

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 % 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-домені 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.

2. Спосіб за п. 1, який **відрізняється** тим, що зазначений білок DA1 експресують з гетерологічної кодуючої 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 % 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-домені 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-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-домені 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-домені.

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-домені.

10. Спосіб за п. 9, який **відрізняється** тим, що не-Zn координуючі залишки у LIM-домені розташовані в межах 4 залишків Zn координуючого залишку у LIM-домені.

11. Спосіб за п. 10, який **відрізняється** тим, що не-Zn координуючі залишки у LIM-домені розташовані на відстані 4 або більше залишків від Zn координуючого залишку у LIM-домені.

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)<sub>8</sub>R(X)<sub>4</sub>SEEQ (SEQ ID NO: 33) або EK(X)<sub>8</sub>R(X)<sub>4</sub>SEQ (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-домену.
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 тканинноспецифічним 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:

(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-домені 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.

31. Нуклеїнова кислота за п. 30, яка функціонально пов'язана з гетерологічною регуляторною послідовністю.

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.

33. Нуклеїнова кислота за будь-яким із пп. 30-32, яка **відрізняється** тим, що LIM-домен білка DA1 інактивований.

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".

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-домени.

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-домени.

37. Нуклеїнова кислота за п. 36, яка **відрізняється** тим, що не-Zn координуючі залишки у LIM-домени розташовані в межах 4 залишків від Zn координуючого залишку в LIM-домени.

38. Нуклеїнова кислота за п. 36, яка **відрізняється** тим, що не-Zn координуючі залишки у LIM-домени розташовані в межах 4 або більше залишків від Zn координуючого залишку в LIM-домени.

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.

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-домени.

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 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)<sub>8</sub>R(X)<sub>4</sub>SEQ (SEQ ID NO: 33) або EK(X)<sub>8</sub>R(X)<sub>4</sub>SEQ (SEQ ID 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 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 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.
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.
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.