyr Gly Leu Arg Lys Thr Leu Glu His Ile Gln Met Thr Gly
 515 520 525
 Arg Phe Pro Val
 530

<211> 478
 <212> PRT
 <213> Theobroma cacao

5 <400> 9

```

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

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

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

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

Gly Arg Lys Val Ile Asp Asp Glu Tyr Gln Leu Glu Glu Asp Glu Gln
65          70          75          80

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

Tyr Glu Asn Ala Asn Met Tyr Gln Pro Met Pro Val His Phe Pro Met
          100          105          110

Gly Tyr Arg Ile Cys Ala Gly Cys Asn Thr Glu Ile Gly His Gly Arg
          115          120          125

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

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

Asn Tyr Arg Phe His Lys Ser Cys Tyr Lys Glu Arg Tyr His Pro Lys
          165          170          175

Cys Asp Val Cys Asn Asp Phe Ile Pro Thr Asn Pro Ala Gly Leu Ile
          180          185          190

Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Ile Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His
          195          200          205

Glu His Asp Ser Thr Pro Arg Cys Cys Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro
210          215          220
    
```

10

Gln Asp Thr Gly Tyr Val Ala Leu Asn Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu
225 230 235 240

Glu Cys Leu Asp Ser Ala Val Met Asp Thr Lys Gln Cys Gln Pro Leu
245 250 255

Tyr Leu Asp Ile Leu Glu Phe Tyr Glu Gly Leu Asn Met Lys Val Glu
260 265 270

Gln Gln Val Pro Leu Leu Leu Val Glu Arg Gln Ala Leu Asn Glu Ala
275 280 285

Arg Glu Gly Glu Lys Asn Gly His Tyr His Met Pro Glu Thr Arg Gly
290 295 300

Leu Cys Leu Ser Glu Glu Gln Thr Val Ser Thr Ile Leu Arg Gln Pro
305 310 315 320

Arg Phe Gly Thr Gly Asn Arg Ala Met Asp Met Ile Thr Glu Pro Cys
325 330 335

Lys Leu Thr Arg Arg Cys Glu Val Thr Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly
340 345 350

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

Ala Trp Met Arg Leu Gln Gly Phe Arg Thr Leu Ser Gln Asp Val Glu
370 375 380

Glu Gly Ile Cys Gln Val Leu Ala His Met Trp Leu Leu Thr Gln Leu
385 390 395 400

Glu Tyr Ala Ser Ser Ser Asn Val Ala Ser Ala Ser Ser Ser Ala Ser
405 410 415

Ser Arg Leu Gln Lys Gly Lys Arg Pro Gln Phe Glu Gly Lys Leu Gly
420 425 430

Glu Phe Phe Lys His Gln Ile Glu Ser Asp Thr Ser Pro Val Tyr Gly
435 440 445

Asp Gly Phe Arg Ala Gly His Gln Ala Val Tyr Lys Tyr Gly Leu Arg
450 455 460

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

5

<210> 10
<211> 474

<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 10

5

```

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

Ser Glu Gly His Tyr Tyr Lys Glu Asp Ala Gly Tyr Tyr Leu Pro Ser
          20          25          30

Thr Ser Gly Val Thr Asn Asn Gln Asn Glu Asn Glu Asp Ile Asp Arg
          35          40          45

Ala Ile Ala Leu Ser Leu Val Glu Glu Ser Arg Arg Ala Asn Asn Asn
          50          55          60

Val Asn Gly Glu Arg Ile Leu Ser Leu Gln Thr Leu Leu Glu Glu Asp
65          70          75          80

Glu Gln Leu Ala Arg Ala Ile Glu Gln Ser Leu Asn Leu Glu Ser Pro
          85          90          95

Pro Arg Tyr Gly Asn Glu Asn Met Tyr Gln Pro Pro Ile Gln Tyr Phe
          100          105          110

Pro Leu Gly Ile Cys Ala Gly Cys Tyr Thr Glu Ile Gly Phe Gly Arg
          115          120          125

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

Arg Ala Cys Asn Leu Pro Ile Ser Asp Tyr Glu Phe Ser Thr Ser Gly
          145          150          155          160

Asn Tyr Pro Tyr His Lys Ser Cys Tyr Lys Glu Ser Tyr His Pro Lys
          165          170          175

Cys Asp Val Cys Lys His Phe Ile Pro Thr Asn Pro Ala Gly Leu Ile
          180          185          190

Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Ile Gln Lys Tyr Cys Pro Thr His
          195          200          205

Glu His Asp Gly Thr Pro Arg Cys Cys Ser Cys Glu Arg Met Glu Ser
          210          215          220

Gln Glu Ala Gly Tyr Ile Ala Leu Lys Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu

```

225		230		235		240
Glu Cys Leu Asp	Ser Ser Ile Met Asp	Thr Asn Glu Cys Gln	Pro Leu			
	245	250	255			
His Ala Asp Ile	Gln Arg Phe Tyr Asp	Ser Leu Asn Met	Lys Leu Asp			
	260	265	270			
Gln Gln Ile Pro	Leu Leu Leu Val Glu Arg	Gln Ala Leu Asn Glu	Ala			
	275	280	285			
Arg Glu Gly Glu	Lys Asn Gly His Tyr His	Met Pro Glu Thr	Arg Gly			
	290	295	300			
Leu Cys Leu Ser	Glu Glu Leu Ser Thr Phe	Ser Arg Arg Pro	Arg Leu			
305	310	315	320			
Gly Thr Ala Met	Asp Met Arg Ala Gln	Pro Tyr Arg Pro	Thr Thr Arg			
	325	330	335			
Cys Asp Val Thr	Ala Ile Leu Val Leu Tyr	Gly Leu Pro Arg	Leu Leu			
	340	345	350			
Thr Gly Ser Ile	Leu Ala His Glu Met	Met His Ala Trp	Leu Arg Leu			
	355	360	365			
Lys Gly Tyr Arg	Thr Leu Ser Gln Asp	Val Glu Glu Gly	Ile Cys Gln			
	370	375	380			
Val Leu Ala His	Met Trp Leu Glu Ser	Glu Leu Ser Ser	Ala Ser Gly			
385	390	395	400			
Ser Asn Phe Val	Ser Ala Ser Ser Ser	Ser Ala Ser His	Thr Ser Arg			
	405	410	415			
Lys Gly Lys Arg	Pro Gln Phe Glu Arg	Lys Leu Gly Glu	Phe Phe Lys			
	420	425	430			
His Gln Ile Glu	Ser Asp Ile Ser Pro	Val Tyr Gly Asp	Gly Phe Arg			
	435	440	445			
Ala Gly Gln Lys	Ala Val Arg Lys Tyr	Gly Leu Gln Arg	Thr Leu His			
	450	455	460			
His Ile Arg Met	Thr Gly Thr Phe	Pro Tyr				
465	470					

5

<210> 11
<211> 478

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 11

5

```

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

Ser Glu Gly His Tyr Tyr Lys Glu Asp Ala Gly Tyr Tyr Leu Pro Ser
          20          25          30

Thr Ser Gly Val Thr Asn Asp Ala Trp Asn Gln Ser Gln Asn Gln Asn
          35          40          45

Glu Asn Glu Asp Ile Asp Arg Ala Ile Ala Leu Ser Leu Val Glu Glu
          50          55          60

Thr Gln Lys Ala Asn Asn Asn Val Asn Asp Tyr Arg Ser Gln Leu Glu
65          70          75          80

Glu Asp Glu Gln Leu Ala Arg Ala Ile Glu Gln Ser Leu Asn Leu Glu
          85          90          95

Ser Pro Pro Arg Tyr Gly Asn Glu Asn Met Tyr Gln Pro Pro Ile Gln
          100          105          110

Tyr Phe Pro Met Gly Ser Arg Ile Cys Ala Gly Cys Tyr Thr Glu Ile
          115          120          125

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

Cys Phe Arg Cys Arg Ala Cys Asn Leu Pro Ile Ser Asp Tyr Glu Phe
145          150          155          160

Ser Thr Ser Gly Asn Tyr Pro Tyr His Lys Ser Cys Tyr Lys Glu Ser
          165          170          175

Tyr His Pro Lys Cys Asp Val Cys Lys His Phe Ile Pro Thr Asn Pro
          180          185          190

Ala Gly Leu Ile Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Ile Gln Lys Tyr
          195          200          205

Cys Pro Thr His Glu His Asp Gly Thr Thr Arg Cys Cys Ser Cys Glu
          210          215          220

Arg Met Glu Ser Gln Glu Ala Gly Tyr Ile Ala Leu Lys Asp Gly Arg
225          230          235          240

```

Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ala Ile Met Asp Thr Asn Glu
 245 250 255
 Cys Gln Pro Leu His Ala Asp Ile Gln Arg Phe Tyr Glu Ser Leu Asn
 260 265 270
 Met Lys Leu Asp Gln Gln Ile Pro Leu Leu Leu Val Glu Arg Gln Ala
 275 280 285
 Leu Asn Glu Ala Arg Glu Gly Glu Lys Asn Gly His Tyr His Met Pro
 290 295 300
 Glu Thr Arg Gly Leu Cys Leu Ser Glu Glu Leu Ser Thr Phe Ser Arg
 305 310 315 320
 Arg Pro Arg Leu Gly Thr Thr Met Asp Met Arg Ala Gln Pro Tyr Arg
 325 330 335
 Pro Thr Thr Arg Cys Asp Val Thr Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly Leu
 340 345 350
 Pro Arg Leu Leu Thr Gly Ser Ile Leu Ala His Glu Met Met His Ala
 355 360 365
 Trp Leu Arg Leu Lys Gly Tyr Arg Thr Leu Ser Gln Asp Val Glu Glu
 370 375 380
 Gly Ile Cys Gln Val Leu Ser His Met Trp Leu Glu Ser Glu Leu Ser
 385 390 395 400
 Ser Ala Ser Gly Ser Asn Phe Val Ser Ala Ser Ser Ser Ser Ala Ser
 405 410 415
 His Thr Ser Arg Lys Gly Lys Arg Pro Gln Phe Glu Arg Lys Leu Gly
 420 425 430
 Glu Phe Phe Lys His Gln Ile Glu Ser Asp Ile Ser Pro Val Tyr Gly
 435 440 445
 Gly Gly Phe Arg Ala Gly Gln Lys Ala Val Ser Lys Tyr Gly Leu Gln
 450 455 460
 Arg Thr Leu His His Ile Arg Met Thr Gly Thr Phe Pro Tyr
 465 470 475

5 <210> 12
 <211> 462
 <212> PRT
 <213> Vitis vinifera

10 <400> 12

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

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

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

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

Lys Val Ile Asp Asn Glu Phe Gln Leu Glu Glu Asp Glu Gln Leu Ala
65 70 75 80

Arg Ala Ile Gln Glu Ser Leu Asn Ile Glu Ser Pro Pro Gln His Gly
85 90 95

Asn Gly Asn Gly Asn Gly Asn Ile Tyr Gln Pro Ile Pro Phe Pro Tyr
100 105 110

Ser Thr Gly Phe Arg Ile Cys Ala Gly Cys Asn Thr Glu Ile Gly His
115 120 125

Gly Arg Phe Leu Ser Cys Met Gly Ala Val Trp His Pro Glu Cys Phe
130 135 140

Arg Cys His Gly Cys Gly Tyr Pro Ile Ser Asp Tyr Glu Tyr Ser Met
145 150 155 160

Asn Gly Asn Tyr Pro Tyr His Lys Ser Cys Tyr Lys Glu His Tyr His
165 170 175

Pro Lys Cys Asp Val Cys Lys His Phe Ile Pro Thr Asn Pro Ala Gly
180 185 190

Leu Ile Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Val Gln Lys Tyr Cys Pro
195 200 205

Ser His Glu His Asp Arg Thr Pro Arg Cys Cys Ser Cys Glu Arg Met
210 215 220

Glu Pro Arg Asp Thr Arg Tyr Val Ala Leu Asn Asp Gly Arg Lys Leu
225 230 235 240

Cys Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ala Ile Met Asp Thr Asn Glu Cys Gln
 245 250 255
 Pro Leu Tyr Leu Asp Ile Gln Glu Phe Tyr Glu Gly Leu Asn Met Lys
 260 265 270
 Val Gln Gln Gln Val Pro Leu Leu Val Glu Arg Gln Ala Leu Asn
 275 280 285
 Glu Ala Met Glu Gly Glu Lys Ser Gly His His His Met Pro Glu Thr
 290 295 300
 Arg Gly Leu Cys Leu Ser Glu Glu Gln Thr Val Ser Thr Ile Leu Arg
 305 310 315 320
 Arg Pro Lys Ile Gly Thr Gly Asn Arg Val Met Asn Met Ile Thr Glu
 325 330 335
 Pro Cys Lys Leu Thr Arg Arg Cys Asp Val Thr Ala Val Leu Ile Leu
 340 345 350
 Tyr Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Ser Ile Leu Ala His Glu Met
 355 360 365
 Met His Ala Trp Leu Arg Leu Asn Gly Tyr Arg Thr Leu Ala Gln Asp
 370 375 380
 Val Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Leu Ala Tyr Met Trp Leu Asp Ala
 385 390 395 400
 Glu Leu Thr Ser Gly Ser Gly Arg Ser Gln Cys Glu Arg Lys Leu Gly
 405 410 415
 Gln Phe Phe Lys His Gln Ile Glu Ser Asp Thr Ser Leu Val Tyr Gly
 420 425 430
 Ala Gly Phe Arg Ala Gly His Gln Ala Val Leu Lys Tyr Gly Leu Pro
 435 440 445
 Ala Thr Leu Lys His Ile His Leu Thr Gly Asn Phe Pro Tyr
 450 455 460

5 <210> 13
 <211> 482
 <212> PRT
 <213> Vitis vinifera

10 <400> 13

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

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

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

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

Lys Val Ile Asp Glu Leu Asp Asn Glu Phe Gln Leu Glu Glu Asp Glu
65 70 75 80

Gln Leu Ala Arg Ala Ile Gln Glu Ser Leu Asn Ile Glu Ser Pro Pro
85 90 95

Gln His Gly Asn Gly Asn Gly Asn Gly Asn Ile Tyr Gln Pro Ile Pro
100 105 110

Phe Pro Tyr Ser Thr Gly Phe Arg Ile Cys Ala Gly Cys Asn Thr Glu
115 120 125

Ile Gly His Gly Arg Phe Leu Ser Cys Met Gly Ala Val Trp His Pro
130 135 140

Glu Cys Phe Arg Cys His Gly Cys Gly Tyr Pro Ile Ser Asp Tyr Glu
145 150 155 160

Tyr Ser Met Asn Gly Asn Tyr Pro Tyr His Lys Ser Cys Tyr Lys Glu
165 170 175

His Tyr His Pro Lys Cys Asp Val Cys Lys His Phe Ile Pro Thr Asn
180 185 190

Pro Ala Gly Leu Ile Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Val Gln Lys
195 200 205

Tyr Cys Pro Ser His Glu His Asp Arg Thr Pro Arg Cys Cys Ser Cys
210 215 220

Glu Arg Met Glu Pro Arg Asp Thr Arg Tyr Val Ala Leu Asn Asp Gly
225 230 235 240

Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ala Ile Met Asp Thr Asn
245 250 255

Glu Cys Gln Pro Leu Tyr Leu Asp Ile Gln Glu Phe Tyr Glu Gly Leu
 260 265 270
 Asn Met Lys Val Gln Gln Gln Val Pro Leu Leu Leu Val Glu Arg Gln
 275 280 285
 Ala Leu Asn Glu Ala Met Glu Gly Glu Lys Ser Gly His His His Met
 290 295 300
 Pro Glu Thr Arg Gly Leu Cys Leu Ser Glu Glu Gln Thr Val Ser Thr
 305 310 315 320
 Ile Leu Arg Arg Pro Lys Ile Gly Thr Gly Asn Arg Val Met Asn Met
 325 330 335
 Ile Thr Glu Pro Cys Lys Leu Thr Arg Arg Cys Asp Val Thr Ala Val
 340 345 350
 Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Ser Ile Leu Ala
 355 360 365
 His Glu Met Met His Ala Trp Leu Arg Leu Asn Gly Tyr Arg Thr Leu
 370 375 380
 Ala Gln Asp Val Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Leu Ala Tyr Met Trp
 385 390 395 400
 Leu Asp Ala Glu Leu Thr Ser Gly Ser Gly Ser Asn Val Pro Ser Thr
 405 410 415
 Ser Ser Ala Ser Thr Ser Ser Lys Lys Gly Ala Gly Ser Gln Cys Glu
 420 425 430
 Arg Lys Leu Gly Gln Phe Phe Lys His Gln Ile Glu Ser Asp Thr Ser
 435 440 445
 Leu Val Tyr Gly Ala Gly Phe Arg Ala Gly His Gln Ala Val Leu Lys
 450 455 460
 Tyr Gly Leu Pro Ala Thr Leu Lys His Ile His Leu Thr Gly Asn Phe
 465 470 475 480

Pro Tyr

5 <210> 14
 <211> 486
 <212> PRT
 <213> Solanum lycopersicum

10 <400> 14

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

[illegible]

```
5      <210> 15
      <211> 878
      <212> PRT
      <213> Oryza sativa
```

<400> 15

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

5

Asn Gly Ala Val Val Pro Arg Val Asn His Ala Gln Ser Ser Arg Gln
 245 250 255
 Pro Ala Ile Ser Thr Ser Glu Lys Thr Gly Leu Glu Gly Leu Thr Gly
 260 265 270
 Leu Met Val Pro Thr Ser Arg Ala Phe Thr Ile Val Asp Leu Phe Glu
 275 280 285
 Gly Ala Val Glu Lys Ile Ser Glu Val Trp Val Thr Val Gly Asp Ala
 290 295 300
 Arg Thr Glu Leu Glu Gln Glu Leu Val Leu Tyr Lys Gln Pro His Lys
 305 310 315 320
 Ser Val Pro Ser Asn Ile Ala Ile Trp Ser Thr Met Gly Trp Leu Thr
 325 330 335
 Lys Phe Phe Arg Gly Ser Thr His Lys Ile Ser Glu Gly Gln Tyr His
 340 345 350
 Ser Lys Pro Ala Glu Glu Thr Ile Trp Asn Gly Pro Ser Asn Ser Ala
 355 360 365
 Val Val Thr Met Val Tyr Pro Leu Glu Ser Thr Phe Gly Gln Leu Asp
 370 375 380
 Leu Leu Leu Leu Ala Thr Asp Leu Arg Gln Leu Val Ile Asp Asp Val
 385 390 395 400
 Asp Cys Cys Lys Leu Arg Gln Gln Ala Gln Pro Val Leu His Leu Met
 405 410 415
 Tyr Ser Gln Leu Gln Leu Leu Gln Thr Ser His Ala His Gln His Gly
 420 425 430
 Asp Val Pro Ser Glu Phe Asp Asn Glu Asp Ile Ala Arg Ala Ile Ser
 435 440 445
 Leu Ser Leu Leu Glu Glu Glu Gln Arg Lys Ala Lys Ala Ile Glu Lys
 450 455 460
 Asp Met His Leu Glu Glu Asp Glu Gln Leu Ala Arg Ala Ile Gln Glu
 465 470 475 480
 Ser Leu Asn Val Glu Ser Pro Pro Arg Ala Arg Glu Asn Gly Asn Ala
 485 490 495

Asn Gly Gly Asn Met Tyr Gln Pro Leu Pro Phe Met Phe Ser Ser Gly
500 505 510

Phe Arg Thr Cys Ala Gly Cys His Ser Glu Ile Gly His Gly Arg Phe
515 520 525

Leu Ser Cys Met Gly Ala Val Trp His Pro Glu Cys Phe Arg Cys His
530 535 540

Ala Cys Asn Gln Pro Ile Tyr Asp Tyr Glu Phe Ser Met Ser Gly Asn
545 550 555 560

His Pro Tyr His Lys Thr Cys Tyr Lys Glu Arg Phe His Pro Lys Cys
565 570 575

Asp Val Cys Lys Gln Phe Ile Pro Thr Asn Met Asn Gly Leu Ile Glu
580 585 590

Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Leu Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu
595 600 605

Val Asp Gly Thr Pro Arg Cys Cys Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro Arg
610 615 620

Glu Ser Arg Tyr Val Leu Leu Asp Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu
625 630 635 640

Cys Leu Asp Ser Ala Val Met Asp Thr Ser Glu Cys Gln Pro Leu Tyr
645 650 655

Leu Glu Ile Gln Glu Phe Tyr Glu Gly Leu Asn Met Lys Val Glu Gln
660 665 670

Gln Val Pro Leu Leu Leu Val Glu Arg Gln Ala Leu Asn Glu Ala Met
675 680 685

Glu Gly Glu Lys Thr Gly His His His Leu Pro Glu Thr Arg Gly Leu
690 695 700

Cys Leu Ser Glu Glu Gln Thr Val Ser Thr Ile Leu Arg Arg Pro Arg
705 710 715 720

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

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

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

Leu Arg Leu Lys Gly Tyr Arg Thr Leu Ser Pro Asp Val Glu Glu Gly
770 775 780

Ile Cys Gln Val Leu Ala His Met Trp Ile Glu Ser Glu Ile Ile Ala
785 790 795 800

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

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

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

Asp Gly Phe Arg Ala Gly Asn Arg Ala Val Leu Gln Tyr Gly Leu Lys
850 855 860

Arg Thr Leu Glu His Ile Arg Leu Thr Gly Thr Phe Pro Phe
865 870 875

5 <210> 16
<211> 486
<212> PRT
<213> Oryza sativa

10 <400> 16

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

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

Pro Ser Asn Ser Ala Val Val Thr Asp Val Pro Ser Glu Phe Asp Asn
35 40 45

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

Arg Lys Ala Lys Ala Ile Glu Lys Asp Met His Leu Glu Glu Asp Glu
65 70 75 80

Gln Leu Ala Arg Ala Ile Gln Glu Ser Leu Asn Val Glu Ser Pro Pro
85 90 95

Arg Ala Arg Glu Asn Gly Asn Ala Asn Gly Gly Asn Met Tyr Gln Pro
100 105 110

Leu Pro Phe Met Phe Ser Ser Gly Phe Arg Thr Cys Ala Gly Cys His
115 120 125

Ser Glu Ile Gly His Gly Arg Phe Leu Ser Cys Met Gly Ala Val Trp
130 135 140

His Pro Glu Cys Phe Arg Cys His Ala Cys Asn Gln Pro Ile Tyr Asp
145 150 155 160

Tyr Glu Phe Ser Met Ser Gly Asn His Pro Tyr His Lys Thr Cys Tyr
165 170 175

Lys Glu Arg Phe His Pro Lys Cys Asp Val Cys Lys Gln Phe Ile Pro
180 185 190

Thr Asn Met Asn Gly Leu Ile Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Leu
195 200 205

Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu Val Asp Gly Thr Pro Arg Cys Cys
210 215 220

Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro Arg Glu Ser Arg Tyr Val Leu Leu Asp
225 230 235 240

Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ala Val Met Asp
245 250 255

Thr Ser Glu Cys Gln Pro Leu Tyr Leu Glu Ile Gln Glu Phe Tyr Glu
260 265 270

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

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

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

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

Met Ile Thr Glu Pro Tyr Arg Leu Thr Arg Arg Cys Glu Val Thr Ala
340 345 350

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

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

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

Trp Ile Glu Ser Glu Ile Ile Ala Gly Ser Gly Ser Asn Gly Ala Ser
405 410 415

Thr Ser Ser Ser Ser Ser Ala Ser Thr Ser Ser Lys Lys Gly Gly Arg
420 425 430

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

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

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

Thr Gly Thr Phe Pro Phe
485

5 <210> 17
<211> 512
<212> PRT
<213> Brachypodium distachyon

10 <400> 17

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

Glu Gly Gln Arg Gln Ser Arg Pro Ala Glu Glu Ala Val Trp Asn Glu
20 25 30

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

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

Lys Ser Lys Gly Thr Gly Lys Asp Leu His Leu Asp Glu Asp Glu Gln
65 70 75 80

Leu Ala Arg Ala Ile His Glu Ser Leu Asn Val Glu Ser Pro Pro Cys
 85 90 95
 Ala Arg Asp Asn Gly Ser Pro Pro His Ala Arg Asp Asn Ser Ser Pro
 100 105 110
 Pro His Ala Arg Glu Asn Ser Ser His Pro Arg Ala Arg Glu Asn Gly
 115 120 125
 Ile Ala Asn Gly Gly Asn Ser Ile Gln His Ser Pro Phe Met Phe Ser
 130 135 140
 Ser Gly Phe Arg Thr Cys Ala Gly Cys His Ser Glu Ile Gly His Gly
 145 150 155 160
 Arg Phe Leu Ser Cys Met Gly Ala Val Trp His Pro Glu Cys Phe Cys
 165 170 175
 Cys His Ala Cys Ser Gln Pro Ile Tyr Asp Tyr Glu Phe Ser Met Ser
 180 185 190
 Gly Asn His Pro Tyr His Lys Thr Cys Tyr Lys Glu Arg Phe His Pro
 195 200 205
 Lys Cys Asp Val Cys Lys Gln Phe Ile Pro Thr Asn Met Asn Gly Leu
 210 215 220
 Ile Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Leu Gln Lys Tyr Cys Pro Ser
 225 230 235 240
 His Glu Val Asp Gly Thr Pro Arg Cys Cys Ser Cys Glu Arg Met Glu
 245 250 255
 Pro Arg Glu Ser Arg Tyr Val Leu Leu Asp Asp Gly Arg Lys Leu Cys
 260 265 270
 Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ala Val Met Asp Thr Thr Glu Cys Gln Pro
 275 280 285
 Leu Tyr Leu Glu Ile Gln Glu Phe Tyr Glu Gly Leu Asn Met Lys Val
 290 295 300
 Glu Gln Gln Val Pro Leu Leu Leu Val Glu Arg Gln Ala Leu Asn Glu
 305 310 315 320
 Ala Met Glu Gly Glu Lys Thr Gly His His His Leu Pro Glu Thr Arg
 325 330 335

Gly Leu Cys Leu Ser Glu Glu Gln Thr Val Ser Thr Ile Leu Arg Arg
340 345 350

Pro Arg Met Thr Gly Asn Lys Ile Met Glu Met Ile Thr Glu Pro Tyr
355 360 365

Arg Leu Thr Arg Arg Cys Glu Val Thr Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly
370 375 380

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

Ala Trp Leu Arg Leu Lys Gly Tyr Arg Thr Leu Ser Pro Glu Ile Glu
405 410 415

Glu Gly Ile Cys Gln Val Leu Ala His Met Trp Ile Glu Ser Glu Ile
420 425 430

Met Ala Gly Ser Ser Ser Asn Ala Ala Ser Thr Ser Ser Ser Ser
435 440 445

Ser Ser Ile Ser Ser Lys Lys Gly Gly Arg Ser Gln Phe Glu Arg Lys
450 455 460

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

Tyr Gly Asn Gly Phe Arg Ser Gly Asn Gln Ala Val Leu Gln Tyr Gly
485 490 495

Leu Lys Arg Thr Leu Glu His Ile Trp Leu Thr Gly Thr Trp Pro Phe
500 505 510

- 5 <210> 18
<211> 491
<212> PRT
<213> Brachypodium distachyon

- 10 <400> 18

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

Glu Gly Gln Asp Gln Ser Lys Pro Ala Glu Glu Thr Val Trp Asn Glu
20 25 30

Pro Ser Ser Ser Thr Ala Val Asn Tyr Ala Leu Ser Glu Phe Asp Asn
35 40 45

Glu Asp Ile Asp Arg Ala Ile Ala Leu Ser Leu Ser Glu Glu Glu Gln

50	55	60
Arg Lys Ser Lys Gly Thr Gly Lys Asp Gln His Leu Asp Glu Asp Glu		
65	70	75 80
Gln Leu Ala Arg Ala Ile Gln Glu Ser Leu Asn Val Glu Ser Pro Pro		
	85	90 95
Arg Ala Arg Glu Lys Ser Ser His Pro Arg Ala Arg Glu Asn Gly Ser		
	100	105 110
Ala Asn Gly Gly Asn Ser Tyr Gln Leu Pro Leu Met Phe Ser Ser Gly		
	115	120 125
Phe Arg Thr Cys Ala Gly Cys His Ser Glu Ile Gly His Gly Arg Phe		
	130	135 140
Leu Ser Cys Met Gly Ala Val Trp His Pro Glu Cys Phe Cys Cys His		
	145	150 155 160
Gly Cys Ser Gln Pro Ile Tyr Asp Tyr Glu Phe Ser Met Ser Gly Asn		
	165	170 175
His Pro Tyr His Lys Thr Cys Tyr Lys Glu Arg Phe His Pro Lys Cys		
	180	185 190
Asp Val Cys Gln Gln Phe Ile Pro Thr Asn Thr Asn Gly Leu Ile Glu		
	195	200 205
Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Leu Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu		
	210	215 220
Val Asp Gly Thr Pro Arg Cys Cys Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro Arg		
	225	230 235 240
Glu Ser Arg Tyr Val Leu Leu Asp Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu		
	245	250 255
Cys Leu Asp Ser Ala Val Met Asp Thr Thr Glu Cys Gln Pro Leu Tyr		
	260	265 270
Leu Glu Ile Gln Glu Phe Tyr Glu Gly Leu Asn Met Lys Val Glu Gln		
	275	280 285
Gln Val Pro Leu Leu Leu Val Glu Arg Gln Ala Leu Asn Glu Ala Met		
	290	295 300
Glu Gly Glu Lys Thr Gly His His His Leu Pro Glu Thr Arg Gly Leu		

305					310					315					320
Cys	Leu	Ser	Glu	Glu	Gln	Thr	Val	Ser	Thr	Ile	Leu	Arg	Arg	Pro	Arg
			325						330					335	
Met	Ala	Gly	Asn	Lys	Ile	Met	Glu	Met	Arg	Thr	Glu	Pro	Tyr	Arg	Leu
			340					345					350		
Thr	Arg	Arg	Cys	Glu	Val	Thr	Ala	Ile	Leu	Ile	Leu	Tyr	Gly	Leu	Pro
		355					360					365			
Arg	Leu	Leu	Thr	Gly	Ser	Ile	Leu	Ala	His	Glu	Met	Met	His	Ala	Trp
	370					375					380				
Leu	Arg	Leu	Lys	Gly	Tyr	Arg	Thr	Leu	Ser	Pro	Asp	Ile	Glu	Glu	Gly
385					390					395					400
Ile	Cys	Gln	Val	Leu	Ala	His	Met	Trp	Ile	Glu	Ser	Glu	Ile	Thr	Ala
			405						410					415	
Gly	Ser	Gly	Ser	Asn	Ala	Ala	Ser	Thr	Ser	Ser	Ser	Ser	Thr	Ser	Ser
			420					425					430		
Lys	Lys	Gly	Gly	Arg	Ser	Gln	Phe	Glu	Arg	Lys	Leu	Gly	Asp	Phe	Phe
		435					440					445			
Lys	His	Gln	Ile	Glu	Ser	Asp	Thr	Ser	Val	Ala	Tyr	Gly	Asp	Gly	Phe
	450					455					460				
Arg	Ala	Gly	Asn	Gln	Ala	Val	Leu	Gln	Tyr	Gly	Leu	Lys	Arg	Thr	Leu
465					470					475					480
Glu	His	Ile	Arg	Leu	Thr	Gly	Thr	Leu	Pro	Phe					
				485					490						

5 <210> 19
 <211> 486
 <212> PRT
 <213> Sorghum bicolor

10 <400> 19

Met Gly Trp Leu Thr Lys Phe Phe Arg Gly Ser Thr His Asn Ile Ser
1 5 10 15
Glu Gly Gln Tyr His Ser Arg Pro Ala Glu Asp Thr Ala Trp Asn Glu
20 25 30
Pro Ser Ser Ser Pro Val Val Thr Asp Ile Phe Ser Glu Phe Asn Asn
35 40 45

Glu Asp Ile Asp Arg Ala Ile Ala Leu Ser Leu Ser Glu Glu Glu Gln
 50 55 60
 Arg Lys Ala Lys Thr Ile Asp Lys Asp Met His Leu Glu Glu Asp Glu
 65 70 75 80
 Gln Leu Ala Arg Ala Ile Gln Glu Ser Leu Asn Val Glu Ser Pro Pro
 85 90 95
 Pro Ser Arg Glu Asn Gly Ser Ala Asn Gly Gly Asn Ala Tyr His Pro
 100 105 110
 Leu Pro Phe Met Phe Ser Ser Gly Phe Arg Ala Cys Ala Gly Cys His
 115 120 125
 Arg Glu Ile Gly His Gly Arg Phe Leu Ser Cys Met Gly Ala Val Trp
 130 135 140
 His Pro Glu Cys Phe Arg Cys His Ala Cys Ser Gln Pro Ile Tyr Asp
 145 150 155 160
 Tyr Glu Phe Ser Met Ser Gly Asn His Pro Tyr His Lys Thr Cys Tyr
 165 170 175
 Lys Glu Gln Phe His Pro Lys Cys Asp Val Cys Lys Gln Phe Ile Pro
 180 185 190
 Thr Asn Met Asn Gly Leu Ile Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe Trp Leu
 195 200 205
 Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu Val Asp Gly Thr Pro Arg Cys Cys
 210 215 220
 Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro Arg Glu Ser Arg Tyr Val Leu Leu Asp
 225 230 235 240
 Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ala Val Met Asp
 245 250 255
 Thr Asn Glu Cys Gln Pro Leu Tyr Leu Glu Ile Gln Glu Phe Tyr Glu
 260 265 270
 Gly Leu Asn Met Lys Val Glu Gln Gln Val Pro Leu Leu Leu Val Glu
 275 280 285
 Arg Gln Ala Leu Asn Glu Ala Met Glu Gly Glu Lys Ala Gly His His
 290 295 300

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

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

Met Ile Thr Glu Pro Tyr Arg Leu Thr Arg Arg Cys Glu Val Thr Ala
340 345 350

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

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

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

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

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

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

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

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

Thr Gly Thr Phe Pro Phe
485

5 <210> 20
<211> 508
<212> PRT
<213> Zea mays

10 <400> 20

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

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

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

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

Arg Lys Glu Lys Ala Ile Asp Lys Asp Met His Leu Glu Glu Asp Glu
65 70 75 80

Gln Leu Ala Arg Ala Ile Gln Glu Ser Leu Asn Val Glu Ser Pro Pro
85 90 95

Arg Arg Asn Gly Ser Ala Asn Gly Gly Thr Met Tyr His Pro Pro Arg
100 105 110

Glu Thr Gly Asn Ala Tyr Gln Pro Pro Arg Glu Asn Gly Ser Ala Asn
115 120 125

Gly Gly Asn Ala Tyr His Pro Leu Pro Phe Met Phe Ser Ser Gly Phe
130 135 140

Arg Ala Cys Ala Gly Cys His Arg Glu Ile Gly His Gly Arg Phe Leu
145 150 155 160

Ser Cys Met Gly Ala Val Trp His Pro Glu Cys Phe Arg Cys His Ala
165 170 175

Cys Ser Gln Pro Ile Tyr Asp Tyr Glu Phe Ser Met Ser Gly Asn His
180 185 190

Pro Tyr His Lys Thr Cys Tyr Lys Glu Gln Phe His Pro Lys Cys Asp
195 200 205

Val Cys Lys Gln Phe Ile Pro Thr Asn Met Asn Gly Leu Ile Glu Tyr
210 215 220

Arg Ala His Pro Phe Trp Val Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu Met
225 230 235 240

Asp Gly Thr Pro Arg Cys Cys Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro Arg Glu
245 250 255

Ser Lys Tyr Val Leu Leu Asp Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys
260 265 270

Leu Asp Ser Ala Val Met Asp Thr Asn Asp Cys Gln Pro Leu Tyr Leu
275 280 285

Glu Ile Gln Glu Phe Tyr Glu Gly Leu Asn Met Lys Val Glu Gln Gln
290 295 300

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

Gly Glu Lys Ala Gly His His His Leu Pro Glu Thr Arg Gly Leu Cys
325 330 335

Leu Ser Glu Glu Gln Thr Val Ser Thr Ile Leu Arg Pro Arg Met Ala
340 345 350

Gly Asn Lys Ile Met Gly Met Ile Thr Glu Pro Tyr Arg Leu Thr Arg
355 360 365

Arg Cys Glu Val Thr Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Pro Arg Leu
370 375 380

Leu Thr Gly Ser Ile Leu Ala His Glu Met Met His Ala Trp Leu Arg
385 390 395 400

Leu Lys Gly Tyr Arg Thr Leu Ser Pro Asp Val Glu Glu Gly Ile Cys
405 410 415

Gln Val Leu Ala His Met Trp Ile Glu Ser Glu Ile Met Ala Gly Ser
420 425 430

Gly Ser Ser Ala Ala Ser Ser Ser Ser Gly Ser Ser Ser Ser Thr Ser
435 440 445

Ser Lys Lys Gly Gly Arg Ser Gln Phe Glu His Arg Leu Gly Asp Phe
450 455 460

Phe Lys His Gln Ile Glu Thr Asp Thr Ser Met Ala Tyr Gly Asp Gly
465 470 475 480

Phe Arg Thr Gly Asn Arg Ala Val Leu His Tyr Gly Leu Lys Arg Thr
485 490 495

Leu Glu His Ile Arg Leu Thr Gly Thr Phe Pro Phe
500 505

5

<210> 21
<211> 553
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

10

<400> 21

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

Asp Gly Gln Cys Asn Gly Arg Tyr Arg Glu Asp Arg Asn Leu Glu Gly
20 25 30

Pro Arg Tyr Ser Ala Glu Gly Ser Asp Phe Asp Lys Glu Glu Ile Glu
35 40 45

Cys Ala Ile Ala Leu Ser Leu Ser Glu Gln Glu His Val Ile Pro Gln
50 55 60

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

Asp Asp Asp Asp Asp Glu Asp Glu Asp Glu Glu Tyr Met Arg Ala Gln
85 90 95

Leu Glu Ala Ala Glu Glu Glu Glu Arg Arg Val Ala Gln Ala Gln Ile
100 105 110

Glu Glu Glu Glu Lys Arg Arg Ala Glu Ala Gln Leu Glu Glu Thr Glu
115 120 125

Lys Leu Leu Ala Lys Ala Arg Leu Glu Glu Glu Glu Met Arg Arg Ser
130 135 140

Lys Ala Gln Leu Glu Glu Asp Glu Leu Leu Ala Lys Ala Leu Gln Glu
145 150 155 160

Ser Met Asn Val Gly Ser Pro Pro Arg Tyr Asp Pro Gly Asn Ile Leu
165 170 175

Gln Pro Tyr Pro Phe Leu Ile Pro Ser Ser His Arg Ile Cys Val Gly
180 185 190

Cys Gln Ala Glu Ile Gly His Gly Arg Phe Leu Ser Cys Met Gly Gly
195 200 205

Val Trp His Pro Glu Cys Phe Cys Cys Asn Ala Cys Asp Lys Pro Ile
210 215 220

Ile Asp Tyr Glu Phe Ser Met Ser Gly Asn Arg Pro Tyr His Lys Leu
225 230 235 240

Cys Tyr Lys Glu Gln His His Pro Lys Cys Asp Val Cys His Asn Phe
245 250 255

Ile Pro Thr Asn Pro Ala Gly Leu Ile Glu Tyr Arg Ala His Pro Phe
260 265 270

Trp Met Gln Lys Tyr Cys Pro Ser His Glu Arg Asp Gly Thr Pro Arg
275 280 285

Cys Cys Ser Cys Glu Arg Met Glu Pro Lys Asp Thr Lys Tyr Leu Ile
290 295 300

Leu Asp Asp Gly Arg Lys Leu Cys Leu Glu Cys Leu Asp Ser Ala Ile
305 310 315 320

Met Asp Thr His Glu Cys Gln Pro Leu Tyr Leu Glu Ile Arg Glu Phe
325 330 335

Tyr Glu Gly Leu His Met Lys Val Glu Gln Gln Ile Pro Met Leu Leu
340 345 350

Val Glu Arg Ser Ala Leu Asn Glu Ala Met Glu Gly Glu Lys His Gly
355 360 365

His His His Leu Pro Glu Thr Arg Gly Leu Cys Leu Ser Glu Glu Gln
370 375 380

Thr Val Thr Thr Val Leu Arg Arg Pro Arg Ile Gly Ala Gly Tyr Lys
385 390 395 400

Leu Ile Asp Met Ile Thr Glu Pro Cys Arg Leu Ile Arg Arg Cys Glu
405 410 415

Val Thr Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly
420 425 430

Ser Ile Leu Ala His Glu Met Met His Ala Trp Leu Arg Leu Asn Gly
435 440 445

Tyr Pro Asn Leu Arg Pro Glu Val Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Leu
450 455 460

Ala His Met Trp Leu Glu Ser Glu Thr Tyr Ala Gly Ser Thr Leu Val
465 470 475 480

Asp Ile Ala Ser Ser Ser Ser Ser Ala Val Val Ser Ala Ser Ser Lys
485 490 495

Lys Gly Glu Arg Ser Asp Phe Glu Lys Lys Leu Gly Glu Phe Phe Lys
500 505 510

His Gln Ile Glu Ser Asp Ser Ser Ser Ala Tyr Gly Asp Gly Phe Arg
515 520 525

Gln Gly Asn Gln Ala Val Leu Lys His Gly Leu Arg Arg Thr Leu Asp
530 535 540

His Ile Arg Leu Thr Gly Thr Phe Pro
545 550

5 <210> 22
<211> 528
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 22

Met Asp Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Ser Pro Ser Ser Ser Tyr
1 5 10 15

Gly Val Ala Arg Val Ser His Ile Ser Asn Pro Cys Ile Phe Gly Glu
20 25 30

Val Gly Ser Ser Ser Ser Ser Thr Tyr Arg Asp Lys Lys Trp Lys Leu
35 40 45

10 Met Lys Trp Val Ser Lys Leu Phe Lys Ser Gly Ser Asn Gly Gly Gly
50 55 60
Ser Gly Ala His Thr Asn His His Pro Pro Gln Phe Gln Glu Asp Glu
65 70 75 80

Asn Met Val Phe Pro Leu Pro Pro Ser Ser Leu Asp Asp Arg Ser Arg
85 90 95

Gly Ala Arg Asp Lys Glu Glu Leu Asp Arg Ser Ile Ser Leu Ser Leu
100 105 110

Ala Asp Asn Thr Lys Arg Pro His Gly Tyr Gly Trp Ser Met Asp Asn
115 120 125

Asn Arg Asp Phe Pro Arg Pro Phe His Gly Gly Leu Asn Pro Ser Ser
130 135 140

Phe Ile Pro Pro Tyr Glu Pro Ser Tyr Gln Tyr Arg Arg Arg Gln Arg
145 150 155 160

Ile Cys Gly Gly Cys Asn Ser Asp Ile Gly Ser Gly Asn Tyr Leu Gly
165 170 175

Cys Met Gly Thr Phe Phe His Pro Glu Cys Phe Arg Cys His Ser Cys

180							185						190					
Gly	Tyr	Ala	Ile	Thr	Glu	His	Glu	Phe	Ser	Leu	Ser	Gly	Thr	Lys	Pro			
		195					200					205						
Tyr	His	Lys	Leu	Cys	Phe	Lys	Glu	Leu	Thr	His	Pro	Lys	Cys	Glu	Val			
	210					215					220							
Cys	His	His	Phe	Ile	Pro	Thr	Asn	Asp	Ala	Gly	Leu	Ile	Glu	Tyr	Arg			
225					230					235					240			
Cys	His	Pro	Phe	Trp	Asn	Gln	Lys	Tyr	Cys	Pro	Ser	His	Glu	Tyr	Asp			
				245					250					255				
Lys	Thr	Ala	Arg	Cys	Cys	Ser	Cys	Glu	Arg	Leu	Glu	Ser	Trp	Asp	Val			
			260					265					270					
Arg	Tyr	Tyr	Thr	Leu	Glu	Asp	Gly	Arg	Ser	Leu	Cys	Leu	Glu	Cys	Met			
		275					280					285						
Glu	Thr	Ala	Ile	Thr	Asp	Thr	Gly	Glu	Cys	Gln	Pro	Leu	Tyr	His	Ala			
	290					295					300							
Ile	Arg	Asp	Tyr	Tyr	Glu	Gly	Met	Tyr	Met	Lys	Leu	Asp	Gln	Gln	Ile			
305					310					315					320			
Pro	Met	Leu	Leu	Val	Gln	Arg	Glu	Ala	Leu	Asn	Asp	Ala	Ile	Val	Gly			
				325					330					335				
Glu	Lys	Asn	Gly	Tyr	His	His	Met	Pro	Glu	Thr	Arg	Gly	Leu	Cys	Leu			
			340					345					350					
Ser	Glu	Glu	Gln	Thr	Val	Thr	Ser	Val	Leu	Arg	Arg	Pro	Arg	Leu	Gly			
		355					360					365						
Ala	His	Arg	Leu	Val	Gly	Met	Arg	Thr	Gln	Pro	Gln	Arg	Leu	Thr	Arg			
	370					375					380							
Lys	Cys	Glu	Val	Thr	Ala	Ile	Leu	Val	Leu	Tyr	Gly	Leu	Pro	Arg	Leu			
385					390					395					400			
Leu	Thr	Gly	Ala	Ile	Leu	Ala	His	Glu	Leu	Met	His	Gly	Trp	Leu	Arg			
				405					410					415				
Leu	Asn	Gly	Phe	Arg	Asn	Leu	Asn	Pro	Glu	Val	Glu	Glu	Gly	Ile	Cys			
			420					425					430					
Gln	Val	Leu	Ser	Tyr	Met	Trp	Leu	Glu	Ser	Glu	Val	Leu	Ser	Asp	Pro			

435 440 445

Ser Thr Arg Asn Leu Pro Ser Thr Ser Ser Val Ala Thr Ser Ser Ser
450 455 460

Ser Ser Phe Ser Asn Lys Lys Gly Gly Lys Ser Asn Val Glu Lys Lys
465 470 475 480

Leu Gly Glu Phe Phe Lys His Gln Ile Ala His Asp Ala Ser Pro Ala
485 490 495

Tyr Gly Gly Gly Phe Arg Ala Ala Asn Ala Ala Ala Cys Lys Tyr Gly
500 505 510

Leu Arg Arg Thr Leu Asp His Ile Arg Leu Thr Gly Thr Phe Pro Leu
515 520 525

<210> 23
<211> 1613
5 <212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 23

Met Glu Pro Pro Ala Ala Arg Val Thr Pro Ser Ile Lys Ala Asp Cys
1 5 10 15

Ser His Ser Val Asn Ile Ile Cys Glu Glu Thr Val Leu His Ser Leu
20 25 30

Val Ser His Leu Ser Ala Ala Leu Arg Arg Glu Gly Ile Ser Val Phe
35 40 45

Val Asp Ala Cys Gly Leu Gln Glu Thr Lys Phe Phe Ser Ile Lys Gln
50 55 60
10 Asn Gln Pro Leu Thr Asp Gly Ala Arg Val Leu Val Val Val Ile Ser
65 70 75 80

Asp Glu Val Glu Phe Tyr Asp Pro Trp Phe Pro Lys Phe Leu Lys Val
85 90 95

Ile Gln Gly Trp Gln Asn Asn Gly His Val Val Val Pro Val Phe Tyr
100 105 110
Gly Val Asp Ser Leu Thr Arg Val Tyr Gly Trp Ala Asn Ser Trp Leu
115 120 125

Glu Ala Glu Lys Leu Thr Ser His Gln Ser Lys Ile Leu Ser Asn Asn
130 135 140

Val Leu Thr Asp Ser Glu Leu Val Glu Glu Ile Val Arg Asp Val Tyr
145 150 155 160

Gly Lys Leu Tyr Pro Ala Glu Arg Val Gly Ile Tyr Ala Arg Leu Leu
165 170 175

Glu Ile Glu Lys Leu Leu Tyr Lys Gln His Arg Asp Ile Arg Ser Ile
180 185 190

Gly Ile Trp Gly Met Pro Gly Ile Gly Lys Thr Thr Leu Ala Lys Ala
195 200 205

Val Phe Asn His Met Ser Thr Asp Tyr Asp Ala Ser Cys Phe Ile Glu
210 215 220

Asn Phe Asp Glu Ala Phe His Lys Glu Gly Leu His Arg Leu Leu Lys
225 230 235 240

Glu Arg Ile Gly Lys Ile Leu Lys Asp Glu Phe Asp Ile Glu Ser Ser
245 250 255

Tyr Ile Met Arg Pro Thr Leu His Arg Asp Lys Leu Tyr Asp Lys Arg
260 265 270

Ile Leu Val Val Leu Asp Asp Val Arg Asp Ser Leu Ala Ala Glu Ser
275 280 285

Phe Leu Lys Arg Leu Asp Trp Phe Gly Ser Gly Ser Leu Ile Ile Ile
290 295 300

Thr Ser Val Asp Lys Gln Val Phe Ala Phe Cys Gln Ile Asn Gln Ile
305 310 315 320

Tyr Thr Val Gln Gly Leu Asn Val His Glu Ala Leu Gln Leu Phe Ser
325 330 335

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

Ser Met Lys Val Ile Asp Tyr Val Asn Gly Asn Pro Leu Ala Leu Ser
355 360 365

Ile Tyr Gly Arg Glu Leu Met Gly Lys Lys Ser Glu Met Glu Thr Ala
370 375 380

Phe Phe Glu Leu Lys His Cys Pro Pro Leu Lys Ile Gln Asp Val Leu
385 390 395 400

Lys Asn Ala Tyr Ser Ala Leu Ser Asp Asn Glu Lys Asn Ile Val Leu
 405 410 415
 Asp Ile Ala Phe Phe Phe Lys Gly Glu Thr Val Asn Tyr Val Met Gln
 420 425 430
 Leu Leu Glu Glu Ser His Tyr Phe Pro Arg Leu Ala Ile Asp Val Leu
 435 440 445
 Val Asp Lys Cys Val Leu Thr Ile Ser Glu Asn Thr Val Gln Met Asn
 450 455 460
 Asn Leu Ile Gln Asp Thr Cys Gln Glu Ile Phe Asn Gly Glu Ile Glu
 465 470 475 480
 Thr Cys Thr Arg Met Trp Glu Pro Ser Arg Ile Arg Tyr Leu Leu Glu
 485 490 495
 Tyr Asp Glu Leu Glu Gly Ser Gly Glu Thr Lys Ala Met Pro Lys Ser
 500 505 510
 Gly Leu Val Ala Glu His Ile Glu Ser Ile Phe Leu Asp Thr Ser Asn
 515 520 525
 Val Lys Phe Asp Val Lys His Asp Ala Phe Lys Asn Met Phe Asn Leu
 530 535 540
 Lys Phe Leu Lys Ile Tyr Asn Ser Cys Ser Lys Tyr Ile Ser Gly Leu
 545 550 555 560
 Asn Phe Pro Lys Gly Leu Asp Ser Leu Pro Tyr Glu Leu Arg Leu Leu
 565 570 575
 His Trp Glu Asn Tyr Pro Leu Gln Ser Leu Pro Gln Asp Phe Asp Phe
 580 585 590
 Gly His Leu Val Lys Leu Ser Met Pro Tyr Ser Gln Leu His Lys Leu
 595 600 605
 Gly Thr Arg Val Lys Asp Leu Val Met Leu Lys Arg Leu Ile Leu Ser
 610 615 620
 His Ser Leu Gln Leu Val Glu Cys Asp Ile Leu Ile Tyr Ala Gln Asn
 625 630 635 640
 Ile Glu Leu Ile Asp Leu Gln Gly Cys Thr Gly Leu Gln Arg Phe Pro
 645 650 655

Asp Thr Ser Gln Leu Gln Asn Leu Arg Val Val Asn Leu Ser Gly Cys
 660 665 670

Thr Glu Ile Lys Cys Phe Ser Gly Val Pro Pro Asn Ile Glu Glu Leu
 675 680 685

His Leu Gln Gly Thr Arg Ile Arg Glu Ile Pro Ile Phe Asn Ala Thr
 690 695 700

His Pro Pro Lys Val Lys Leu Asp Arg Lys Lys Leu Trp Asn Leu Leu
 705 710 715 720
 Glu Asn Phe Ser Asp Val Glu His Ile Asp Leu Glu Cys Val Thr Asn
 725 730 735

Leu Ala Thr Val Thr Ser Asn Asn His Val Met Gly Lys Leu Val Cys
 740 745 750

Leu Asn Met Lys Tyr Cys Ser Asn Leu Arg Gly Leu Pro Asp Met Val
 755 760 765

Ser Leu Glu Ser Leu Lys Val Leu Tyr Leu Ser Gly Cys Ser Glu Leu
 770 775 780
 Glu Lys Ile Met Gly Phe Pro Arg Asn Leu Lys Lys Leu Tyr Val Gly
 785 790 795 800

Gly Thr Ala Ile Arg Glu Leu Pro Gln Leu Pro Asn Ser Leu Glu Phe
 805 810 815

Leu Asn Ala His Gly Cys Lys His Leu Lys Ser Ile Asn Leu Asp Phe
 820 825 830

Glu Gln Leu Pro Arg His Phe Ile Phe Ser Asn Cys Tyr Arg Phe Ser
 835 840 845
 Ser Gln Val Ile Ala Glu Phe Val Glu Lys Gly Leu Val Ala Ser Leu
 850 855 860

Ala Arg Ala Lys Gln Glu Glu Leu Ile Lys Ala Pro Glu Val Ile Ile
 865 870 875 880

Cys Ile Pro Met Asp Thr Arg Gln Arg Ser Ser Phe Arg Leu Gln Ala
 885 890 895

Gly Arg Asn Ala Met Thr Asp Leu Val Pro Trp Met Gln Lys Pro Ile
 900 905 910

Ser Gly Phe Ser Met Ser Val Val Val Ser Phe Gln Asp Asp Tyr His
915 920 925

Asn Asp Val Gly Leu Arg Ile Arg Cys Val Gly Thr Trp Lys Thr Trp
930 935 940

Asn Asn Gln Pro Asp Arg Ile Val Glu Arg Phe Phe Gln Cys Trp Ala
945 950 955 960

Pro Thr Glu Ala Pro Lys Val Val Ala Asp His Ile Phe Val Leu Tyr
965 970 975

Asp Thr Lys Met His Pro Ser Asp Ser Glu Glu Asn His Ile Ser Met
980 985 990

Trp Ala His Glu Val Lys Phe Glu Phe His Thr Val Ser Gly Glu Asn
995 1000 1005

Asn Pro Leu Gly Ala Ser Cys Lys Val Thr Glu Cys Gly Val Glu
1010 1015 1020

Val Ile Thr Ala Ala Thr Gly Asp Thr Ser Val Ser Gly Ile Ile
1025 1030 1035

Arg Glu Ser Glu Thr Ile Thr Ile Ile Glu Lys Glu Asp Thr Ile
1040 1045 1050

Ile Asp Glu Glu Asp Thr Pro Leu Leu Ser Arg Lys Pro Glu Glu
1055 1060 1065

Thr Asn Arg Ser Arg Ser Ser Ser Glu Leu Gln Lys Leu Ser Ser
1070 1075 1080

Thr Ser Ser Lys Val Arg Ser Lys Gly Asn Val Phe Trp Lys Trp
1085 1090 1095

Leu Gly Cys Phe Pro Leu Gln Pro Lys Asn Leu Arg Ser Arg Ser
1100 1105 1110

Arg Arg Thr Thr Ala Leu Glu Glu Ala Leu Glu Glu Ala Leu Lys
1115 1120 1125

Glu Arg Glu Lys Leu Glu Asp Thr Arg Glu Leu Gln Ile Ala Leu
1130 1135 1140

Ile Glu Ser Lys Lys Ile Lys Lys Ile Lys Gln Ala Asp Glu Arg
1145 1150 1155

Asp	Gln	Ile	Lys	His	Ala	Asp	Glu	Arg	Glu	Gln	Arg	Lys	His	Ser
1160						1165					1170			
Lys	Asp	His	Glu	Glu	Glu	Glu	Ile	Glu	Ser	Asn	Glu	Lys	Glu	Glu
1175						1180					1185			
Arg	Arg	His	Ser	Lys	Asp	Tyr	Val	Ile	Glu	Glu	Leu	Val	Leu	Lys
1190						1195					1200			
Gly	Lys	Gly	Lys	Arg	Lys	Gln	Leu	Asp	Asp	Asp	Lys	Ala	Asp	Glu
1205						1210					1215			
Lys	Glu	Gln	Ile	Lys	His	Ser	Lys	Asp	His	Val	Glu	Glu	Glu	Val
1220						1225					1230			
Asn	Pro	Pro	Leu	Ser	Lys	Cys	Lys	Asp	Cys	Lys	Ser	Ala	Ile	Glu
1235						1240					1245			
Asp	Gly	Ile	Ser	Ile	Asn	Ala	Tyr	Gly	Ser	Val	Trp	His	Pro	Gln
1250						1255					1260			
Cys	Phe	Cys	Cys	Leu	Arg	Cys	Arg	Glu	Pro	Ile	Ala	Met	Asn	Glu
1265						1270					1275			
Ile	Ser	Asp	Leu	Arg	Gly	Met	Tyr	His	Lys	Pro	Cys	Tyr	Lys	Glu
1280						1285					1290			
Leu	Arg	His	Pro	Asn	Cys	Tyr	Val	Cys	Glu	Lys	Lys	Ile	Pro	Arg
1295						1300					1305			
Thr	Ala	Glu	Gly	Leu	Lys	Tyr	His	Glu	His	Pro	Phe	Trp	Met	Glu
1310						1315					1320			
Thr	Tyr	Cys	Pro	Ser	His	Asp	Gly	Asp	Gly	Thr	Pro	Lys	Cys	Cys
1325						1330					1335			
Ser	Cys	Glu	Arg	Leu	Glu	His	Cys	Gly	Thr	Gln	Tyr	Val	Met	Leu
1340						1345					1350			
Ala	Asp	Phe	Arg	Trp	Leu	Cys	Arg	Glu	Cys	Met	Asp	Ser	Ala	Ile
1355						1360					1365			
Met	Asp	Ser	Asp	Glu	Cys	Gln	Pro	Leu	His	Phe	Glu	Ile	Arg	Glu
1370						1375					1380			
Phe	Phe	Glu	Gly	Leu	His	Met	Lys	Ile	Glu	Glu	Glu	Phe	Pro	Val
1385						1390					1395			

Tyr Leu Val Glu Lys Asn Ala Leu Asn Lys Ala Glu Lys Glu Glu
 1400 1405 1410

 Lys Ile Asp Lys Gln Gly Asp Gln Cys Leu Met Val Val Arg Gly
 1415 1420 1425

 Ile Cys Leu Ser Glu Glu Gln Ile Val Thr Ser Val Ser Gln Gly
 1430 1435 1440

 Val Arg Arg Met Leu Asn Lys Gln Ile Leu Asp Thr Val Thr Glu
 1445 1450 1455
 Ser Gln Arg Val Val Arg Lys Cys Glu Val Thr Ala Ile Leu Ile
 1460 1465 1470

 Leu Tyr Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Tyr Ile Leu Ala His
 1475 1480 1485

 Glu Met Met His Ala Tyr Leu Arg Leu Asn Gly Tyr Arg Asn Leu
 1490 1495 1500

 Asn Met Val Leu Glu Glu Gly Leu Cys Gln Val Leu Gly Tyr Met
 1505 1510 1515
 Trp Leu Glu Cys Gln Thr Tyr Val Phe Asp Thr Ala Thr Ile Ala
 1520 1525 1530

 Ser Ser Ser Ser Ser Arg Thr Pro Leu Ser Thr Thr Thr Ser
 1535 1540 1545

 Lys Lys Val Asp Pro Ser Asp Phe Glu Lys Arg Leu Val Asn Phe
 1550 1555 1560

 Cys Lys His Gln Ile Glu Thr Asp Glu Ser Pro Phe Phe Gly Asp
 1565 1570 1575
 Gly Phe Arg Lys Val Asn Lys Met Met Ala Ser Asn Asn His Ser
 1580 1585 1590

 Leu Lys Asp Thr Leu Lys Glu Ile Ile Ser Ile Ser Lys Thr Pro
 1595 1600 1605

 Gln Tyr Ser Lys Leu
 1610

5

<210> 24 <211> 450
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

10

<:400> 24

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

Lys Ala Glu Glu Glu Glu Lys Ile Asp Tyr His Arg Ala Ala Val Thr
 245 250 255
 Arg Gly Leu Cys Met Ser Glu Glu Gln Ile Val Pro Ser Ile Ile Lys
 260 265 270
 Gly Pro Arg Met Gly Pro Asp Asn Gln Leu Ile Thr Asp Ile Val Thr
 275 280 285
 Glu Ser Gln Arg Val Ser Gly Phe Glu Val Thr Gly Ile Leu Ile Ile
 290 295 300
 Tyr Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Tyr Ile Leu Ala His Glu Met
 305 310 315 320
 Met His Ala Trp Leu Arg Leu Asn Gly Tyr Lys Asn Leu Lys Leu Glu
 325 330 335
 Leu Glu Glu Gly Leu Cys Gln Ala Leu Gly Leu Arg Trp Leu Glu Ser
 340 345 350
 Gln Thr Phe Ala Ser Thr Asp Ala Ala Ala Ala Ala Ala Val Ala Ser
 355 360 365
 Ser Ser Ser Phe Ser Ser Ser Thr Ala Pro Pro Ala Ala Ile Thr Ser
 370 375 380
 Lys Lys Ser Asp Asp Trp Ser Ile Phe Glu Lys Lys Leu Val Glu Phe
 385 390 395 400
 Cys Met Asn Gln Ile Lys Glu Asp Asp Ser Pro Val Tyr Gly Leu Gly
 405 410 415
 Phe Lys Gln Val Tyr Glu Met Met Val Ser Asn Asn Tyr Asn Ile Lys
 420 425 430
 Asp Thr Leu Lys Asp Ile Val Ser Ala Ser Asn Ala Thr Pro Asp Ser
 435 440 445
 Thr Val
 450

5

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

10

<400> 25

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

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

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

Arg Leu Val Pro Ile Phe Asn Glu Ile Asp Met Met Gln Gln Gly Ser
50 55 60

Asn Arg Gly Thr Ser Glu Leu Lys Val Leu Thr Glu Thr Met Glu Arg
65 70 75 80

Ala Gly Glu Met Val His Lys Cys Ser Arg Ile Gln Trp Tyr Ser Ile
85 90 95

Ala Lys Lys Ala Leu Tyr Thr Arg Glu Ile Lys Ala Ile Asn Gln Asp
100 105 110

Phe Leu Lys Phe Cys Gln Ile Glu Leu Gln Leu Ile Gln His Arg Asn
115 120 125

Gln Leu Gln Tyr Met Arg Ser Met Gly Met Ala Ser Val Ser Thr Lys
130 135 140

Ala Asp Leu Leu Ser Asp Ile Gly Asn Glu Phe Ser Lys Leu Cys Leu
145 150 155 160

Val Ala Gln Pro Glu Val Val Thr Lys Phe Trp Leu Lys Arg Pro Leu
165 170 175

Met Glu Leu Lys Lys Met Leu Phe Glu Asp Gly Val Val Thr Val Val
180 185 190

Val Ser Ala Pro Tyr Ala Leu Gly Lys Thr Thr Leu Val Thr Lys Leu
195 200 205

Cys His Asp Ala Asp Val Lys Glu Lys Phe Lys Gln Ile Phe Phe Ile
210 215 220

Ser Val Ser Lys Phe Pro Asn Val Arg Leu Ile Gly His Lys Leu Leu
225 230 235 240

Glu His Ile Gly Cys Lys Ala Asn Glu Tyr Glu Asn Asp Leu Asp Ala
245 250 255

Met Leu Tyr Ile Gln Gln Leu Leu Lys Gln Leu Gly Arg Asn Gly Ser
260 265 270

Ile Leu Leu Val Leu Asp Asp Val Trp Ala Glu Glu Glu Ser Leu Leu
275 280 285

Gln Lys Phe Leu Ile Gln Leu Pro Asp Tyr Lys Ile Leu Val Thr Ser
290 295 300

Arg Phe Glu Phe Thr Ser Phe Gly Pro Thr Phe His Leu Lys Pro Leu
305 310 315 320

Ile Asp Asp Glu Val Glu Cys Arg Asp Glu Ile Glu Glu Asn Glu Lys
325 330 335
Leu Pro Glu Val Asn Pro Pro Leu Ser Met Cys Gly Gly Cys Asn Ser
340 345 350

Ala Val Lys His Glu Glu Ser Val Asn Ile Leu Gly Val Leu Trp His
355 360 365

Pro Gly Cys Phe Cys Cys Arg Ser Cys Asp Lys Pro Ile Ala Ile His
370 375 380

Glu Leu Glu Asn His Val Ser Asn Ser Arg Gly Lys Phe His Lys Ser
385 390 395 400
Cys Tyr Glu Arg Tyr Cys Tyr Val Cys Lys Glu Lys Lys Met Lys Thr
405 410 415

Tyr Asn Ile His Pro Phe Trp Glu Glu Arg Tyr Cys Pro Val His Glu
420 425 430

Ala Asp Gly Thr Pro Lys Cys Cys Ser Cys Glu Arg Leu Glu Pro Arg
435 440 445

Gly Thr Lys Tyr Gly Lys Leu Ser Asp Gly Arg Trp Leu Cys Leu Glu
450 455 460
Cys Gly Lys Ser Ala Met Asp Ser Asp Glu Cys Gln Pro Leu Tyr Phe
465 470 475 480

Asp Met Arg Asp Phe Phe Glu Ser Leu Asn Met Lys Ile Glu Lys Glu
485 490 495

Phe Pro Leu Ile Leu Val Arg Lys Glu Leu Leu Asn Lys Lys Glu Glu
500 505 510

Lys Ile Asp Asn His Tyr Glu Val Leu Ile Arg Ala Tyr Cys Met Ser
515 520 525

Glu Gln Lys Ile Met Thr Tyr Val Ser Glu Glu Pro Arg Thr Gly Gln
530 535 540

Asn Lys Gln Leu Ile Asp Met Asp Thr Glu Pro Gln Gly Val Val His
545 550 555 560

Glu Cys Lys Val Thr Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Pro Arg Leu
565 570 575
Leu Thr Gly Tyr Ile Leu Ala His Glu Met Met His Ala Trp Leu Arg
580 585 590

Leu Asn Gly His Met Asn Leu Asn Asn Ile Leu Glu Glu Gly Ile Cys
595 600 605

Gln Val Leu Gly His Leu Trp Leu Glu Ser Gln Thr Tyr Ala Thr Ala
610 615 620

Asp Thr Thr Ala Asp Ala Ala Ser Ala Ser Ser Ser Ser Arg Thr
625 630 635 640
Pro Pro Ala Ala Ser Ala Ser Lys Lys Gly Glu Trp Ser Asp Phe Asp
645 650 655

Lys Lys Leu Val Glu Phe Cys Lys Asn Gln Ile Glu Thr Asp Glu Ser
660 665 670

Pro Val Tyr Gly Leu Gly Phe Arg Thr Val Asn Glu Met Val Thr Asn
675 680 685

Ser Ser Leu Gln Glu Thr Leu Lys Glu Ile Leu Arg Arg Arg
690 695 700

5 <210> 26
<211> 644
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

10 <400> 26

Met Ala Ser Asp Tyr Tyr Ser Ser Asp Asp Glu Gly Phe Gly Glu Lys
1 5 10 15

Val Gly Leu Ile Gly Glu Lys Asp Arg Phe Glu Ala Glu Thr Ile His
20 25 30

Val Ile Glu Val Ser Gln His Glu Ala Asp Ile Gln Lys Ala Lys Gln

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

290		295		300
Leu Trp His Pro Gly Cys Phe Cys Cys Arg Ala Cys His Lys Pro Ile				
305		310		315 320
Ala Ile His Asp Ile Glu Asn His Val Ser Asn Ser Arg Gly Lys Phe				
	325		330	335
His Lys Ser Cys Tyr Glu Arg Tyr Cys Tyr Val Cys Lys Glu Lys Lys				
	340		345	350
Met Lys Thr Tyr Asn Asn His Pro Phe Trp Glu Glu Arg Tyr Cys Pro				
	355		360	365
Val His Glu Ala Asp Gly Thr Pro Lys Cys Cys Ser Cys Glu Arg Leu				
	370		375	380
Glu Pro Arg Glu Ser Asn Tyr Val Met Leu Ala Asp Gly Arg Trp Leu				
	385		390	395 400
Cys Leu Glu Cys Met Asn Ser Ala Val Met Asp Ser Asp Glu Cys Gln				
	405		410	415
Pro Leu His Phe Asp Met Arg Asp Phe Phe Glu Gly Leu Asn Met Lys				
	420		425	430
Ile Glu Lys Glu Phe Pro Phe Leu Leu Val Glu Lys Gln Ala Leu Asn				
	435		440	445
Lys Ala Glu Lys Glu Glu Lys Ile Asp Tyr Gln Tyr Glu Val Val Thr				
	450		455	460
Arg Gly Ile Cys Leu Ser Glu Glu Gln Ile Val Asp Ser Val Ser Gln				
	465		470	475 480
Arg Pro Val Arg Gly Pro Asn Asn Lys Leu Val Gly Met Ala Thr Glu				
	485		490	495
Ser Gln Lys Val Thr Arg Glu Cys Glu Val Thr Ala Ile Leu Ile Leu				
	500		505	510
Tyr Gly Leu Pro Arg Leu Leu Thr Gly Tyr Ile Leu Ala His Glu Met				
	515		520	525
Met His Ala Tyr Leu Arg Leu Asn Gly His Arg Asn Leu Asn Asn Ile				
	530		535	540
Leu Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Leu Gly His Leu Trp Leu Asp Ser				

545	550								555				560			
Gln	Thr	Tyr	Ala	Thr	Ala	Asp	Ala	Thr	Ala	Asp	Ala	Ser	Ser	Ser	Ala	
				565					570					575		
Ser	Ser	Ser	Ser	Arg	Thr	Pro	Pro	Ala	Ala	Ser	Ala	Ser	Lys	Lys	Gly	
			580					585					590			
Glu	Trp	Ser	Asp	Phe	Asp	Lys	Lys	Leu	Val	Glu	Phe	Cys	Lys	Asn	Gln	
		595					600					605				
Ile	Glu	Thr	Asp	Asp	Ser	Pro	Val	Tyr	Gly	Leu	Gly	Phe	Arg	Thr	Val	
	610					615					620					
Asn	Glu	Met	Val	Thr	Asn	Ser	Ser	Leu	Gln	Glu	Thr	Leu	Lys	Glu	Ile	
625					630					635					640	

Leu Arg Gln Arg

```
<210> 27
<211> 587
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana
```

<400> 27

Met	Trp	Cys	Leu	Ser	Cys	Phe	Lys	Pro	Ser	Thr	Lys	His	Asp	Pro	Ser
1				5					10					15	
Glu	Asp	Arg	Phe	Glu	Glu	Glu	Thr	Asn	Ile	Val	Thr	Gly	Ile	Ser	Leu
			20					25					30		
Tyr	Glu	Asp	Val	Ile	Leu	Arg	Gln	Arg	Arg	Ser	Glu	Ala	Asp	Gln	Ile
		35					40					45			
Glu	Trp	Ala	Ile	Gln	Asp	Ser	Phe	Asn	Pro	Gln	Glu	Thr	Ser	Arg	Cys
	50					55					60				
Arg	Gln	Arg	Glu	Glu	Asp	Asp	Gln	Ile	Ala	Arg	Gly	Leu	Gln	Tyr	Val
65					70					75					80
Glu	Glu	Thr	Glu	Leu	Asp	Lys	Ser	Val	Val	Asp	Glu	Glu	Asp	Gln	Gln
				85					90					95	
Leu	Ser	Lys	Ile	Val	Glu	Glu	Ser	Leu	Lys	Glu	Lys	Gly	Lys	Ser	Lys
			100					105					110		
Gln	Phe	Glu	Asp	Asp	Gln	Val	Glu	Asn	Asp	Glu	Gln	Gln	Ala	Leu	Met
		115					120					125			

Val	Gln	Glu	Ser	Leu	Tyr	Met	Val	Glu	Leu	Ser	Ala	Gln	Leu	Glu	Glu
130						135					140				
Asp	Lys	Asn	Ile	Ser	Thr	Ile	Pro	Pro	Leu	Asn	Glu	Asp	Ala	Gln	Leu
145					150					155					160
Gln	Lys	Val	Ile	Trp	Glu	Ser	Ala	Lys	Gly	Lys	Gly	Gln	Ile	Glu	His
				165					170					175	
Phe	Lys	Asp	Pro	Val	Glu	Glu	Asp	Gly	Asn	Leu	Pro	Arg	Val	Asp	Leu
			180					185					190		
Asn	Val	Asn	His	Pro	His	Ser	Ile	Cys	Asp	Gly	Cys	Lys	Ser	Ala	Ile
		195					200					205			
Glu	Tyr	Gly	Arg	Ser	Val	His	Ala	Leu	Gly	Val	Asn	Trp	His	Pro	Glu
	210					215					220				
Cys	Phe	Cys	Cys	Arg	Tyr	Cys	Asp	Lys	Pro	Ile	Ala	Met	His	Glu	Phe
225					230					235					240
Ser	Asn	Thr	Lys	Gly	Arg	Cys	His	Ile	Thr	Cys	Tyr	Glu	Arg	Ser	His
				245					250					255	
Pro	Asn	Cys	His	Val	Cys	Lys	Lys	Lys	Phe	Pro	Gly	Arg	Lys	Tyr	Lys
			260					265					270		
Glu	His	Pro	Phe	Trp	Lys	Glu	Lys	Tyr	Cys	Pro	Phe	His	Glu	Val	Asp
		275					280					285			
Gly	Thr	Pro	Lys	Cys	Cys	Ser	Cys	Glu	Arg	Leu	Glu	Pro	Trp	Gly	Thr
	290					295					300				
Lys	Tyr	Val	Met	Leu	Ala	Asp	Asn	Arg	Trp	Leu	Cys	Val	Lys	Cys	Met
305					310					315					320
Glu	Cys	Ala	Val	Met	Asp	Thr	Tyr	Glu	Cys	Gln	Pro	Leu	His	Phe	Glu
				325					330					335	
Ile	Arg	Glu	Phe	Phe	Gly	Ser	Leu	Asn	Met	Lys	Val	Glu	Lys	Glu	Phe
			340					345					350		
Pro	Leu	Leu	Leu	Val	Glu	Lys	Glu	Ala	Leu	Lys	Lys	Ala	Glu	Ala	Gln
		355					360					365			
Glu	Lys	Ile	Asp	Asn	Gln	His	Gly	Val	Val	Thr	Arg	Gly	Ile	Cys	Leu
	370					375					380				

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

Pro Asn Gly Glu Leu Val Ser Leu Gly Thr Glu Pro Gln Lys Val Val
405 410 415

Gly Gly Cys Glu Val Thr Ala Ile Leu Ile Leu Tyr Gly Leu Pro Arg
420 425 430

Leu Leu Thr Gly Tyr Ile Leu Ala His Glu Met Met His Ala Trp Leu
435 440 445

Arg Leu Asn Gly Thr Thr Ser Thr Gln Phe Val Phe Ala Asn Gln Tyr
450 455 460

Gly Glu Ser Ser Gln Leu Lys Val Leu Phe Gly Leu Ile Thr Gly Tyr
465 470 475 480

Arg Asn Leu Lys Leu Glu Leu Glu Glu Gly Ile Cys Gln Val Leu Gly
485 490 495

His Met Trp Leu Glu Ser Gln Thr Tyr Ser Ser Ser Ala Ala Ala Ser
500 505 510

Ser Ala Ser Ser Ser Ser Arg Thr Pro Ala Ala Asn Ala Ser Lys Lys
515 520 525

Gly Ala Gln Ser Asp Tyr Glu Lys Lys Leu Val Glu Phe Cys Lys Asp
530 535 540

Gln Ile Glu Thr Asp Asp Ser Pro Val Tyr Gly Val Gly Phe Arg Lys
545 550 555 560

Val Asn Gln Met Val Ser Asp Ser Ser Leu His Lys Ile Leu Lys Ser
565 570 575

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

- 5 <210> 28
<211> 73
<212> PRT
<213> Штучна послідовність
- 10 <220>
<223> Синтетична послідовність: LIM-подібний домен
- <220>
<221> ВАРІАНТ
- 15 <222> (2)...(3)
<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
- <220>
<221> ВАРІАНТ
- 20 <222> (5)... (27)

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

5 <220>
<221> ВАРІАНТ
<222> (29)...(35)
<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

10 <220>
<221> ВАРІАНТ
<222> (37)... (38)
<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

15 <220>
<221> ВАРІАНТ
<222> (40)...(46)
<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

20 <220>
<221> ВАРІАНТ
<222> (49)...(49)
<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

25 <220>
<221> ВАРІАНТ
<222> (51)...(69)
<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

30 <220>
<221> ВАРІАНТ
<222> (71)...(72)
<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

<400> 28

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

Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа His Хаа Хаа Хаа Хаа
20 25 30

Хаа Хаа Хаа Cys Хаа Хаа His Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Cys Хаа
35 40 45

Хаа Cys Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа
50 55 60

35 Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Cys Хаа Хаа Cys
65 70

<210> 29
<211> 73
<212> PRT
40 <213> штучна послідовність

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

45 <220>

<221> ВАРІАНТ
 <222> (2)...(2)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
 5 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (5)... (27)
 <223> Хаа у положеннях 5-27 являє собою будь-яку амінокислоту, та до
 семи з них можуть бути відсутніми; являє собою діапазон 16-23 амінокислот.
 10 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (32) ... (34)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
 15 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (38) ... (38)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
 20 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (40)...(46)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
 25 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (53)... (53)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
 30 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (55)...(59)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
 35 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (61)...(62)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
 40 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (64)...(64)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
 45 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (66)...(66)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
 50 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (68)... (68)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
 55 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (71)...(72)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
 60 <400> 29

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

Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa His Pro Phe Trp Xaa
20 25 30

Xaa Xaa Tyr Cys Pro Xaa His Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Cys Cys
35 40 45
Ser Cys Glu Arg Xaa Glu Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Tyr Xaa Xaa Leu Xaa
50 55 60

Asp Xaa Arg Xaa Leu Cys Xaa Xaa Cys
65 70

5 <210> 30
<211> 66
<212> PRT
<213> Штучна послідовність

10 <220>
<223> Синтетична послідовність: LIM-подібний домен

<220>
<221> ВАРИАНТ
15 <222> (2)... (2)
<223> Хаа являє собою Asp, Glu, Tyr або His

<220>
<221> ВАРИАНТ
20 <222> (5)...(6)
<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

<220>
<221> ВАРИАНТ
25 <222> (7)...(7)
<223> Хаа являє собою Phe або Lys

<220>
<221> ВАРИАНТ
30 <222> (8)...(8)
<223> Хаа являє собою lie, Lys або Phe

<220>
<221> ВАРИАНТ
35 <222> (9)... (9)
<223> Може бути присутнім або відсутнім. У випадку наявності, Хаа являє собою Pro або Ser

<220>
<221> ВАРИАНТ
40 <222> (10)...(10)
<223> Може бути присутнім або відсутнім. У випадку наявності, Хаа являє собою Thr, Arg або Val

45 <220>
<221> ВАРИАНТ
<222> (11)...(11)

<223> Може бути присутнім або відсутнім. У випадку наявності, Хаа являє собою Asn або Thr

- 5 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (12)... (13)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
- 10 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (14)... (14)
 <223> Може бути присутнім або відсутнім. У випадку наявності, Хаа являє собою Gly
- 15 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (15)... (15)
 <223> Хаа являє собою Leu, lie, Met або Gly
- 20 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (16)...(16)
 <223> Хаа являє собою Arg, Lys або Ile
- 25 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (17) ... (17)
 <223> Хаа являє собою Glu, Gly, Lys або Thr
- 30 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (18)... (18)
 <223> Хаа являє собою Tyr або Phe
- 35 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (19)...(19)
 <223> Хаа являє собою Arg, His, Ser, Asn або Lys
- 40 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (20)...(20)
 <223> Хаа являє собою Ala, Cys, Glu, He або Asn
- 45 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (25)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
- 50 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (26)...(26)
 <223> Хаа являє собою Gln або Glu
- 55 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (27) ... (27)
 <223> Хаа являє собою Lys, Thr або Arg
- 60 <220>
 <221> ВАРІАНТ

- <222> (31)...(31)
 <223> Хаа являє собою Phe, Val, He, Ser або Thr
- 5
 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (33)...(33)
 <223> Хаа являє собою Glu або Asp
- 10
 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (34)... (34)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
- 15
 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (36)...(36)
 <223> Хаа являє собою Gly, Lys, Arg, Ser або Ala
- 20
 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (38)... (38)
 <223> Хаа являє собою Pro, Thr або Ala
- 25
 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (39)...(39)
 <223> Хаа являє собою Arg або Lys
- 30
 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (46)...(46)
 <223> Хаа являє собою Met або Leu
- 35
 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (48) ... (48)
 <223> Хаа являє собою Pro, Ser або His
- 40
 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (49)...(52)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
- 45
 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (54)...(55)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
- 50
 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (57) ... (57)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
- 55
 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (59)...(59)
 <223> Хаа являє собою Gly, Phe або Asn
- 60
 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (61)...(61)

<223> Хаа являє собою Arg, Lys, Ser або Trp

<220>
 <221> ВАРИАНТ
 5 <222> (64)... (64)
 <223> Хаа являє собою Leu, Arg або Val

<220>
 <221> ВАРИАНТ
 10 <222> (65)... (65)
 <223> Хаа являє собою Glu або Lys

<400> 30

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

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

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

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

Xaa Cys
 15 65

<210> 31
 <211> 66
 <212> PRT
 20 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 31

Cys	Asp	Val	Cys	Ser	His	Phe	Ile	Pro	Thr	Asn	His	Ala	Gly	Leu	Ile
1			5						10					15	

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

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

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

Glu Cys
 25 65

<210> 32
 <211> 5
 <212> PRT
 <213> Штучна послідовність

<220>
 <223> Синтетична послідовність: мотив активного сайту металопептидази

5 <400> 32

His Glu Met Met His
 1 5

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

<220>
 15 <223> Синтетична послідовність: мотив карбоксикінцевої, області

<220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (3)...(10)
 20 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

<220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (12)...(15)
 25 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

<400> 33

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

Glu Glu Gln

30 <210> 34
 <211> 18
 <212> PRT
 <213> Штучна послідовність

35 <220>
 <223> Синтетична послідовність: мотив карбоксикінцевої області

<220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (3)...(10)
 40 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

<220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (12)...(15)
 45 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

<400> 34

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

50 Glu Gln

<210> 35

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

5 <220>
 <223> Синтетична послідовність: домен UIM1

10 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (1)...(1)
 <223> Хаа являє собою залишок полярної амінокислоти, наприклад, Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr

15 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (2)... (4)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

20 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (5)...(5)
 <223> Хаа являє собою залишок полярної амінокислоти, наприклад Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr

25 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (7)...(7)
 <223> Хаа являє собою залишок полярної амінокислоти, наприклад Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr

30 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (8) ... (8)
 <223> Хаа являє собою залишок великої амінокислоти, наприклад Glu, Phe, His, Ile, Lys, Met, Gln, Arg, Trp або Tyr

35 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (10)...(10)
 <223> Хаа являє собою залишок алифатичної амінокислоти, наприклад lie, Leu або Val

40 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (11).. (11)
 <223> Хаа являє собою залишок полярної амінокислоти, наприклад, Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr

45 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (12)... (12)
 <223> Хаа являє собою залишок великої амінокислоти, наприклад Glu, Phe, His, Ile, Lys, Met, Gln, Arg, Trp або Tyr

50 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (13)... (13)
 <223> Може бути присутнім або відсутнім. У випадку наявності, Хаа являє собою будь-яку амінокислоту.

55 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (13)...(13)
 <223> Може бути присутнім або відсутнім. У випадку наявності, Хаа являє собою будь-яку амінокислоту.

60 <220>

<221> ВАРІАНТ
 <222> (15)... (15)
 <223> Хаа являє собою залишок великої амінокислоти, наприклад Glu, Phe,
 5 His, Ile, Lys, Met, Gln, Arg, Trp або Tyr
 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (16)... (16)
 <223> Хаа являє собою залишок полярної амінокислоти, наприклад Cys, Asp,
 10 Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr
 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (17)... (17)
 15 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (18) ... (18)
 20 <223> Може бути присутнім або відсутнім. У випадку наявності, Хаа являє
 собою будь-яку амінокислоту.
 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 25 <222> (19)... (21)
 <223> Хаа являє собою залишок полярної амінокислоти, наприклад Cys, Asp,
 Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr
 <400> 35
 30 Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Leu Хаа Хаа Ala Хаа Хаа Хаа Хаа Ser Хаа Хаа
 1 5 10 15
 Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа
 20
 <210> 36
 <211> 21
 35 <212> PRT
 <213> Штучна послідовність
 <220>
 <223> Синтетична послідовність: домен UIM2
 40
 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (1).. (1)
 <223> Хаа являє собою залишок полярної амінокислоти, наприклад Cys, Asp,
 45 Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr
 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (2) ... (4)
 50 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
 <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (5).. (5)
 55 <223> Хаа являє собою залишок полярної амінокислоти, наприклад, Cys,
 Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr

- <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (7)... (7)
 <223> Хаа являє собою залишок полярної амінокислоти, наприклад, Cys,
 5 Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gin, Arg, Ser або Thr
- <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (8) ... (8)
 10 <223> Хаа являє собою залишок великої амінокислоти, наприклад, Glu, Phe,
 His, Ile, Lys, Met, Gin, Arg, Trp або Tyr
- <220>
 <221> ВАРІАНТ
 15 <222> (10)...(10)
 <223> Хаа являє собою залишок алифатичної амінокислоти, наприклад. He,
 Leu або Val
- <220>
 20 <221> ВАРІАНТ
 <222> (11)...(11)
 <223> Хаа являє собою залишок полярної амінокислоти, наприклад, Cys,
 Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gin, Arg, Ser або Thr
- <220>
 25 <221> ВАРІАНТ
 <222> (12)...(12)
 <223> Хаа являє собою залишок великої амінокислоти, наприклад, Glu, Phe,
 His, Ile, Lys, Met, Gin, Arg, Trp або Tyr
 30
- <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (13)...(13)
 <223> Може бути присутнім або відсутнім. У випадку наявності, Хаа являє
 35 собою будь-яку амінокислоту.
- <220>
 <221> ВАРІАНТ
 <222> (15)...(15)
 40 <223> Хаа являє собою залишок великої амінокислоти, наприклад, Glu, Phe,
 His, Ile, Lys, Met, Gln, Arg, Trp або Tyr
- <220>
 <221> ВАРІАНТ
 45 <222> (16)...(16)
 <223> Хаа являє собою залишок полярної амінокислоти, наприклад, Cys,
 Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gin, Arg, Ser або Thr
- <220>
 50 <221> ВАРІАНТ
 <222> (17) ... (17)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
- <220>
 55 <221> ВАРІАНТ
 <222> (18) ... (18)
 <223> Хаа являє собою залишок невеликої амінокислоти, наприклад, Ala,
 Cys, Asp, Gly, Asn, Pro, Ser, Thr або Val
- <220>
 60 <221> ВАРІАНТ

<222> (19)...(21)

<223> Хаа являє собою залишок полярної амінокислоти, наприклад, Cys, Asp, Glu, His, Lys, Asn, Gln, Arg, Ser або Thr

5 <400> 36

Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа Leu Хаа Хаа Ala Хаа Хаа Хаа Хаа Ser Хаа Хаа
1 5 10 15

Хаа Хаа Хаа Хаа Хаа
20

<210> 37

10 <211> 43

<212> PRT

<213> Штучна послідовність

<220>

15 <223> Синтетична послідовність: домен EOD рослин

<220>

<221> ВАРІАНТ

<222> (1) ... (1)

20 <223> Хаа являє собою Glu або Lys

<220>

<221> ВАРІАНТ

<222> (8)...(8)

25 <223> Хаа являє собою Leu або Met

<220>

<221> ВАРІАНТ

<222> (9)...(9)

30 <223> Хаа являє собою Lys, Arg, Gly, Thr або Glu

<220>

<221> ВАРІАНТ

<222> (11)...(11)

35 <223> Хаа являє собою Lys або Arg

<220>

<221> ВАРІАНТ

<222> (12)...(12)

40 <223> Хаа являє собою Arg або Ile

<220>

<221> ВАРІАНТ

<222> (13)...(13)

45 <223> Хаа являє собою Gly або Lys

<220>

<221> ВАРІАНТ

<222> (14)...(14)

50 <223> Хаа являє собою Asp, Asn або Glu

<220>

<221> ВАРІАНТ

<222> (15)...(15)

55 <223> Хаа являє собою Arg, Gln, Lys або Leu

<220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (17)...(17)
 <223> Хаа являє собою lie, Met або Val
 5
 <220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (18) ... (18)
 <223> Хаа являє собою Lys, Asn, Thr або Ala
 10
 <220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (20)...(20)
 <223> Хаа являє собою Leu або Pro
 15
 <220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (22)... (22)
 <223> Хаа являє собою Lys або Ser
 20
 <220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (24)... (24)
 <223> Хаа являє собою Val або Ala
 25
 <220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (27)...(27)
 <223> Хаа являє собою Ser, Thr, Gly або Ala
 30
 <220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (28)...(28)
 <223> Хаа являє собою Glu, Gln, Asp, Ser або Gly
 35
 <220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (30)...(30)
 <223> Хаа являє собою lie, Gly, Thr або Val
 40
 <220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (31)...(31)
 <223> Хаа являє собою Ser або Thr
 45
 <220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (32)...(32)
 <223> Хаа являє собою Lys або Arg
 50
 <220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (35)... (35)
 <223> Хаа являє собою Gly, Thr або Ser
 55
 <220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (39)...(39)
 <223> Хаа являє собою Val, lle, Ala або Lys
 60
 <220>
 <221> ВАРИАНТ

<222> (42)...(42)

<223> Xaa являє собою Val або Ile

<400> 37

5

Xaa Arg Cys Val Ile Cys Gln Xaa Xaa Tyr Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Gln
1 5 10 15

Xaa Xaa Leu Xaa Cys Xaa His Xaa Tyr His Xaa Xaa Cys Xaa Xaa Xaa
20 25 30

Trp Leu Xaa Ile Asn Lys Xaa Cys Pro Xaa Cys
35 40

<210> 38

<211> 203

10

<212> PRT

<213> Populus trichocarpa

<400> 38

Met Glu Val His Tyr Met Asn Thr Asp Phe Pro Tyr Thr Thr Thr Glu
1 5 10 15

Ser Phe Met Asp Phe Phe Glu Gly Leu Thr His Ala Pro Val Asn Tyr
20 25 30

Ala His Asn Gly Pro Met His Asp Gln Asp Asn Ala Tyr Trp Ser Met
35 40 45

15

Asn Met Asn Ala Tyr Lys Phe Gly Phe Ser Gly Leu Gly Ser Thr Ser
50 55 60
Tyr Tyr Ser Pro Tyr Glu Val Asn Asp Asn Leu Pro Arg Met Asp Val
65 70 75 80

Ser Arg Met Ala Trp Glu Tyr Pro Ser Val Val Ile Lys Ala Leu Trp
85 90 95

Gln Asp Asp Val Asp Pro Asp Thr Met Thr Tyr Glu Glu Leu Val Asp
100 105 110

Leu Gly Glu Thr Val Gly Thr Gln Ser Lys Gly Leu Ser Pro Glu Leu
115 120 125
Ile Ser Leu Leu Pro Thr Ser Lys Cys Lys Phe Gly Ser Phe Phe Ser
130 135 140

Arg Lys Arg Ser Gly Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Lys Tyr Lys
145 150 155 160

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

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

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

5 <210> 39
<211> 240
<212> PRT
<213> Ricinus communis

<400> 39

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

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

Ala His Thr Gly Gln Val Leu Asp Gln Val Gln Glu Asn Ala Tyr Trp
35 40 45

10 Ser Met Asn Met Asn Ala Tyr Lys Tyr Gly Phe Ser Gly Pro Gly Ser
50 55 60
Thr Tyr Tyr Asp Pro Tyr Glu Val Asn Asp Asn Leu Pro Arg Met Asp
65 70 75 80

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

Ala Thr Thr Thr Asp Thr Gln Ser Glu Gly Asp Ala Val Val Gly Val
100 105 110

His Ala Ser Pro Glu Glu Cys Ile Pro Asn His Thr Ser Gly Asp Ser
115 120 125
Pro Gln Gly Val Trp Gln Asp Asp Val Asp Pro Asp Asn Met Thr Tyr
130 135 140

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

Leu Ser Gln Glu Leu Ile Ser Leu Leu Pro Thr Ser Lys Cys Lys Phe
165 170 175

Arg Ser Phe Phe Leu Arg Lys Lys Ala Gly Glu Arg Cys Val Ile Cys
180 185 190

Gln Met Arg Tyr Lys Arg Gly Asp Lys Gln Met Lys Leu Pro Cys Lys
195 200 205

His Val Tyr His Ser Glu Cys Ile Ser Lys Trp Leu Gly Ile Asn Lys
210 215 220

Val Cys Pro Val Cys Asn Asn Glu Val Phe Gly Glu Asp Ser Arg His
225 230 235 240

<210> 40

<211> 245

<212> PRT

<213> Prunus persica

<400> 40

Met Asn Gly Asn Gly Gln Met Asp Val His Tyr Ile Asp Thr Asp Phe
1 5 10 15

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

His Val Pro Met Asn Tyr Gly His Ala Met Pro Met His Asp Gln Glu
35 40 45

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

Gly Pro Gly Ser Asn Ser Tyr Tyr Gly Asn Tyr Tyr Glu Val Asn Asp
65 70 75 80

His Leu Pro Arg Met Asp Val Ser Arg Arg Thr Trp Glu His Pro Ser
85 90 95

Val Met Asn Ser Glu Glu Pro Ala Asn Ile Asp Ser His Pro Glu Glu
100 105 110

Glu Asp Ala Val Ala Glu Ala Ala Pro Glu Glu Cys Ile Gln Asn Gln
115 120 125

Gln Asn Thr Asn Thr Ser Gln Val Val Trp Gln Glu Asp Ile Asp Pro
130 135 140

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

Thr Gln Ser Arg Gly Leu Ser Asp Glu Leu Ile Ser Leu Leu Pro Thr
165 170 175

Ser Lys Tyr Lys Cys Gly Ser Phe Phe Ser Arg Lys Lys Ser Gly Glu
180 185 190

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

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

Leu Gly Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys Asn Leu Glu Val Ser Gly
225 230 235 240

Glu Glu Ser Arg His
245

5 <210> 41
<211> 242
<212> PRT
<213> Theobroma cacao

<400> 41

Met Asn Gly Asn Arg Gln Met Glu Val His Tyr Ile Asp Thr Gly Phe
1 5 10 15

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

His Val Pro Val Asn Tyr Thr His Thr Val Pro Met Gln Asp Gln Glu
35 40 45

10 Asn Ile Tyr Trp Ser Met Ser Met Asn Ala Tyr Lys Phe Gly Phe Ser
50 55 60
Gly Pro Glu Ser Thr Phe Tyr Ser Pro Tyr Glu Val Ser Asp His Leu
65 70 75 80

Pro Arg Met Asp Val Ser Arg Arg Thr Trp Asp Tyr Pro Ser Thr Leu
85 90 95

Asn Ser Glu Glu Pro Ala Thr Ile Asp Met Gln Pro Gly Gly Glu Ala
100 105 110

Val Val Gly Ile His Ala Ile Pro Glu Glu Cys Ile Thr Asn His Gln
115 120 125
Ser Asn Ser Asn Ser Gln Val Val Trp Gln Asp Asn Ile Asp Pro Asp
130 135 140

Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu Thr Ile Gly Ser

145					150					155					160
Gln	Ser	Arg	Gly	Leu	Ser	Gln	Glu	Leu	Ile	Asp	Leu	Leu	Pro	Thr	Ser
				165					170					175	
Lys	Cys	Lys	Phe	Gly	Ser	Phe	Phe	Ser	Thr	Lys	Arg	Glu	Arg	Cys	Val
			180					185					190		
Ile	Cys	Gln	Met	Arg	Tyr	Lys	Arg	Gly	Glu	Gln	Gln	Met	Lys	Leu	Pro
		195					200					205			
Cys	Lys	His	Val	Tyr	His	Ser	Gln	Cys	Ile	Thr	Lys	Trp	Leu	Ser	Ile
	210					215					220				
Asn	Lys	Ile	Cys	Pro	Val	Cys	Asn	Asn	Glu	Val	Phe	Gly	Glu	Glu	Ser
225					230					235					240

Arg His

```

5      <210> 42
      <211> 247
      <212> PRT
      <213> Vitis vinifera

```

<400> 42

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

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

His Val Pro Val Asn Tyr Ala Gln Ala Glu Ala Met His Asn Gln Ser
35 40 45

Ile Gln Glu Asn Phe Tyr Trp Thr Met Asn Met Asn Ser Tyr Lys Phe
50 55 60

Gly Phe Ser Gly Pro Gly Ser Thr Tyr Tyr Gly Pro Tyr Asp Val Asn
65 70 75 80

Glu His Val Pro Gly Ile Glu Val Ser Arg Arg Pro Trp Glu Tyr Pro
85 90 95

Ser Ser Met Ile Val Glu Glu Pro Thr Thr Ile Glu Thr Gln Pro Thr
100 105 110

Gly Asn Glu Val Met Asn Val His Ala Ile Pro Glu Glu Cys Ser Pro
115 120 125

Asn His Tyr Ser Ala Thr Ser Ser Gln Ala Ile Trp Gln Asp Asn Val
130 135 140

Asp Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu Ala
145 150 155 160

Val Gly Thr Gln Ser Arg Gly Leu Ser Gln Glu His Ile Asn Leu Leu
165 170 175

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

Ala Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Gly Tyr Lys Arg Gly Asp Arg
195 200 205

Gln Ile Lys Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Thr Asp Cys Gly Thr
210 215 220

Lys Trp Leu Thr Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys Asn Ile Glu Val
225 230 235 240

Phe Gly Glu Glu Ser Arg His
245

5

<210> 43
<211> 247
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 43

Met Asn Asp Gly Arg Gln Met Gly Val His Tyr Val Asp Ala Gly Phe
1 5 10 15

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

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

Ser Val Tyr Trp Ser Met Asn Met Asn Pro Tyr Lys Phe Gly Leu Ser
50 55 60

Gly Pro Gly Ser Thr Ser Tyr Tyr Ser Ser Tyr Glu Val Asn Gly His
65 70 75 80

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

10

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

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

His His Glu Ser Asn Ser Ser Ser Gln Val Ile Trp Gln Asp Asn Ile
130 135 140

Tyr Pro Asp Asp Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu Ala
145 150 155 160

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

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

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

Gln Met Lys Leu Pro Cys Ser His Val Tyr His Gly Glu Cys Ile Thr
210 215 220

Lys Trp Leu Ser Ile Asn Lys Lys Cys Pro Val Cys Asn Thr Glu Val
225 230 235 240

Phe Gly Glu Glu Ser Thr His
245

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

10 <400> 44

Met Asn Asp Gly Arg Gln Met Gly Val Asn Tyr Val Asp Ala Gly Phe
1 5 10 15

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

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

Ser Val Tyr Trp Ser Met Asn Met Asn Pro Tyr Lys Phe Gly Leu Ser
50 55 60

Gly Pro Gly Ser Thr Ser Tyr Tyr Ser Ser Tyr Glu Val Asn Gly His
65 70 75 80

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

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

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

His His Glu Ser Asn Ser Ser Ser Gln Val Ile Trp Gln Asp Asn Ile
130 135 140

Asp Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu Ala
145 150 155 160

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

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

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

Gln Met Lys Leu Pro Cys Ser His Val Tyr His Gly Glu Cys Ile Thr
210 215 220

Lys Trp Leu Ser Ile Asn Lys Lys Cys Pro Val Cys Asn Thr Glu Val
225 230 235 240

Phe Gly Glu Glu Ser Thr His
245

5 <210> 45
<211> 248
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

10 <400> 45

Met Asn Gly Asp Asn Arg Pro Val Glu Asp Ala His Tyr Thr Glu Thr
1 5 10 15

Gly Phe Pro Tyr Ala Ala Thr Gly Ser Tyr Met Asp Phe Tyr Gly Gly
20 25 30

Ala Ala Gln Gly Pro Leu Asn Tyr Asp His Ala Ala Thr Met His Pro

35	40	45
Gln Asp Asn Leu Tyr Trp Thr Met Asn Thr Asn Ala Tyr Lys Phe Gly		
50	55	60
Phe Ser Gly Ser Asp Asn Ala Ser Phe Tyr Gly Ser Tyr Asp Met Asn		
65	70	75
80		
Asp His Leu Ser Arg Met Ser Ile Gly Arg Thr Asn Trp Asp Tyr His		
85	90	95
Pro Met Val Asn Val Ala Asp Asp Pro Glu Asn Thr Val Ala Arg Ser		
100	105	110
Val Gln Ile Gly Asp Thr Asp Glu His Ser Glu Ala Glu Glu Cys Ile		
115	120	125
Ala Asn Glu His Asp Pro Asp Ser Pro Gln Val Ser Trp Gln Asp Asp		
130	135	140
Ile Asp Pro Asp Thr Met Thr Tyr Glu Glu Leu Val Glu Leu Gly Glu		
145	150	155
160		
Ala Val Gly Thr Glu Ser Arg Gly Leu Ser Gln Glu Leu Ile Glu Thr		
165	170	175
Leu Pro Thr Lys Lys Tyr Lys Phe Gly Ser Ile Phe Ser Arg Lys Arg		
180	185	190
Ala Gly Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln Leu Lys Tyr Lys Ile Gly Glu		
195	200	205
Arg Gln Met Asn Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Ser Glu Cys Ile		
210	215	220
Ser Lys Trp Leu Ser Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys Asn Ser Glu		
225	230	235
240		
Val Phe Gly Glu Pro Ser Ile His		
245		

5 <210> 46
 <211> 243
 <212> PRT
 <213> Capsella rubella

10 <400> 46

Met Asn Gly Asp Arg Pro Val Glu Asp Ala His Tyr Thr Glu Ala Glu
1 5 10 15

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

5 <210> 47
 <211> 249
 <212> PRT
 <213> Sorghum bicolor

10 <400> 47

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

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

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

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

Ser Gly Pro Gly Asn Tyr Tyr Thr Tyr Ala His Val Tyr Asp Ile Asp
65 70 75 80

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

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

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

Gln Val His Gln Ser Pro Gly Ser Pro His Val Val Trp Gln Asp Asn
130 135 140

Ile Asp Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu
145 150 155 160

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

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

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

Leu Gln Met Thr Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Ala Ser Cys Val
210 215 220

Thr Arg Trp Leu Ser Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys Phe Ala Glu
225 230 235 240

Val Pro Gly Asp Glu Pro Lys Arg Gln
245

5

<210> 48
<211> 253

<212> PRT
<213> Zea mays

<400> 48

5

```

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

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

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

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

Ser Gly Pro Gly Asn Tyr Tyr Ser Tyr Ala His Val Tyr Asp Ile Asp
65\      70      75      80

Asp Tyr Met Arg Arg Ala Asp Gly Gly Arg Arg Ile Trp Asp Asn Thr
      85      90      95

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

Glu Ala Pro His Thr Thr Thr Asn Thr Ile Asn Lys Glu Cys Ile Gln
      115     120     125

Gln Val His Gln Ser Pro Gly Ser Pro Gln Val Val Trp Gln Asp Asn
      130     135     140

Ile Glu Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu
145     150     155     160

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

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

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

```

Leu Gln Met Thr Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Ala Ser Cys Val
210 215 220

Thr Arg Trp Leu Gly Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys Phe Ala Glu
225 230 235 240

Val Pro Gly Glu Asp Pro Glu Ala Met Ser Gln Gln Leu
245 250

5 <210> 49
<211> 249
<212> PRT
<213> Zea mays

<400> 49

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

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

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

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

Ser Gly Ser Gly Asn Tyr Tyr Ser Tyr Ala His Ala Tyr Asp Ile Asp
65 70 75 80

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

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

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

Gln Val His Gln Ser Pro Gly Ser Pro Gln Val Val Trp Gln Asp Asn
130 135 140

Ile Asp Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu
145 150 155 160

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

Leu Pro Ile Thr Lys Tyr Lys Cys Gly Phe Phe Ser Arg Lys Lys Thr

180 185 190

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

Leu Gln Ile Thr Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Ala Ser Cys Val
210 215 220

Thr Arg Trp Leu Ser Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys Phe Ala Glu
225 230 235 240

Val Pro Gly Glu Asp Ser Leu Arg Gln
245

5

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

<400> 50

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

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

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

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

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

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

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

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

Val Val Leu Gln Gly Gly Glu Thr Pro His Ala Asn Thr Ser Ser Thr
130 135 140

Thr Glu Glu Cys Ile Gln Gln Gln Val His Gln Asn Ser Ser Ser Pro
145 150 155 160

Gln Val Ile Trp Gln Asp Asn Ile Asp Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu
165 170 175

Glu Leu Leu Asp Leu Gly Glu Ala Val Gly Thr Gln Ser Arg Gly Leu
180 185 190

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

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

Met Glu Tyr Arg Arg Gly Asn Leu Gln Met Thr Leu Pro Cys Lys His
225 230 235 240

Val Tyr His Ala Ser Cys Val Thr Arg Trp Leu Ser Ile Asn Lys Val
245 250 255

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

5 <210> 51
<211> 250
<212> PRT
<213> Oryza sativa

10 <400> 51

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

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

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

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

Ser Gly Ala Gly Asn Tyr Tyr Ser Tyr Gly His Val Tyr Asp Met Asn
65 70 75 80

Asp Tyr Met His Arg Ala Asp Gly Gly Arg Arg Ile Trp Asp Asn Ala
85 90 95

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

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

Gln Gln Val His Gln Asn Ser Ser Ser Pro Gln Val Ile Trp Gln Asp
130 135 140

Asn Ile Asp Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu Gly
145 150 155 160

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

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

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

Asn Leu Gln Met Thr Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Ala Ser Cys
210 215 220

Val Thr Arg Trp Leu Ser Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys Phe Ala
225 230 235 240

Glu Val Pro Gly Asp Glu Pro Lys Arg Gln
245 250

5 <210> 52
<211> 251
<212> PRT
<213> Brachypodium distachyon

10 <400> 52

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

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

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

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

Ser Gly Ala Ser Asn Tyr Tyr Ser Tyr Gly His Val Tyr Asp Met Asn
65 70 75 80

Asp Tyr Met His Arg Ala Asp Gly Gly Arg Arg Ile Trp Asp Asn Pro
85 90 95

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

Ala Glu Ala Pro His Pro Arg Ala Ser Ser Thr Thr Glu Glu Cys Ile
115 120 125

Gln Gln Pro Val His Gln Asn Ser Ser Ser Pro Gln Val Val Trp Gln
130 135 140

Asp Asn Val Asp Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Asp Leu
145 150 155 160

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

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

Lys Thr Arg Arg Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Glu Tyr Arg Arg
195 200 205

Gly Asp Leu Gln Met Ala Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Ala Ser
210 215 220

Cys Val Thr Arg Trp Leu Ser Ile Asn Lys Val Cys Pro Val Cys Phe
225 230 235 240

Ala Glu Val Pro Ser Glu Glu Pro Ser Arg Gln
245 250

5 <210> 53
<211> 246
<212> PRT
<213> Solanum lycopersicum

10 <400> 53

Met Asn Trp Asn Gln Gln Thr Glu Ile Tyr Tyr Thr Asn Gly Ala Met
1 5 10 15

Pro Tyr Asn Ser Ile Gly Ser Phe Met Asp Phe Phe Gly Gly Val Thr
20 25 30

Tyr Asp His Val Asn Tyr Ile Phe Ala Asp Pro Pro Tyr Ala Gln Glu
35 40 45

Ser Leu Tyr Pro Ser Ile Ser Thr Asn Pro Tyr Lys Phe Gly Tyr Ser

50		55		60
Glu Ala Gly Ser Phe Ser Tyr Tyr Asp Tyr Asp Arg Glu Tyr Val Val				
65		70		75
Asn Asp His Val Ser Gly Ile Glu Glu His Asp Arg His Leu Glu Asn				
	85		90	
Pro Ser Thr Thr Thr Val Asn Val Ala Ala Asn Val His Arg Glu Glu				
	100		105	110
Ile Ser Gly Ser Asn Ser Leu Thr Asn Ser Val Glu Cys Pro Arg Gly				
	115		120	125
Gln Ile Asn Thr Arg Asp Ser Glu Val Val Trp Gln Asp Asn Ile Asp				
	130		135	140
Pro Asp Asn Met Thr Tyr Glu Glu Leu Leu Glu Leu Gly Glu Ala Val				
	145		150	155
Gly Thr Gln Ser Arg Gly Leu Ser Gln Asn Gln Ile Ser Leu Leu Pro				
	165		170	175
Val Thr Lys Phe Lys Cys Gly Phe Phe Ser Arg Lys Lys Ser Arg Lys				
	180		185	190
Glu Arg Cys Val Ile Cys Gln Met Glu Tyr Lys Arg Lys Asp Gln Gln				
	195		200	205
Val Thr Leu Pro Cys Lys His Val Tyr His Ala Gly Cys Gly Ser Arg				
	210		215	220
Trp Leu Ser Ile Asn Lys Ala Cys Pro Ile Cys Tyr Thr Glu Val Val				
	225		230	235
Ile Asn Thr Ser Lys Arg				
	245			

- 5 <210> 54
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Штучна послідовність
- 10 <220>
 <223> Синтетична послідовність: мотив LIM-домена
- 15 <220>
 <221> ВАРИАНТ
 <222> (2)...(3)
 <223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту
- <220>
 <221> ВАРИАНТ

<222> (5)...(6)
<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

<220>
5 <221> ВАРІАНТ
<222> (8)...(9)
<223> Хаа являє собою будь-яку амінокислоту

<400> 54
10
His Xaa Xaa Cys Xaa Xaa Cys Xaa Xaa Cys
1 5 10

ФОРМУЛА ВИНАХОДУ

- 15 1. Спосіб збільшення розміру насінини або маси насіння на одиницю площі рослини в рослині, який включає:
експресію мутантного білка DA1 у клітинах зазначеної рослини,
причому мутантний білок DA1 містить амінокислотну послідовність, яка має щонайменше 80 %
20 ідентичності з послідовністю DA1, вибраною з групи, що складається з SEQ ID NOS: 4-27;
зазначений мутантний білок DA1 має:
(i) одну або більше змін послідовності в LIM-домені, що відповідає залишкам з 141 по 193 SEQ
ID NO: 4, залишкам з 123 по 175 SEQ ID NO: 5, залишкам з 155 по 207 SEQ ID NO: 6, залишкам
з 172 по 224 SEQ ID NO: 7, залишкам з 172 по 224 SEQ ID NO: 8, залишкам з 117 по 169 SEQ ID
NO: 9, залишкам з 117 по 169 SEQ ID NO: 10, залишкам з 121 по 173 SEQ ID NO: 11, залишкам з
25 119 по 171 SEQ ID NO: 12, залишкам з 122 по 174 SEQ ID NO: 13, залишкам з 125 по 177 SEQ
ID NO: 14, залишкам з 516 по 568 SEQ ID NO: 15, залишкам з 124 по 176 SEQ ID NO: 16,
залишкам з 150 по 202 SEQ ID NO: 17, залишкам з 132 по 184 SEQ ID NO: 18, залишкам з 124
по 176 SEQ ID NO: 19, залишкам з 147 по 199 SEQ ID NO: 20, залишкам з 190 по 242 SEQ ID
NO: 21, залишкам з 162 по 214 SEQ ID NO: 22, залишкам з 1240 по 1291 SEQ ID NO: 23,
30 залишкам з 80 по 122 SEQ ID NO: 24, залишкам з 347 по 402 SEQ ID NO: 25, залишкам з 286 по
341 SEQ ID NO: 26 або залишкам з 202 по 252 SEQ ID NO: 27;
де LIM-домен дикого типу містить два мотиви "цинкового пальця" й одна або більше змін
послідовності скасовують один або обидва мотиви "цинкового пальця" в LIM-домені мутантного
білка DA1; або
35 (ii) одну або більше змін послідовності в LIM-подібному домені, що відповідає залишкам з 200
по 266 SEQ ID NO: 4, залишкам з 182 по 248 SEQ ID NO: 5, залишкам з 214 по 280 SEQ ID NO:
6, залишкам з 231 по 297 SEQ ID NO: 7, залишкам з 231 по 297 SEQ ID NO: 8, залишкам з 176
по 242 SEQ ID NO: 9, залишкам з 176 по 242 SEQ ID NO: 10, залишкам з 180 по 246 SEQ ID NO:
11, залишкам з 178 по 244 SEQ ID NO: 12, залишкам з 181 по 247 SEQ ID NO: 13, залишкам з
40 184 по 250 SEQ ID NO: 14, залишкам з 575 по 641 SEQ ID NO: 15, залишкам з 183 по 149 SEQ
ID NO: 16, залишкам з 209 по 275 SEQ ID NO: 17, залишкам з 191 по 257 SEQ ID NO: 18,
залишкам з 183 по 249 SEQ ID NO: 19, залишкам з 206 по 272 SEQ ID NO: 20, залишкам з 249
по 315 SEQ ID NO: 21, залишкам з 221 по 287 SEQ ID NO: 22, залишкам з 1298 по 1363 SEQ ID
NO: 23, залишкам з 130 по 176 SEQ ID NO: 24, залишкам з 406 по 465 SEQ ID NO: 25, залишкам
45 з 345 по 404 SEQ ID NO: 26 або залишкам з 256 по 319 SEQ ID NO: 27,
де LIM-подібний домен дикого типу містить два мотиви "цинкового пальця" та зміни
послідовності скасовують один або обидва мотиви "цинкового пальця" в LIM-подібному домені
мутантного білка DA1.
2. Спосіб за п. 1, який **відрізняється** тим, що зазначений білок DA1 експресують з
50 гетерологічної кодуєчої послідовності нуклеїнової кислоти в одній або більше клітинах рослини.
3. Спосіб одержання рослини зі збільшеним розміром насінини або масою насіння на одиницю
площі, який включає:
введення в клітину рослини гетерологічної нуклеїнової кислоти, що кодує мутантний білок DA1,
причому мутантний білок DA1 містить амінокислотну послідовність, яка має щонайменше 80 %
55 ідентичності з послідовністю DA1, вибраною з групи, що складається з SEQ ID NOS: 4-27;
зазначений мутантний білок DA1 має:
(i) одну або більше змін послідовності в LIM-домені, що відповідає залишкам з 141 по 193 SEQ
ID NO: 4, залишкам з 123 по 175 SEQ ID NO: 5, залишкам з 155 по 207 SEQ ID NO: 6, залишкам
з 172 по 224 SEQ ID NO: 7, залишкам з 172 по 224 SEQ ID NO: 8, залишкам з 117 по 169 SEQ ID

NO: 9, залишкам з 117 по 169 SEQ ID NO: 10, залишкам з 121 по 173 SEQ ID NO: 11, залишкам з 119 по 171 SEQ ID NO: 12, залишкам з 122 по 174 SEQ ID NO: 13, залишкам з 125 по 177 SEQ ID NO: 14, залишкам з 516 по 568 SEQ ID NO: 15, залишкам з 124 по 176 SEQ ID NO: 16, залишкам з 150 по 202 SEQ ID NO: 17, залишкам з 132 по 184 SEQ ID NO: 18, залишкам з 124 по 176 SEQ ID NO: 19, залишкам з 147 по 199 SEQ ID NO: 20, залишкам з 190 по 242 SEQ ID NO: 21, залишкам з 162 по 214 SEQ ID NO: 22, залишкам з 1240 по 1291 SEQ ID NO: 23, залишкам з 80 по 122 SEQ ID NO: 24, залишкам з 347 по 402 SEQ ID NO: 25, залишкам з 286 по 341 SEQ ID NO: 26 або залишкам з 202 по 252 SEQ ID NO: 27;

де LIM-домен дикого типу містить два мотиви "цинкового пальця", й одна або більше змін послідовності скасовують один або обидва мотиви "цинкового пальця" в LIM-домени мутантного білка DA1; або

(ii) одну або більше змін послідовності в LIM-подібному домені, що відповідає залишкам з 200 по 266 SEQ ID NO: 4, залишкам з 182 по 248 SEQ ID NO: 5, залишкам з 214 по 280 SEQ ID NO: 6, залишкам з 231 по 297 SEQ ID NO: 7, залишкам з 231 по 297 SEQ ID NO: 8, залишкам з 176 по 242 SEQ ID NO: 9, залишкам з 176 по 242 SEQ ID NO: 10, залишкам з 180 по 246 SEQ ID NO: 11, залишкам з 178 по 244 SEQ ID NO: 12, залишкам з 181 по 247 SEQ ID NO: 13, залишкам з 184 по 250 SEQ ID NO: 14, залишкам з 575 по 641 SEQ ID NO: 15, залишкам з 183 по 149 SEQ ID NO: 16, залишкам з 209 по 275 SEQ ID NO: 17, залишкам з 191 по 257 SEQ ID NO: 18, залишкам з 183 по 249 SEQ ID NO: 19, залишкам з 206 по 272 SEQ ID NO: 20, залишкам з 249 по 315 SEQ ID NO: 21, залишкам з 221 по 287 SEQ ID NO: 22, залишкам з 1298 по 1363 SEQ ID NO: 23, залишкам з 130 по 176 SEQ ID NO: 24, залишкам з 406 по 465 SEQ ID NO: 25, залишкам з 345 по 404 SEQ ID NO: 26 або залишкам з 256 по 319 SEQ ID NO: 27,

де LIM-подібний домен дикого типу містить два мотиви "цинкового пальця" та зміни послідовності скасовують один або обидва мотиви "цинкового пальця" в LIM-подібному домені мутантного білка DA1, або

введення мутації у нуклеотидну послідовність клітини рослини, що кодує білок DA1, який має щонайменше 80 % ідентичності з послідовністю DA1, вибраною з групи, що складається з SEQ ID NOS: 4-27, таким чином, що нуклеотидна послідовність кодує мутантний білок DA1, що містить амінокислотну послідовність, яка має щонайменше 80 % ідентичності з послідовністю DA1, вибраною з групи, що складається з SEQ ID NO: 4-27;

зазначений мутантний білок DA1 має:

(i) одну або більше змін послідовності в LIM-домени, що відповідає залишкам з 141 по 193 SEQ ID NO: 4, залишкам з 123 по 175 SEQ ID NO: 5, залишкам з 155 по 207 SEQ ID NO: 6, залишкам з 172 по 224 SEQ ID NO: 7, залишкам з 172 по 224 SEQ ID NO: 8, залишкам з 117 по 169 SEQ ID NO: 9, залишкам з 117 по 169 SEQ ID NO: 10, залишкам з 121 по 173 SEQ ID NO: 11, залишкам з 119 по 171 SEQ ID NO: 12, залишкам з 122 по 174 SEQ ID NO: 13, залишкам з 125 по 177 SEQ ID NO: 14, залишкам з 516 по 568 SEQ ID NO: 15, залишкам з 124 по 176 SEQ ID NO: 16, залишкам з 150 по 202 SEQ ID NO: 17, залишкам з 132 по 184 SEQ ID NO: 18, залишкам з 124 по 176 SEQ ID NO: 19, залишкам з 147 по 199 SEQ ID NO: 20, залишкам з 190 по 242 SEQ ID NO: 21, залишкам з 162 по 214 SEQ ID NO: 22, залишкам з 1240 по 1291 SEQ ID NO: 23, залишкам з 80 по 122 SEQ ID NO: 24, залишкам з 347 по 402 SEQ ID NO: 25, залишкам з 286 по 341 SEQ ID NO: 26 або залишкам з 202 по 252 SEQ ID NO: 27;

де LIM-домен дикого типу містить два мотиви "цинкового пальця" й одна або більше змін послідовності скасовують один або обидва мотиви "цинкового пальця" в LIM-домени мутантного білка DA1; або

(ii) одну або більше змін послідовності в LIM-подібному домені, що відповідає залишкам з 200 по 266 SEQ ID NO: 4, залишкам з 182 по 248 SEQ ID NO: 5, залишкам з 214 по 280 SEQ ID NO: 6, залишкам з 231 по 297 SEQ ID NO: 7, залишкам з 231 по 297 SEQ ID NO: 8, залишкам з 176 по 242 SEQ ID NO: 9, залишкам з 176 по 242 SEQ ID NO: 10, залишкам з 180 по 246 SEQ ID NO: 11, залишкам з 178 по 244 SEQ ID NO: 12, залишкам з 181 по 247 SEQ ID NO: 13, залишкам з 184 по 250 SEQ ID NO: 14, залишкам з 575 по 641 SEQ ID NO: 15, залишкам з 183 по 149 SEQ ID NO: 16, залишкам з 209 по 275 SEQ ID NO: 17, залишкам з 191 по 257 SEQ ID NO: 18, залишкам з 183 по 249 SEQ ID NO: 19, залишкам з 206 по 272 SEQ ID NO: 20, залишкам з 249 по 315 SEQ ID NO: 21, залишкам з 221 по 287 SEQ ID NO: 22, залишкам з 1298 по 1363 SEQ ID NO: 23, залишкам з 130 по 176 SEQ ID NO: 24, залишкам з 406 по 465 SEQ ID NO: 25, залишкам з 345 по 404 SEQ ID NO: 26 або залишкам з 256 по 319 SEQ ID NO: 27,

де LIM-подібний домен дикого типу містить два мотиви "цинкового пальця" та зміни послідовності скасовують один або обидва мотиви "цинкового пальця" в LIM-подібному домені мутантного білка DA1; і

регенерацію рослини з клітини рослини.

4. Спосіб за будь-яким із попередніх пунктів, який **відрізняється** тим, що зазначена рослина, яка експресує мутантний білок DA1, характеризується збільшеною тривалістю життя, розміром органів і/або розміром насінини у порівнянні з контролями.
5. Спосіб за будь-яким із попередніх пунктів, який **відрізняється** тим, що білок DA1 із інактивованим LIM і/або LIM-подібним доменом має аберантну пептидазну активність відносно білка DA1 дикого типу.
6. Спосіб за будь-яким із попередніх пунктів, який **відрізняється** тим, що LIM-домен білка DA1 інактивований.
7. Спосіб за п. 6, який **відрізняється** тим, що LIM-домен дикого типу містить два мотиви "цинкового пальця", а зміни послідовності скасовують один або обидва мотиви "цинкового пальця".
8. Спосіб за будь-яким із пп. 6-7, який **відрізняється** тим, що зміни послідовності включають мутацію одного або більше Zn координуючих залишків у LIM-домени.
9. Спосіб за будь-яким із пп. 6-8, який **відрізняється** тим, що зміни послідовності включають мутацію одного або більше не-Zn координуючих залишків у LIM-домени.
10. Спосіб за п. 9, який **відрізняється** тим, що не-Zn координуючі залишки у LIM-домени розташовані в межах 4 залишків Zn координуючого залишку у LIM-домени.
11. Спосіб за п. 10, який **відрізняється** тим, що не-Zn координуючі залишки у LIM-домени розташовані на відстані 4 або більше залишків від Zn координуючого залишку у LIM-домени.
12. Спосіб за будь-яким із попередніх пунктів, який **відрізняється** тим, що LIM-подібний домен білка DA1 інактивований.
13. Спосіб за п. 12, який **відрізняється** тим, що LIM-подібний домен дикого типу має послідовність SEQ ID NO: 29, 30 або 31.
14. Спосіб за будь-яким із пп. 12-13, який **відрізняється** тим, що LIM-подібний домен дикого типу містить два мотиви "цинкового пальця", а зміни послідовності скасовують один або обидва мотиви "цинкового пальця".
15. Спосіб за будь-яким із пп. 12-14, який **відрізняється** тим, що зміни послідовності включають мутацію одного або більше Zn координуючих залишків у LIM-подібному домені.
16. Спосіб за будь-яким із пп. 12-13, який **відрізняється** тим, що зміни послідовності включають мутацію одного або більше не-Zn координуючих залишків у LIM-подібному домені.
17. Спосіб за п. 16, який **відрізняється** тим, що не-Zn координуючі залишки у LIM-подібному домені розташовані в межах 4 залишків Zn координуючого залишку в LIM-подібному домені.
18. Спосіб за п. 17, який **відрізняється** тим, що інші залишки у LIM-подібному домені розташовані на відстані 4 або більше залишків від консервативних залишків цистеїну в LIM-подібному домені.
19. Спосіб за будь-яким із попередніх пунктів, який **відрізняється** тим, що білок DA1 містить С-кінцеву область, що має щонайменше 80 % ідентичності послідовності із залишками 229-532 із SEQ ID NO: 8.
20. Спосіб за п. 19, який **відрізняється** тим, що С-кінцева область містить металопептидазний мотив HEMMH (SEQ ID NO: 32).
21. Спосіб за п. 19 або 20, який **відрізняється** тим, що С-кінцева область містить амінокислотну послідовність EK(X)₈R(X)₄SEEQ (SEQ ID NO: 33) або EK(X)₈R(X)₄SEQ (SEQ ID NO: 34).
22. Спосіб за будь-яким із попередніх пунктів, який **відрізняється** тим, що білок DA1 містить UIM1-домен із SEQ ID NO: 35 й UIM2-домен із SEQ ID NO: 36.
23. Спосіб за будь-яким із попередніх пунктів, який **відрізняється** тим, що білок DA1 містить одну або більше змін послідовності відносно послідовності DA1 дикого типу, які порушують або інактивують активність або функцію LIM-домени.
24. Спосіб за п. 22, який **відрізняється** тим, що послідовність DA1 дикого типу містить амінокислотну послідовність будь-якої з SEQ ID NOS: 4-27 або є її варіантом.
25. Спосіб за п. 24, який **відрізняється** тим, що послідовність DA1 дикого типу містить амінокислотну послідовність, що має щонайменше 80 % ідентичності послідовності до будь-якої з SEQ ID NOS: 4-27.
26. Спосіб за будь-яким із попередніх пунктів, який **відрізняється** тим, що нуклеїнова кислота, що кодує білок DA1, функціонально пов'язана з гетерологічним промотором.
27. Спосіб за п. 26, який **відрізняється** тим, що промотор є тканиннспецифічним промотором або індукованим промотором.
28. Спосіб за будь-яким із пп. 26-27, який **відрізняється** тим, що нуклеїнова кислота, що кодує білкову кислоту DA, міститься в одному або більше векторах.
29. Спосіб за будь-яким із пп. 1-4, який **відрізняється** тим, що рослина або рослинна клітина має дефіцит в EOD1 експресії або активності.

30. Нуклеїнова кислота, що кодує мутантний білок DA1, причому мутантний білок DA1 містить амінокислотну послідовність, яка має щонайменше 80 % ідентичності з послідовністю DA1, вибраною з групи, що складається з SEQ ID NOS: 4-27;

зазначений мутантний білок DA1 має:

- 5 (i) одну або більше змін послідовності в LIM-домені, що відповідає залишкам з 141 по 193 SEQ ID NO: 4, залишкам з 123 по 175 SEQ ID NO: 5, залишкам з 155 по 207 SEQ ID NO: 6, залишкам з 172 по 224 SEQ ID NO: 7, залишкам з 172 по 224 SEQ ID NO: 8, залишкам з 117 по 169 SEQ ID NO: 9, залишкам з 117 по 169 SEQ ID NO: 10, залишкам з 121 по 173 SEQ ID NO: 11, залишкам з 119 по 171 SEQ ID NO: 12, залишкам з 122 по 174 SEQ ID NO: 13, залишкам з 125 по 177 SEQ ID NO: 14, залишкам з 516 по 568 SEQ ID NO: 15, залишкам з 124 по 176 SEQ ID NO: 16, залишкам з 150 по 202 SEQ ID NO: 17, залишкам з 132 по 184 SEQ ID NO: 18, залишкам з 124 по 176 SEQ ID NO: 19, залишкам з 147 по 199 SEQ ID NO: 20, залишкам з 190 по 242 SEQ ID NO: 21, залишкам з 162 по 214 SEQ ID NO: 22, залишкам з 1240 по 1291 SEQ ID NO: 23, залишкам з 80 по 122 SEQ ID NO: 24, залишкам з 347 по 402 SEQ ID NO: 25, залишкам з 286 по 341 SEQ ID NO: 26 або залишкам з 202 по 252 SEQ ID NO: 27;
- 10 де LIM-домен дикого типу містить два мотиви "цинкового пальця" й одна або більше змін послідовності скасовують один або обидва мотиви "цинкового пальця" в LIM-домені мутантного білка DA1; або
- 15 (ii) одну або більше змін послідовності в LIM-подібному домені, що відповідає залишкам з 200 по 266 SEQ ID NO: 4, залишкам з 182 по 248 SEQ ID NO: 5, залишкам з 214 по 280 SEQ ID NO: 6, залишкам з 231 по 297 SEQ ID NO: 7, залишкам з 231 по 297 SEQ ID NO: 8, залишкам з 176 по 242 SEQ ID NO: 9, залишкам з 176 по 242 SEQ ID NO: 10, залишкам з 180 по 246 SEQ ID NO: 11, залишкам з 178 по 244 SEQ ID NO: 12, залишкам з 181 по 247 SEQ ID NO: 13, залишкам з 184 по 250 SEQ ID NO: 14, залишкам з 575 по 641 SEQ ID NO: 15, залишкам з 183 по 149 SEQ ID NO: 16, залишкам з 209 по 275 SEQ ID NO: 17, залишкам з 191 по 257 SEQ ID NO: 18, залишкам з 183 по 249 SEQ ID NO: 19, залишкам з 206 по 272 SEQ ID NO: 20, залишкам з 249 по 315 SEQ ID NO: 21, залишкам з 221 по 287 SEQ ID NO: 22, залишкам з 1298 по 1363 SEQ ID NO: 23, залишкам з 130 по 176 SEQ ID NO: 24, залишкам з 406 по 465 SEQ ID NO: 25, залишкам з 345 по 404 SEQ ID NO: 26 або залишкам з 256 по 319 SEQ ID NO: 27,
- 20 де LIM-подібний домен дикого типу містить два мотиви "цинкового пальця" та зміни послідовності скасовують один або обидва мотиви "цинкового пальця" в LIM-подібному домені мутантного білка DA1.
- 25 31. Нуклеїнова кислота за п. 30, яка функціонально пов'язана з гетерологічною регуляторною послідовністю.
- 30 32. Нуклеїнова кислота за будь-яким із пп. 30-31, яка **відрізняється** тим, що білок DA1 із інактивованим LIM і/або LIM-подібним доменом має аберантну пептидазну активність відносно білка DA1 дикого типу.
- 35 33. Нуклеїнова кислота за будь-яким із пп. 30-32, яка **відрізняється** тим, що LIM-домен білка DA1 інактивований.
- 40 34. Нуклеїнова кислота за п. 33, яка **відрізняється** тим, що LIM-домен дикого типу містить два мотиви "цинкового пальця", а зміни послідовності скасовують один або обидва мотиви "цинкового пальця".
- 45 35. Нуклеїнова кислота за будь-яким із пп. 33-34, яка **відрізняється** тим, що зміни послідовності включають мутацію одного або більше Zn координуючих залишків у LIM-домені.
- 50 36. Нуклеїнова кислота за будь-яким із пп. 33-35, яка **відрізняється** тим, що зміни послідовності включають мутацію одного або більше не-Zn координуючих залишків у LIM-домені.
37. Нуклеїнова кислота за п. 36, яка **відрізняється** тим, що не-Zn координуючі залишки у LIM-домені розташовані в межах 4 залишків від Zn координуючого залишку в LIM-домені.
38. Нуклеїнова кислота за п. 36, яка **відрізняється** тим, що не-Zn координуючі залишки у LIM-домені розташовані в межах 4 або більше залишків від Zn координуючого залишку в LIM-домені.
39. Нуклеїнова кислота за будь-яким із пп. 30-38, яка **відрізняється** тим, що LIM-подібний домен білка DA1 інактивований.
40. Нуклеїнова кислота за п. 39, яка **відрізняється** тим, що LIM-подібний домен дикого типу має послідовність SEQ ID NO: 29, 30 або 31.
- 55 41. Нуклеїнова кислота за будь-яким із пп. 39-40, яка **відрізняється** тим, що LIM-подібний домен дикого типу містить два мотиви "цинкового пальця", а зміни послідовності скасовують один або обидва мотиви "цинкового пальця".
42. Нуклеїнова кислота за будь-яким із пп. 39-41, яка **відрізняється** тим, що зміни послідовності включають мутацію одного або більше Zn координуючих залишків у LIM-подібному домені.

43. Нуклеїнова кислота за будь-яким із пп. 39-40, яка **відрізняється** тим, що зміни послідовності включають мутацію одного або більше не-Zn координуючих залишків у LIM-подібному домені.
44. Нуклеїнова кислота за п. 43, яка **відрізняється** тим, що не-Zn координуючі залишки у LIM-подібному домені розташовані в межах 4 залишків Zn координуючого залишку в LIM-домені.
- 5 45. Нуклеїнова кислота за п. 43, яка **відрізняється** тим, що інші залишки у LIM-подібному домені розташовані в межах 4 або більше залишків від консервативних залишків цистеїну в LIM-подібному домені.
46. Нуклеїнова кислота за будь-яким із пп. 30-45, яка **відрізняється** тим, що білок DA1 містить С-кінцеву область, що має щонайменше 80 % ідентичності послідовності із залишками 229-532
- 10 із SEQ ID NO: 8.
47. Нуклеїнова кислота за п. 46, яка **відрізняється** тим, що С-кінцева область містить металопептидазний мотив HEMMH (SEQ ID NO: 32).
48. Нуклеїнова кислота за п. 46 або 47, яка **відрізняється** тим, що С-кінцева область містить амінокислотну послідовність EK(X)₈R(X)₄SEQ (SEQ ID NO: 33) або EK(X)₈R(X)₄SEQ (SEQ ID
- 15 NO: 34).
49. Нуклеїнова кислота за будь-яким із пп. 30-48, яка **відрізняється** тим, що білок DA1 містить UIM1-домен із SEQ ID NO: 35 й UIM2-домен із SEQ ID NO: 36.
50. Нуклеїнова кислота за будь-яким із пп. 30-49, яка **відрізняється** тим, що білок DA1 містить одну або більше змін послідовності відносно послідовності DA1 дикого типу, які порушують або
- 20 інактивують активність або функцію LIM-домену.
51. Нуклеїнова кислота за п. 49, яка **відрізняється** тим, що послідовність DA1 дикого типу містить амінокислотну послідовність будь-якої з SEQ ID NOS: 4-27 або є її варіантом.
52. Нуклеїнова кислота за п. 51, яка **відрізняється** тим, що послідовність DA1 дикого типу містить амінокислотну послідовність, що має щонайменше 80 % ідентичності послідовності до
- 25 будь-якої з SEQ ID NOS: 4-27.
53. Нуклеїнова кислота за будь-яким із пп. 30-52, яка **відрізняється** тим, що нуклеїнова кислота, що кодує білок DA1, функціонально пов'язана з гетерологічним промотором.
54. Нуклеїнова кислота за п. 53, яка **відрізняється** тим, що промотор є тканинноспецифічним промотором або індукованим промотором.
- 30 55. Нуклеїнова кислота за будь-яким із пп. 53-54, яка **відрізняється** тим, що нуклеїнова кислота, що кодує білок DA, міститься в одному або більше векторах.
56. Вектор, який містить нуклеїнову кислоту за будь-яким із пп. 30-55.
57. Клітина рослини, яка містить гетерологічну нуклеїнову кислоту за будь-яким із пп. 30-55 або вектор за п. 56.
- 35 58. Рослина, яка містить клітину рослини за п. 57.
59. Рослина за п. 58, яку отримують способом за будь-яким із пп. 1-29.
60. Пропагула трансгенної рослини за п. 58.
61. Застосування вектора за п. 56 у способі підвищення врожаю рослини.



Фіг. 1

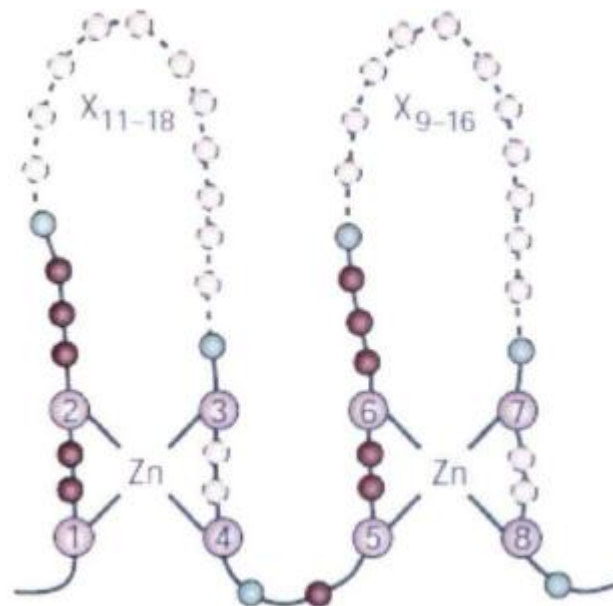


Fig. 2



Fig. 3

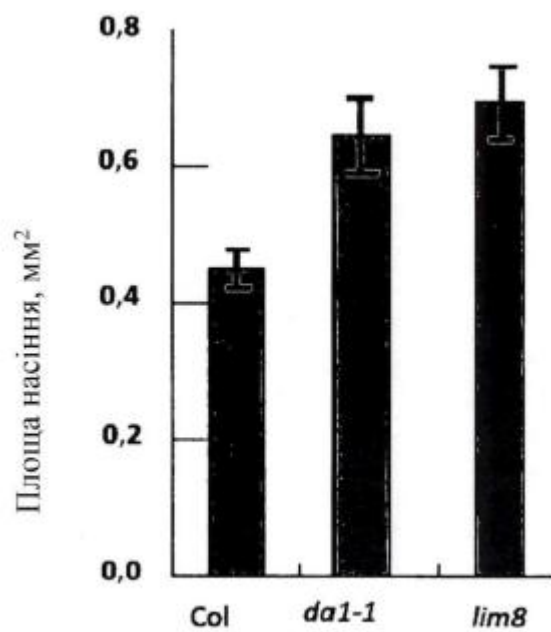


Fig. 4