



УКРАЇНА

(19) **UA** (11) **103176** (13) **C2**
(51) МПК (2013.01)
C12N 15/82 (2006.01)
A01H 5/00
C12N 15/29 (2006.01)

ДЕРЖАВНА СЛУЖБА
ІНТЕЛЕКТУАЛЬНОЇ
ВЛАСНОСТІ
УКРАЇНИ

(12) ОПИС ДО ПАТЕНТУ НА ВІНАХІД

(21) Номер заявки: а 2010 04718	(72) Винахідник(и): Франкард Валері (BE), Рьозо Крістоф (FR)
(22) Дата подання заявки: 19.09.2008	(73) Власник(и): БАСФ ПЛАНТ САЕНС ГМБХ, D-67056 Ludwigshafen, Germany (DE)
(24) Дата, з якої є чинними права на винахід: 25.09.2013	(74) Представник: Пахаренко Олександр Володимирович, реєстр. №136
(31) Номер попередньої заявки відповідно до Паризької конвенції: 07116988.2, 60/975,882	(56) Перелік документів, взятих до уваги експертизою: HORIGUCHI GOROU ET AL: "The transcription factor AtGRF5 and the transcription coactivator AN3 regulate cell proliferation in leaf primordia of Arabidopsis thaliana" PLANT JOURNAL, BLACKWELL SCIENTIFIC PUBLICATIONS, OXFORD, GB, vol. 43, no. 1, 1 July 2005 (2005-07-01), pages 68-78. KIM JEONG HOE ET AL: "A transcriptional coactivator, AtGIF1, is involved in regulating leaf growth and morphology in Arabidopsis" PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF USA, NATIONAL ACADEMY OF SCIENCE, WASHINGTON, DC.; US, vol. 101, no. 36, 7 September 2004 (2004-09-07), pages 13374-13379. GOROU HORIGUCHI ET AL: "Coordination of cell proliferation and cell expansion in the control of leaf size in Arabidopsis thaliana" JOURNAL OF PLANT RESEARCH, SPRINGER-VERLAG, TO, vol. 119, no. 1, 1 January 2006 (2006-01-01), pages 37-42. UA 200611571, 15.02.2007.
(32) Дата подання попередньої заявки відповідно до Паризької конвенції: 21.09.2007, 28.09.2007	
(33) Код держави-учасниці Паризької конвенції, до якої подано попередню заявку: EP, US	
(41) Публікація відомостей про заявку: 25.05.2010, Бюл.№ 10	
(46) Публікація відомостей про видачу патенту: 25.09.2013, Бюл.№ 18	
(86) Номер та дата подання міжнародної заявки, поданої відповідно до Договору РСТ: PCT/EP2008/062540, 19.09.2008	

(54) РОСЛИНА З ПІДВИЩЕНИМИ ПОКАЗНИКАМИ ВРОЖАЙНОСТІ ТА СПОСІБ ЇЇ ОДЕРЖАННЯ

(57) Реферат:

Винахід належить до галузі молекулярної біології та стосується способу підвищення показників врожайності рослин шляхом підвищення експресії в рослині: (i) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує поліпептид фактора регулювання росту (GRF); та (ii) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує поліпептид транслокації синовіальної саркоми (SYT), де вказана врожайність є підвищеною у порівнянні з рослинами, які мають підвищену експресію однієї з: (i) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид, або (ii) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид. Винахід також стосується рослин з підвищеною експресією

UA 103176 C2

(i) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид; та (ii) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, де вказані рослини мають підвищену врожайність у порівнянні з рослинами з підвищеною експресією однієї з: (i) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид; або (ii) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид. Винахід також стосується конструктів, придатних у способах винаходу.

Даний винахід стосується галузі молекулярної біології та способу підвищення різноманітних показників врожайності рослин шляхом підвищення експресії в рослині: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує поліпептид фактору регулювання росту (GRF); та (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує поліпептид транс локації синовіальної саркоми (SYT), де вказана врожайність є підвищеною у порівнянні з рослинами, які мають підвищену експресію однієї з: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид, або (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид. Даний винахід також стосується рослин з підвищеною експресією (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид; та (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид, де вказані рослини мають підвищену врожайність у порівнянні з рослинами з підвищеною експресією однієї з: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид; або (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид. Винахід також стосується конструктів, придатних у способах винаходу.

У світі постійно збільшується населення та постійно зменшується площа доступних оброблюваних земель, тому ведуться дослідження сільськогосподарських паливних культур з метою збільшення ефективності сільського господарства. Традиційні способи покращення зернових та содових культур використовують селекцію для ідентифікації рослин з бажаними характеристиками. Однак, такі технології селекції мають декілька недоліків, зокрема, такі технології потребують значної затрати праці та приводять до того, що рослини часто містять гетерогенні генетичні компоненти, які не завжди приводять до бажаної характеристики, отриманої з батьківських рослин. Переваги молекулярної біології дозволили людству модифікувати зародкову плазму тварин та рослин. Генетична інженерія рослин означає ізоляцію та маніпулювання генетичним матеріалом (зазвичай у формі ДНК або РНК) та наступне введення генетичного матеріалу у рослину. Завдяки таким технологіям з'являються зернові та рослини з різноманітними покращеними економічними, агрономічними або садівничими характеристиками.

Особливо економічно переважною характеристикою є підвищена врожайність. Врожайність зазвичай визначають як вихід економічної цінності зернових, що вимірюється. Це може бути представлено у визначеннях кількості та/або якості. Врожайність напряму залежить від кількох факторів, наприклад, кількість та розмір частин рослини, структура рослини (наприклад, кількість відгалужень), насінна продуктивність, відмирання листя тощо. Розвиток коріння, поглинання споживних речовин, толерантність до стресу та рання сила також є важливими факторами при визначенні врожайності. Оптимізація таких факторів призведе до збільшення врожайності зернових.

Вихід насіння є особливо важливою характеристикою, з огляду на те, що насіння багатьох рослин є важливим для харчування людини та тварин. Зернові, такі як кукурудза, рис, пшениця, канولا та соя, складають більше ніж половину загального вживання калорій, або внаслідок безпосередньої споживання насіння, або внаслідок споживання м'ясних продуктів, отриманих з тварин, які годувались насінням. Також вони є джерелом сахарів, олій та багатьох метаболітів, які використовують у промисловому виробництві. Насіння містить ембріон (джерело нових ростків та коріння) та ендосперм (джерело споживних речовин для ембріонального росту, та протягом проростання, та протягом раннього росту саджанців). Розвиток насіння залежить від багатьох генів, та потребує трансфер метаболітів з коріння, листя та стебла до насіння, що росте. Ендосперм, зокрема, накопичує метаболічні попередники та синтезує їх у депо макромолекул для заповнення зерна.

Рослинна біомаса є врожаєм для кормових культур, таких як люцерна, силос та сіно. Було зроблено багато пропозицій щодо врожайності зернових. Головною серед них є оцінка розміру рослини. Розмір рослини можна виміряти багатьма шляхами в залежності від виду та стадії розвитку, проте включають загальну суху масу рослини, суху масу надземної частини рослини, масу свіжої надземної частини рослини, площину листя, об'єм стебла, висоту рослини, діаметр розетки, довжину листя, довжину коріння, вагу коріння, кількість ростків та кількість листя. Багато видів підтримують постійне співвідношення між розміром різних частин рослини на певній стадії розвитку. Ці алометричні співвідношення використовують для екстраполяції одного з таких вимірювань на інше (наприклад, Tiltonell et al 2005 Agric Ecosys & Envferum 105: 213). Розмір рослини на ранній стадії розвитку буде корелювати з розміром рослини на подальшій стадії. Більша рослина з більшою площиною листя зазвичай поглинає більше світла та вуглекислого газу, ніж менша рослина, та тому скоріш за все буде мати більшу вагу протягом однакового періоду (Fasoula & Tollenaar 2005 Maydica 50:39). Це є додатковою перевагою до мікро-середовищних та генетичних переваг які повинна досягти рослина з більшим вихідним розміром. Існує сильний генетичний компонент стосовно розміру рослини та швидкості росту

(наприклад, ter Steege et al 2005 Plant Physiology 139:1078), та таким чином, діапазон різних генотипів розміру рослини при однакових умовах середовища скоріш за все буде корелювати з розміром рослини при інших умовах (Hittalmani et al 2003 Theoretical Applied Genetics 107:679). Таким чином, стандартні умови використовують як допоміжні, щодо різноманітних та динамічних умов, які спостерігаються у різних місцях розташування та часі, для зернових на полі.

Іншою важливою характеристикою багатьох зернових є рання сила. Покращення ранньої сили є важливою метою для сучасних програм по вирощуванню рису, як помірних, так і тропічних культиварів. Довге коріння є важливим для гарного закріплення у ґрунті для рису водних ґрунтів. Коли рис сіють безпосередньо у затоплені поля та, коли рослини повинні швидко з'явитись над водою, довге коріння асоціюється з силою. Коли використовують рядовий посів для гарної схожості саджанців важливим є довші мезокотилідон та колеоптилі. Здатність забезпечити ранню силу у рослин є дуже важливою для сільського господарства. Наприклад, слабка рання сила була бар'єром для введення гібридів кукурудзи (*Zea mays* L.) на основі зародкової плазми Corn Belt на атлантичному узбережжі Європи.

Індекс врожайності, співвідношення виходу насіння до сухої маси надземної частини рослини є відносно стабільним при багатьох умовах навколишнього середовища та, таким чином, існує чітка кореляція між розміром рослини та виходом зерна (наприклад, Rebetzke et al 2002 Crop Science 42:739). Ці процеси по суті є пов'язаними, тому що більшість біомаси зерна залежить від поточної та збереженої листям та стеблом рослини продуктивності фотосинтезу (Gardener et al 1985 Physiology of Crop Plants. Iowa State University Press, pp68-73). Тому, відбір рослин по розміру, навіть на ранній стадії розвитку, використовували як індикатор для майбутньої потенційної врожайності (наприклад, Tittonell et al 2005 Agric Ecosys & Env 105: 213). При дослідженні впливу генетичних різниць на толерантність до стресу, можливість стандартизувати характеристики ґрунту, температуру, воду та доступність харчових речовин та інтенсивність світла є перевагами теплиць або камер для вирощування рослин у порівнянні з полем. Однак, неприродні обмеження врожайності внаслідок незначного запилення, внаслідок відсутності вітру або комах, або недостатня площа для зрілого коріння або росту пологів, обмежує застосування цих контрольованих умов середовища для дослідження різниць врожайності. Тому визначення розміру рослини на ранній стадії розвитку при стандартизованих умовах у камері для вирощування або теплиці є стандартною методикою для передбачення потенційних генетичних переваг врожайності.

Іншою важливою характеристикою є збільшена толерантність до абіотичного стресу. Абіотичний стрес є першочерговою причиною втрати зернових по всьому світу, що знижує врожайність більшості зернових, більше ніж на 50 % (Wang et al. (2003) Planta 218: 1-14). Абіотичний стрес викликається посухою, засоленням ґрунту, екстремальними температурами, хімічною токсичністю, надлишком чи браком споживних речовин (мікроелементів та/або мікроелементів), опроміненням або окислювальним стресом. Здатність збільшувати толерантність рослини до абіотичного стресу бути мати значну економічну перевагу для фермерів по всьому світу та дозволить вирощувати зернові при несприятливих умовах та на територіях, де вирощування зернових в іншому випадку буде неможливим.

Таким чином врожайність зернових можна збільшити шляхом оптимізації одного з вищенаведених факторів.

В залежності від кінцевої мети модифікація певної показники врожайності може бути важливішою за інші. Наприклад, для використання, такого як корм або вироблення деревини, або як джерело біопалива, бажаними є збільшення вегетативних частин рослини, та для застосування такого як отримання муки, крохмалю олії, особливо бажаним є збільшення параметрів насіння. Навіть серед параметрів насіння, деякі можуть бути більш важливими, в залежності від застосування. Різноманітні механізми можуть привести до збільшення виходу насіння, або у виді збільшення розміру насіння або у виді збільшення кількості насіння.

Одним способом збільшення показників врожайності (вихід насіння та/або біомаса) рослин є модифікація наявних механізмів росту рослини, таких як клітинний цикл або різноманітні сигнальні шляхи які регулюють ріст рослини або механізми захисту.

У наш час винайшли, що різноманітні характеристики пробійності рослин збільшують шляхом підвищення експресії у рослині: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує а поліпептид Фактору Регулювання Росту (GRF); та/або (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує поліпептид транслокації синовіальної саркоми (SYT), де вказані показники врожайності є підвищеними у порівнянні з рослинами з підвищеною експресією однієї з: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид; або (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид. Підвищені показники врожайності включають одну або кілька: підвищена рання сила, підвищена біомаса надземної частини рослини, підвищений загальний вихід

насіння на кожну рослину, підвищений показник наповнення насіння, підвищена кількість (наповненого) насіння, підвищений індекс врожайності та підвищена маса тисячі зерен (TKW).

Рівень техніки поліпептидів Фактору Регулювання Росту (GRF)

ДНК-зв'язувальні білки є білками, які містять будь-який з багатьох ДНК-зв'язувальних доменів та, таким чином, мають особливу чи загальну афінність до ДНК. ДНК-зв'язувальні білки включають, наприклад, фактори транскрипції, нуклеази, які розщеплюють молекули ДНК, та гістони, які беруть участь у розміщенні ДНК у ядрі клітини.

Фактори транскрипції зазвичай представлені білками, які проявляють зв'язувальну афінність до специфічної послідовності ДНК, та які здатні активувати та/або пригнічувати транскрипцію. Геном *Arabidopsis thaliana* кодує щонайменше 1533 регулятори транскрипції, що складає приблизно ~5,9 % загальної кількості генів (Riechmann et al. (2000) Science 290: 2105-2109). База даних факторів транскрипції рису (DRTF) є колекцією відомих та прогнозованих факторів транскрипції *Oryza sativa* L. ssp. *indica* та *Oryza sativa* L. ssp. *japonica*, та на даний час містить 2,025 генні моделі передбачуваних факторів транскрипції (TF) у *indica* та 2,384 у *japonica*, розподілені між 63 родинами (Gao et al. (2006) Bioinformatics 2006, 22(10):1286-7).

Однією з таких родин є родина Фактору Регулювання Росту (GRF) факторів транскрипції, яка є спеціальною у рослин. Ідентифікували щонайменше дев'ять GRF поліпептидів у *Arabidopsis thaliana* (Kim et al. (2003) Plant J 36: 94-104), та щонайменше 12 у *Oryza sativa* (Choi et al. (2004) Plant Cell Physiol 45(7): 897-904). GRF поліпептиди характеризуються наявністю на їх N-термінальній частині щонайменше двох високо консервативних доменів, названих за їх найбільш консервативними амінокислотами у кожному домені: (i) QLQ домен (InterPro повтор IPR014978, PFAM повтор PF08880), де найбільш консервативними амінокислотами домену є Gln-Leu-Gln; та (ii) WRC домен (InterPro повтор IPR014977, PFAM повтор PF08879), де найбільш консервативними амінокислотами домену є Trp-Arg-Cys. WRC домен додатково містить дві відрізняльні структурні характеристики, а саме, WRC домен збагачений основними амінокислотами Lys та Arg, та та додатково містить три Cys та один His залишок у консервативному регіоні (CX₉CX₁₀CX₂H), позначений як домен ефектора Транскрипції (ET) (Ellerstrom et al. (2005) Plant Molec Biol 59: 663-681). Консервативний регіон залишків цистеїну та гістидину у ET домені нагадує білки "цинкові пальці" (цинк-зв'язуючі). Окрім цього, сигнальна послідовність ядерної локалізації (NLS) зазвичай міститься у GRF поліпептидних послідовностях.

Взаємодію деяких GRF поліпептидів з маленькою родиною спів активаторів транскрипції, GRF-взаємодіючих факторів (GIF1-GIF3, також називають транслокацією синовіальної саркоми SYT1-SYT3), продемонстрували, використовуючи метод двогібридної системи дріжджів для дослідження взаємодії (Kim & Kende (2004) Proc Natl Acad Sci 101: 13374-13379).

Назву GRF також дали іншому типу поліпептидів, які належать до родини поліпептидів 14-3-3 (de Vetten & Ferl (1994) Plant Physiol 106: 1593-1604), які взагалі не мають відношення до GRF поліпептидів, які є придатними для використання у способах винаходу.

Трансгенні рослини *Arabidopsis thaliana* трансформовані поліпептидом рису GRF (OsGRF1) під контролем вірусного конститутивного промотора 35S CaMV, демонстрували курчає листя, значне зменшення подовження первинних суцвіть, та уповільнений вихід у стрілку (van der Knapp et al. (2000) Plant Physiol 122: 695-704). Трансгенні рослини *Arabidopsis thaliana* з або одним або двома GRF поліпептидами *Arabidopsis* (AtGRF1 та AtGRF2) розвинули більші листя та сім'ядолі, мали уповільнений вихід у стрілку та були частково стерильними (внаслідок недостатньої кількості життєздатного пилку), у порівнянні з дикими типами рослин (Kim et al. (2003) Plant J 36: 94-104).

У патентній заявці США US2006/0048240, GRF поліпептид *Arabidopsis thaliana* ідентифіковано як SEQ ID NO: 33421, У патентній заявці США US2007/0022495, GRF поліпептид *Arabidopsis thaliana* ідентифіковано як SEQ ID NO: 1803 (також у даному документі посилаються як на G1438). Трансгенні рослини *Arabidopsis*, які надекспресують G1438 використовуючи 35S CaMV промотор, демонструють темно-зелене листя.

Рівень техніки поліпептидів транслокації синовіальної саркоми (SYT)

SYT є співактиватором транскрипції, який у рослинах утворює функціональний комплекс з активаторами транскрипції родини протеїнів GRF (фактором регуляції росту) (Kim HJ, Kende H (2004) Proc Nat Acad Sc 101: 13374-9). SYT, у даному документі, називають GIF для GRF-взаємодіючого фактору, та AN3 для *angustifolia* 3 у Horiguchi et al. (2005) Plant J 43: 68-78, GRF активатори транскрипції ділять структурні домени (у N-термінальному регіоні) з SWI/SNF протеїнами у хроматин-реконструюючих комплексах у дріжджів (van der Knaap E et al., (2000) Plant Phys 122: 695-704). Вважають, що спів-активатори транскрипції цих комплексів, беруть участь у рекрутингу SWI/SNF комплексів для посилюючих та промоторних регіонів для

здійснення локального трансформування хроматину (огляд Näär AM et al., (2001) *Annu Rev Biochem* 70: 475-501). Зміни у локальній структурі хроматину регулюють активацію транскрипції. Зокрема, вважають, що SYT взаємодіє з рослинним комплексом SWI/SNF для впливу на активацію транскрипції гену(ів) мішеней GRF (Kim HJ, Kende H (2004) *Proc Nat Acad Sc* 101: 13374-9).

SYT належить до родини генів, яка складається з трьох членів у *Arabidopsis*. SYT поліпептид є гомологічним людському SYT. Людський поліпептид SYT є спів-активатором транскрипції (Thaete et al. (1999) *Hum Molec Genet* 8: 585-591). Людський SYT поліпептид характеризують три домени:

(i) N-термінальний SNH (SYT N-термінальний гомологічний) домен, збережений у ссавців, рослин, нематод та риб;

(ii) C-термінальний QPGY-збагачений домен, який переважно складається з гліцину, проліну, глутаміну та тирозину, з'являється з різноманітними інтервалами;

(iii) Метіонін-збагачений (Met-збагачений) домен, розташований між двома попередніми доменами.

У рослині SYT поліпептиди, SNH домен є добре збереженими. C-термінальний домен є збагаченим гліцином та глутаміном, проте не проліном або тирозином. Внаслідок цього його назвали QG-збагаченим доменом у протиріч з QPGY доменом ссавців. Також як і SYT ссавців, Met-збагачений домен ідентифікують по N-термінальному QG домену. QG-збагачений домен може бути по суті залишком C-термінального поліпептиду (мінус SHN домен); Met-збагачений домен зазвичай складає першу половину QG-збагаченого домену (з N-термінального до C-термінального). Другий Met-збагачений домен може передувати SNH домену у SYT поліпептидах рослин (дивитись Фіг. 1).

Продемонстровано, що SYT не функціональні мутанти та трансгенні рослини з пониженою експресією SYT, розвивають маленьке та вузьке листя та пелюстки, які мають менше клітин (Kim HJ, Kende H (2004) *Proc Nat Acad Sc* 101: 13374-9).

Надекспресія AN3 у *Arabidopsis thaliana* привела до того, що листя рослин збільшилось на 20-30 % у порівнянні з диким типом (Horiguchi et al. (2005) *Plant J* 43: 68-78).

У японській патентній заявці 2004-350553 описано спосіб регулювання розміру листя у горизонтальному напрямку шляхом контролювання експресії гену AN3.

Несподівано виявили, що підвищена експресія у рослині: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує поліпептид Фактору Регулювання Росту (GRF); та (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує поліпептид транслокації синовіальної саркоми (SYT), дає рослині з підвищеними показниками врожайності у порівнянні з рослинами з підвищеною експресією однієї з: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид; або (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид. Відповідно до одного варіанту здійснення, винахід стосується різноманітних підвищених показників врожайності шляхом збільшення експресії у рослині: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує поліпептид Фактору Регулювання Росту (GRF); та (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує поліпептид транслокації синовіальної саркоми (SYT), де вказані показники врожайності є підвищеними по відношенню до рослин з підвищеною експресією однієї з: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид, або (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид. Підвищені показники врожайності включають одну або кілька з наступних: підвищена рання сила, підвищена біомаса надземної частини рослини, підвищений загальний вихід насіння на рослину, підвищений показник наповнення насіння, підвищена кількість (наповненого) насіння, підвищений індекс врожайності або підвищена маса тисячі зерен (TKW).

Визначення термінів

Поліпептид(и)/Протеїн(и)

Терміни "поліпептид" та "протеїн" у даному документі використовують взаємозамінно та вони стосуються амінокислот у полімерній формі будь-якої довжини, зв'язані пептидними зв'язками.

Полінуклеотид(и)/Нуклеїнова кислота(и)/Послідовність нуклеїнової кислот(и)/послідовність нуклеотидів.

Терміни "полінуклеотид(и)", "послідовність нуклеїнової кислот(и)", "послідовність нуклеотидів", "нуклеїнова кислота(и)" у даному документі використовують взаємозамінно та вони стосуються нуклеотидів, або рибонуклеотидів або дезоксирибонуклеотидів або їх комбінації, у полімерній не розгалуженій формі будь-якої довжини.

Контрольні рослини(а)

Вибір придатних контрольних рослин є стандартною частиною експерименту, ці рослини можуть включати дикі типи рослин або відповідні рослини які не містять потрібного гену.

Контрольною рослиною зазвичай є рослина того виду або навіть того ж сорту що й рослина, яку оцінюють. Контрольною рослиною може також бути рослина, яка є нульовою зиготою рослини, яку оцінюють. Термін "контрольна рослина" як використано у даному документі, стосується не тільки всієї рослини, а й частин рослини, включаючи насіння та частини насіння.

5 Гомолог(и)

"Гомологи" протеїну включають пептиди, олігопептиди, поліпептиди, протеїни та ферменти, з заміщеннями по амінокислотам, делеціями та/або вставками по відношенню до такого ж не модифікованого протеїну та, які мають однакову біологічну та функціональну активність з не модифікованим протеїном з якого вони походять.

10 Делеція стосується видалення однієї або кількох амінокислот з протеїну.

Вставка стосується одного або кількох амінокислотних залишків, які включили у попередньо визначений сайт протеїну. Вставки можуть включати N-термінальні та/або C-термінальні приєднання, а також вставки в рамках послідовності однієї або кількох амінокислот. Зазвичай, вставки в межах амінокислотної послідовності є меншими ніж N- або C-термінальні приєднання, порядком приблизно 1-10 залишків. Приклади N- або C-термінальних приєднань протеїнів або пептидів включають зв'язувальний домен або домен активації активатора транскрипції, як використано у дріжджевій дво-гібридній системі, протеїни поверхні фагу, (гістидин)-6-tag, глутатіон S-трансфераза-tag, протеїн A, протеїн, що зв'язує мальтозу, дигідрофолат редуктаза, Tag•100 епітоп, с-мус епітоп, FLAG®-епітоп, lacZ, CMP (пептид, що зв'язує калмодулін), HA епітоп, протеїн C епітоп та VSV епітоп.

Заміщення стосується заміни амінокислот протеїну іншими амінокислотами з однаковими властивостями (такими як, однакова гідрофобність, гідрофільність, антигенність, схильність до утворення або розриву α -спіральних структур або β -пластинчастих структур). Амінокислотні заміщення зазвичай стосуються одного залишку, проте іноді до кластеру, внаслідок функціонального взаємозв'язку у поліпептиді; вставки зазвичай мають порядок від 1 до 10 амінокислотних залишків. Амінокислотними заміщеннями зазвичай є заміщення консервативної амінокислоти. Таблиці консервативних заміщень є добре відомими у галузі (дивитись, наприклад, Creighton (1984) Proteins. W.H. Freeman and Company (Eds) та Таблиця 1 нижче).

Таблиця 1:

Приклади заміщень консервативних амінокислот

Залишок	Консервативні заміщення	Залишок	Консервативні заміщення
Ala	Ser	Leu	Ile; Val
Arg	Lys	Lys	Arg; Gln
Asn	Gln; His	Met	Leu; Ile
Asp	Glu	Phe	Met; Leu; Tyr
Gln	Asn	Ser	Thr; Gly
Cys	Ser	Thr	Ser; Val
Glu	Asp	Trp	Tyr
Gly	Pro	Tyr	Trp; Phe
His	Asn; Gln	Val	Ile; Leu
Ile	Leu, Val		

Амінокислотні заміщення, делеції та/або вставки отримують за допомогою технологій синтезу білка, які є добре відомими у галузі, твердо фазний пептидний синтез тощо, або шляхом маніпуляцій з рекомбінантною ДНК. Способи маніпуляцій послідовностями ДНК для отримання варіантів заміщень, вставок або делецій протеїну є добре відомими у галузі. Наприклад, технології отримання мутантних заміщень у попередньо визначених місцях ДНК є добре відомими фахівцям у галузі та включають M13 мутагенез, T7-ren in vitro мутагенез (USB, Cleveland, OH), QuickChange сайт спрямований мутагенез (Stratagene, San Diego, CA), ПЛР-опосередкований сайт-спрямований мутагенез або інші сайт-спрямовані протоколи мутагенезу.

Похідні

"Похідні" включають пептиди, олігопептиди, поліпептиди, які можуть, у порівнянні з послідовністю амінокислот природних форм білку, такого як потрібний білок, містити заміни амінокислот залишками неприродних амінокислот або добавки залишків неприродних амінокислот. "Похідні" протеїну також включають пептиди, олігопептиди, поліпептиди, які включають природні заміщені (глікозильовані, ацильовані, пренильовані, фосфорильовані, міристоильовані, сульфатовані тощо) або неприродно заміщені амінокислотні залишки у

порівнянні з амінокислотою послідовністю природної форми поліпептиду. Похідна може також містити один або кілька не амінокислотних замісників або добавки, у порівнянні з амінокислотою послідовністю, похідними якої вони є, наприклад, репортерну молекулу або інший ліганд, ковалентно або нековалентно зв'язаний з амінокислотою послідовністю, наприклад, репортера молекула, яка полегшує виявлення, та амінокислотні залишки, що з'явилися неприродним шляхом у амінокислотній послідовності природного білку.

Ортолог(и)/Паролог(и)

Ортологи та парологи включають еволюційні концепції, які використовували для характеризування спадкового взаємозв'язку генів. Парологи є генами в рамках однакових видів, які з'явилися внаслідок дуплікації батьківського гену, ортологи є генами різних організмів, які з'явилися внаслідок видоутворення, та також є похідними від загального батьківського гену.

Домен

Термін "домен" стосується набору амінокислот, збережених у певних положеннях лінії послідовностей еволюційно пов'язаних протеїнів. У той час як амінокислоти у інших положеннях можуть змінюватись між гомологами, амінокислоти, які є сильно консервативними у певних положеннях, вказують на амінокислоти які є природними у структурі, стабільність або функцію протеїну. Їх використовують як ідентифікатори для визначення будь-якого поліпептида, щодо того, чи він належить до визначеної родини поліпептидів, завдяки їх високій консервативності у лінії послідовностей родини білків гомологів.

Мотив/Консенсусна послідовність/Відбиток

Термін "мотив" або "консенсусна послідовність" або "відбиток" стосується коротко консервативної ділянки у послідовності еволюційно пов'язаних протеїнів. Мотиви є часто високо консервативними частинами доменів, проте також можуть включати тільки частину домену, або бути розташованими поза консервативним доменом (якщо всі амінокислоти мотиву випадають з визначеного домену).

Гібридизація

Термін "гібридизація" як вказано у даному документі, є процесом, де по суті гомологічні комплементарні послідовності нуклеотидів гібридизують одна одну. Процес гібридизації може повністю здійснюватись у розчині, тобто, обидві молекули комплементарних нуклеїнових кислот знаходяться у розчині. Процес гібридизації може здійснюватись з однією молекулою комплементарних нуклеїнових кислот, іммобілізованою на матрикс, такий як магнітні мікрочастинки, сефароза або інша смола. Процес гібридизації більш того може здійснюватись з однією молекулою комплементарних нуклеїнових кислот, іммобілізованою на тверду основу, таку як нітроцелюлоза або нейлонова плівка або, іммобілізованою, наприклад, фотолітографією на, наприклад, кремнієве скло (останнє відоме як матриці або мікроматриці послідовності нуклеїнової кислоти або як чіпи послідовності нуклеїнової кислоти). Для здійснення гібридизації молекули нуклеїнової зазвичай термічно або хімічно денатурують для плавлення подвійної нитки у дві одинарні нитки та/або для видалення "шпильки" або інших вторинних структур для одно спіральних молекул нуклеїнових кислот.

Термін "жорсткість" стосується умов при яких здійснюють гібридизацію. Жорсткість гібридизації регулюється умовами, такими як температура, концентрація солі, іонна сила та буферна композиція для гібридизації. Зазвичай, нежорсткі умови означають що температура становить приблизно на 30 °C ніж температура плавлення (T_m) для певної послідовності при визначеній іонній силі та pH. Середньо жорсткі умови означають що температура становить приблизно на 30 °C ніж температура плавлення (T_m) та сильно жорсткі умови, коли температура на 10 °C нижче, ніж T_m . Гібридизацію з сильно жорсткими умовами використовують для ізолювання гібридизованих послідовностей, які є дуже подібними за послідовністю до бажаної послідовності нуклеїнової кислоти. Однак, послідовності нуклеїнових кислот можуть дещо відрізнятись та все ж кодувати ідентичний поліпептид, завдяки вродженості генетичного коду. Таким чином, умови гібридизації середньої жорсткості деколи потрібні для ідентифікації таких послідовностей молекул нуклеїнової кислоти.

T_m означає температуру при визначеній іонній силі та pH, при якій 50 % бажаної послідовності гібридується у ідеально підібраний зонд. T_m залежить від характеристик розчину та основної композиції та довжини зонду. Наприклад, довші послідовності гібридизують специфічно при вищих температурах. Максимальну швидкість гібридизації отримують при температурі від приблизно 16 °C до 32 °C нижче T_m . Наявність моновалентних катіонів у розчині гібридизації зменшує електростатичне відштовхування між двома послідовностями ниток нуклеїнових кислот таким чином стимулюючи утворення гібриду; цей результат видно при концентраціях натрію до 0,4M (при вищих концентраціях цей результат може бути невидимим). Формамід знижує температуру плавлення ДНК-ДНК та ДНК-РНК дуплексів з 0,6 до 0,7 °C на

кожний процент формаміду, та додавання 50 % формаміду дозволяє здійснювати гібридизацію при 30-45 °C, хоча швидкість гібридизації зменшиться. Невідповідність пар основ зменшує швидкість гібридизації та термічну стабільність дуплексів. Для середніх та великих зондів T_m зменшується приблизно до 1 °C на % невідповідності основ. T_m розраховують, використовуючи наступні рівняння, в залежності від типу гібридів:

1) ДНК-ДНК гібриди (Meinkoth and Wahl, Anal. Biochem., 138: 267-284, 1984):

$$T_m = 81,5\text{ }^{\circ}\text{C} + 16,6 \times \log_{10}[\text{Na}^+]^a + 0,41 \times \%[\text{G/C}^b] - 500 \times [\text{L}^c]^{-1} \times 0,61 \times \% \text{ формамід}$$

2) ДНК-РНК або РНК-РНК гібриди:

$$T_m = 79,8 + 18,5 (\log_{10}[\text{Na}^+]^a) + 0,58 (\% \text{G/C}^b) + 11,8 (\% \text{G/C}^b)^2 \times 820/\text{L}^c$$

3) оліго-ДНК або оліго-РНК^d гібриди:

Для <20 нуклеотидів: $T_m = 2 (I_n)$

Для 20-35 нуклеотидів: $T_m = 22 + 1,46 (I_n)$

^a або для іншого моно валентного катіону, проте тільки у діапазоні 0,01-0,4 М.

^b тільки для %GC у 30 % - 75 % діапазоні.

^c L = довжина дуплексу виражена у парах основ.

^d оліго, олігонуклеотид; I_n = ефективна довжина праймеру = $2 \times (\text{no. of G/C}) + (\text{no. of A/T})$.

Не-специфічне зв'язування контролюють за допомогою будь-якої відомої технології, такої як, наприклад, блокування мембрани білковим розчином, додаванням гетерологічних РНК, ДНК та SDS до буферу для гібридизації, та обробка Rnase. Для негомологічних зондів можна здійснювати серії гібридизацій шляхом заміни або (i) поступового збільшення температури плавлення (наприклад, з 68 °C до 42 °C) або (ii) поступового зниження концентрації формаміду (наприклад, з 50 % до 0 %). Фахівцю у галузі відомі різноманітні параметри, які можна змінювати протягом гібридизації та що буде або підтримувати або змінювати жорсткість умов.

Окрім умов гібридизації, особливість гібридизації зазвичай залежить від промивання після гібридизації. Для видалення середовища після гібридизації, зразки промивали розведеними сольовими розчинами. Критичні фактори таких промивань включають іонну силу та температуру кінцевого розчину для промивання: Чим нижча концентрація солі та вища температура розчину для промивання, тим вища жорсткість промивання. Умови промивання зазвичай визначають при або перед жорсткістю гібридизації. Позитивна гібридизація дає в два рази більший сигнал у порівнянні з фоном. Зазвичай, придатні жорсткі умови для аналізів гібридизації послідовності нуклеїнової кислоти або визначення ампліфікації генів є такими як викладено вище. Також можна вибрати більш або менш жорсткі умови. Фахівцю у галузі відомі різноманітні параметри, які можна змінювати протягом гібридизації та що буде або підтримувати або змінювати жорсткість умов.

Наприклад, звичайними жорсткими умовами гібридизації ДНК гібридів довжиною більше ніж 50 нуклеотидів є гібридизація при 65 °C у 1x SSC або при 42 °C у 1x SSC та 50 % формаміді, після чого здійснювали промивання при 65 °C у 0,3x SSC. Приклади менш жорстких умов гібридизації ДНК гібридів довжиною більше ніж 50 нуклеотидів є гібридизація при 50 °C у 4x SSC або при 40 °C у 6x SSC та 50 % формаміді, після чого здійснювали промивання при 50 °C у 2x SSC. Довжина гібриду є передбачуваною довжиною для гібридизованої нуклеїнової кислоти. При гібридизації молекул нуклеїнової кислоти з відомою послідовністю, довжину гібриду визначають шляхом співставлення послідовностей та визначення консервативних регіонів, описаних у даному документі. 1xSSC означає 0,15M NaCl та 15mM цитрат натрію; розчин для гібридизації та розчини для промивання можуть додатково містити 5x Denhardt's reagent, 0,5-1,0 % SDS, 100 мкг/мл денатурованої, фрагментованої ДНК сперми лосося, 0,5 % пірофосфату натрію.

Матеріал стосовно визначення рівню жорсткості умов можна знайти у Sambrook et al. (2001) Molecular Cloning: a laboratory manual, 3rd Edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, New York або у Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, N.Y. (1989 and yearly updates).

Сплайс-варіант

Термін "сплайс-варіант" як використано у даному документі, включає варіанти послідовності нуклеїнової кислоти, в яких вибрані інтрони та/або екзони були видалені, замінені, заміщені або додані, або в яких інтрони були скорочені або подовжені. Такими варіантами будуть ті варіанти, де підтримується біологічна активність білку, цього досягають шляхом селективного збереження функціональних сегментів білку. Такі сплайс-варіанти можуть бути природними або штучними. Способи прогнозування та ізолювання таких сплайс-варіантів є добре відомими у галузі (дивитись, наприклад, Foissac and Schiex (2005) BMC Bioinformatics 6: 25).

Алельний варіант

Алелі або алельні варіанти є альтернативними формами певного гену, розташовані у однаковому положенні у хромосомі. Алельні варіанти включають однонуклеотидний

поліморфізм (SNPs), а також поліморфізм маленьких вставок/делецій (INDELs). Розмір INDEL зазвичай становить менше ніж 100 bp. SNP та INDEL утворюють найбільший набір варіантів послідовностей у природний поліморфних лініях більшості організмів.

Перемішування генів/Спрямована еволюція

5 Перемішування генів або спрямована еволюція складається з повторів перестановок в ДНК, після чого здійснюють відповідний скринінг та/або відбір отриманих варіантів послідовностей нуклеїнових кислот або їх частин, які кодують протеїни з модифікованою біологічною активністю (Castle et al., (2004) Science 304(5674): 1151-4; патенти США 5,811,238 та 6,395,547).

Регуляторний елемент/Контрольна послідовність/Промотор

10 Терміни "регуляторний елемент", "контрольна послідовність" та "промотор" у даному документі використовують взаємозамінно, та застосовують у широкому сенсі для посилення на регуляторні послідовності нуклеїнових кислот, здатних впливати на експресію послідовностей, до яких вони приєднані. Термін "промотор" зазвичай стосується контрольної послідовності нуклеїнової кислоти, розташованої перед сайтом ініціації транскрипції гену, яка
15 бере участь у розпізнаванні та приєднанні РНК-полімерази та інших протеїнів, таким чином спрямовуючи транскрипцію операбельно зв'язаної нуклеїнової кислоти. Включеними у вищевикладені терміни є регуляторні послідовності транскрипції, похідні від геномного гену звичайної еукаріоти (включаючи ТАТА-бокс, потрібний для точного ініціювання транскрипції, з або без ССАТ-бокс послідовності) та додаткові регуляторні елементи (тобто, активуючі
20 послідовності, підвищувачі та "мовчазні" послідовності), які змінюють експресію гену у відповідь на еволюційний та/або зовнішній стимул, або тканино-специфічно. Також у термін входить послідовність регулювання транскрипції класичного прокариотичного гену, у цьому випадку вона може включати -35 бокс послідовності та/або -10 бокс послідовностей регулювання транскрипції. Термін "регуляторний елемент" також включає синтетичну гібридну молекулу або
25 похідну, яка забезпечує, активує або збільшує експресію молекули послідовності нуклеїнової кислоти у клітині, тканині або органі.

"Рослинний промотор" включає регуляторні елементи, які опосередковують експресію кодуєчої послідовності у рослинні клітини. "Рослинний промотор" бажано походить від
30 рослинної клітини, наприклад, з рослини, трансформованої послідовністю нуклеїнової кислоти, яка експресується при здійсненні способу винаходу та є описаною у даному документі. Це також стосується інших "рослинних" регуляторних сигналів, таких як "рослинні" термінатори. Промотори, які знаходяться перед послідовністю нуклеотидів, приданих для застосування у даному винаході, модифікують за допомогою одного або кількох нуклеотидних заміщень, вставок та/або делецій, без зіткнення з функціональністю та активністю, або промоторів відкритої рамки зчитування (ORF) або 3'-регуляторного регіону, таких як термінатори або інші 3'
35 регуляторні регіони, які розташовані далеко від ORF. Крім того, активність промоторів можна збільшити шляхом модифікації їх послідовності або їх повної заміни більш активними промоторами, навіть промоторами гетерологічних організмів. Для експресії у рослинах, послідовність молекули нуклеїнової кислоти повинна, як описано вище, бути операбельно зв'язаною або містити придатний промотор, який експресує ген у потрібний проміжок часу та
40 відповідно до потрібного просторового шаблону експресії.

Для ідентифікації функціонально еквівалентних промоторів, аналізують силу промотору та/або характер експресії кандидату промотору, наприклад, шляхом операбельного зв'язування промотору з репортерним геном, та визначення рівня експресії та характеру репортерного гену
45 у різних тканинах рослини. Придатні добре відомі репортерні гени включають, наприклад, бета-глюкуронідазу або бета-галактозидазу. Активність промотора вимірюють шляхом вимірювання ферментативної активності бета-глюкуронідази або бета-галактозидази. Силу промотору та/або характер експресії потім порівнюють з такими контрольними промоторами (такого як використовують у способах даного винаходу). Альтернативно, силу промотору можна визначити
50 шляхом обліку рівня мРНК або шляхом порівняння рівнів мРНК послідовності нуклеїнової кислоти, використаної у способах даного винаходу, з рівнями мРНК конститутивних генів, таких як 18S рРНК, використовуючи відомі у галузі способи, такі як нозерн-блотінг з сенситометричним аналізом авторадіограм, кількісну у реальному часі ПЛР або RT-ПЛР (Heid et al., 1996 Genome Methods 6: 986-994). Зазвичай під "слабким промотором" розуміють промотор який керує експресією кодуєчої послідовності на низькому рівні. Під "низьким рівнем" розуміють
55 на рівні приблизно 1/10,000 транскриптів до приблизно 1/100,000 транскриптів, до приблизно 1/500,000 транскриптів на клітину. Навпаки, "сильний промотор" керує експресією кодуєчої послідовності на високому рівні, або приблизно 1/10 транскриптів до приблизно 1/100 транскриптів до приблизно 1/1000 транскриптів на клітину. Загалом, під "промотором середньої сили" розуміють промотор, який керує експресією кодуєчої послідовності на рівні, який у всіх
60

випадках є меншим ніж, який отримують за допомогою контрольного 35S CaMV промотору.

Операбельно зв'язаний

Термін "операбельно зв'язаний" як використано у даному документі, стосується функціонального зв'язку між послідовністю промотору та потрібним геном, таким чином, що послідовність промотору здатна ініціювати транскрипцію потрібного гену.

Конститутивний промотор

"Конститутивний промотор" стосується промотору, який є транскрипційно активним протягом більшості, проте необов'язково всіх, фаз росту та розвитку та при більшості умов середовища, у щонайменше одній клітині, тканині або органі. Таблиця 2a нижче надає приклади конститутивних промоторів.

Таблиця 2a:

Приклади конститутивних рослинних промоторів

Джерело гену	Посилання
Актин	McElroy et al, Plant Cell, 2: 163-171, 1990
HMGB	WO 2004/070039
GOS2	de Pater et al, Plant J Nov;2(6):837-44, 1992, WO 2004/065596
Убіквітин	Christensen et al, Plant Mol. Biol. 18: 675-689, 1992
Циклофілін рису	Buchholz et al, Plant Mol Biol. 25(5): 837-43, 1994
H3 гістон кукурудзи	Lepetit et al, Mol. Gen. Genet. 231:276-285, 1992
H3 гістон люцерни	Wu et al. Plant Mol. Biol. 11:641-649, 1988
Актин 2	An et al, Plant J. 10(1); 107-121, 1996
Маленька субодиниця Rubisco	US 4,962,028
OCS	Leisner (1988) Proc Natl Acad Sci USA 85(5): 2553
SAD1	Jain et al., Crop Science, 39 (6), 1999: 1696
SAD2	Jain et al., Crop Science, 39 (6), 1999: 1696
V-АТФ-аза	WO 01/14572
G-бокс протеїни	WO 94/12015

Убіквітиновий промотор

Убіквітиновий промотор є активним практично в усіх тканинах або клітинах організму.

Промотор, що регулюється стадією розвитку

Промотор, що регулюється стадією розвитку, є активним протягом певних стадій розвитку або у частинах рослини, які розвиваються.

Індукований промотор

Індукований промотор має викликану або підвищену ініціацію транскрипції у відповідь на хімічні (дивитись Gatz 1997, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol., 48:89-108), навколишні або фізичні стимули, або може бути "стрес-викликаним", тобто, активуватись, коли рослину піддають різноманітним стресовим умовам, або "патоген-викликаним" тобто, активуватись, коли рослину піддають впливу різноманітних патогенів.

Органо-специфічний/Тканино-специфічний промотор

Органо-специфічний або тканино-специфічний промотор є промотором, здатним вибірково ініціювати транскрипцію у певних органах або тканинах, таких як листя, коріння, тканина насіння тощо. Наприклад, "коріння-специфічний промотор" є промотором який є транскрипційно активним переважно у корені рослини, головним чином за виключенням будь-яких інших частин рослини, проте з незначною експресією у цих інших частинах рослин. Промотори, які здатні ініціювати транскрипцію тільки у певних клітинах називають у даному документі "клітино-специфічними".

Приклади коріння-специфічних промоторів наведені у Таблиці 2b нижче:

Таблиця 2b:

Приклади специфічних промоторів коріння

Джерело гену	Посилання
RCc3 рису	Xu et al (1995) Plant Mol Biol 27(2): 237-48
Фосфатний транспортер PHT1 Arabidopsis	Kovama et al., 2005
Фосфатний транспортер Medicago	Xiao et al., 2006
Arabidopsis Рук10	Nitz et al. (2001) Plant Sci 161(2): 337-346
Гени кореня тютюну RB7, RD2, RD5, RH12	Conkling et al. (1990) Plant Phys 93(3): 1203-1211
Лектин коріння ячміню	Lerner & Raikhel (1989) Plant Phys 91: 124-129
Коріння-специфічний гідроксипролін-збагачений протеїн	Keller & Lamb (1989) Genes & Dev 3:1639-1646
Arabidopsis CDC27B/hobbit	Blilou et al. (2002) Genes & Dev 16:2566-2575

5 Насіння-специфічний промотор є транскрипційно активним переважно у тканині насіння, проте не обов'язково тільки у насінні (у випадку слабкої експресії). Насіння-специфічний промотор може бути активним протягом розвитку насіння та/або протягом проростання. Приклади насіння-специфічних промоторів показані у Таблиці 2с нижче. Наступні приклади насіння-специфічних промоторів наведені у Qing Qu and Takaiwa (Plant Biotechnol. J. 2, 113-125, 2004), вміст якого включено у даному документі за допомогою посилань.

10

Таблиця 2с:

Приклади промоторів насіння

Джерело гену	Посилання
Специфічні гени насіння	Simon et al., Plant Mol. Biol. 5: 191, 1985;
	Scofield et al., J. Biol. Chem. 262: 12202, 1987,;
	Baszczynski et al., Plant Mol. Biol. 14: 633, 1990,
Альбумін американського горіху	Pearson et al., Plant Mol. Biol. 18: 235-245, 1992,
Легумін	Ellis et al., Plant Mol. Biol. 10: 203-214, 1988,
Глютелін (рис)	Takaiwa et al., Mol. Gen. Genet. 208: 15-22, 1986;
	Takaiwa et al., FEBS Letts. 221: 43-47, 1987,
Зеїн	Matzke et al Plant Mol Biol, 14(3):323-32 1990
НарА	Stalberg et al, Planta 199: 515-519, 1996,
LMW та HMW глютенін-1 пшениці	Mol Gen Genet 216:81-90, 1989; NAR 17:461-2, 1989
SPA пшениці	Albani et al, Plant Cell, 9: 171-184, 1997
α , β , γ - гліадини пшениці	EMBO J. 3:1409-15, 1984
Промотор ячміню ltr1	Diaz et al. (1995) Mol Gen Genet 248(5):592-8
Ячмінь В1, С, D, хордеїн	Theor Appl Gen 98:1253-62, 1999; Plant J 4:343-55, 1993; Mol Gen Genet 250:750-60, 1996
Ячмінь DOF	Mena et al, The Plant Journal, 116(1): 53-62, 1998
blz2	EP99106056,7
Синтетичний промотор	Vicente-Carbajosa et al., Plant J. 13: 629-640, 1998,
Проламін NRP33 рису	Wu et al, Plant Cell Physiology 39(8) 885-889, 1998
α -глобулін Glb-1 рису	Wu et al, Plant Cell Physiology 39(8) 885-889, 1998
OSH1 рису	Sato et al, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 93: 8117-8122, 1996
α -глобулін REB/ONP-1 рису	Nakase et al. Plant Mol. Biol. 33: 513-522, 1997
Джерело гену	Посилання
АДФ-глюкоза пірофосфорилаза рису	Trans Res 6:157-68, 1997
ESR родина генів кукурудзи	Plant J 12:235-46, 1997
α -кафірін сорго	DeRose et al., Plant Mol. Biol 32:1029-35, 1996
KNOX	Postma-Haarsma et al, Plant Mol. Biol. 39:257-71, 1999
олеозин рису	Wu et al, J. Biochem. 123:386, 1998
олеозин соняшника	Cummins et al., Plant Mol. Biol. 19: 873-876, 1992

PRO0117, імовірний 40S рибосомальний протеїн рису	WO 2004/070039
PRO0136, аланінамінотрансфераза рису	Неопубліковано
PRO0147, інгібітор трипсину ITR1 (ячмінь)	Unpublished
PRO0151, рис WSI18	WO 2004/070039
PRO0175, рис RAB21	WO 2004/070039
PRO005	WO 2004/070039
PRO0095	WO 2004/070039
α-амілаза (Amy32b)	Lanahan et al, Plant Cell 4:203-211, 1992; Skriver et al, Proc Natl Acad Sci USA 88:7266-7270, 1991
Катепсин β-подібний ген	Cejudo et al, Plant Mol Biol 20:849-856, 1992
Ltp2 ячменю	Kalla et al., Plant J. 6:849-60, 1994
Chi26	Leah et al., Plant J. 4:579-89, 1994
B-Peru кукурудзи	Selinger et al., Genetics 149:1125-38, 1998

- Промотор специфічний у зелених тканинах як вказано у даному документі, є промотором, який є транскрипційно активним переважно у зелених тканинах, головним чином за виключенням будь-яких інших частин рослини, проте з незначною експресією у цих інших частинах рослин.

Приклади промоторів специфічних у зелених тканинах, які застосовують у способах даного винаходу, показані на Таблиці 2d нижче.

Таблиця 2d:

Приклади специфічних промоторів зелених тканин

Ген	Експресія	Посилання
Ортофосфат дикіназа кукурудзи	Листя специфічні	Fukavama et al., 2001
Фосфоенолпіруваткарбоксилаза кукурудзи	Листя специфічні	Kausch et al., 2001
Фосфоенолпіруваткарбоксилаза рису	Листя специфічні	Liu et al., 2003
Маленька субодиниця Rubisco рису	Листя специфічні	Nomura et al., 2000
рис бета-експансин EXBP9	Пагін специфічні	WO 2004/070039
Маленька субодиниця Rubisco каянуса	Листя специфічні	Panguluri et al., 2005
RBCS3A гороху	Листя специфічні	

- Іншим прикладом тканино-специфічного промотора є меристема-специфічний промотор, який є транскрипційно активним переважно у меристематичних тканинах, головним чином за виключенням будь-яких інших частин рослини, проте з незначною експресією у цих інших частинах рослин. Приклади меристемо-специфічних промоторів, які застосовують у способах даного винаходу, показані на Таблиці 2e нижче.

Таблиця 2e:

Приклади меристема специфічних промоторів

Джерело гену	Expression pattern	Посилання
рис OSH1	Апікальна меристема пагону з стадії глобулярного ембріону до стадії саджанця	Sato et al. (1996) Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 93: 8117-8122
Металотіонеїн рису	Меристема специфічна	BAD87835,1
WAK1 & WAK 2	Апікальні меристеми пагону та коріння, та у листі та чашолистиках, що ростуть	Wagner & Kohorn (2001) Plant Cell 13(2): 303-318

Термінатор

Термін "термінатор" включає контрольну послідовність, яка є послідовністю ДНК в кінці транскрипційної одиниці, яка дає сигнал 3'-процесінгу та поліаденілуванню первинного

транскрипту та термінації транскрипції. Термінатор отримують з природного гену, з різних інших генів рослини або з т-ДНК. Термінатор, що додають, може походити від, наприклад, генів нопалінсинтази або октопінсинтази, або альтернативно від іншого рослинного гену, або менш бажано від будь-якого іншого еукаріотичного гену.

5 Модуляція

Термін "модуляція" означає, по відношенню до експресії або експресії генів, процес у якому рівень експресії змінюється завдяки експресії вказаного гену у порівнянні з контрольною рослиною, бажано рівень експресії збільшується. Вихідна, не модульована експресія може бути будь-якою експресією структурної РНК (рРНК, тРНК) або мРНК з наступною трансляцією.

10 Термін "модулювання активності" означає будь-яку зміну експресії послідовностей нуклеїнових кислот винаходу або протеїнів, які ними кодуються, що приводить до збільшення врожаю та/або підвищеного росту рослин.

Збільшена експресія/надекспресія

Термін "збільшена експресія" або "надекспресія" як використано у даному документі, означає будь-яку форму експресії, яка є додатковою до природного дикого типу рівня експресії.

Способи збільшення експресії генів або генних продуктів є добре відомими у галузі та включають, наприклад, надекспресію, що керується відповідними промоторами, застосування підвищувачів транскрипції або трансляції. Ізольовані послідовності нуклеїнових кислот, які слугують як промоторні або збільшувальні елементи, можна вставляти у відповідні положення (зазвичай вище) негетерологічної форми полінуклеотиду, таким чином апругелюючи експресію послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує бажаний поліпептид. Наприклад, ендегенні промотори можуть бути зміненими *in vivo* за допомогою мутації, делеції та/або заміщення (дивитись, Kmiec, US 5,565,350; Zarling et al., WO9322443), або ізольовані промотори можна вводити у рослинну клітину у певне положення та на певній відстані від гену даного винаходу, щоб контролювати експресію гену.

Якщо потрібно експресувати поліпептид, загалом бажано включити ділянку поліаденілування у 3'-кінець кодуючої ділянки полінуклеотиду. Ділянка поліаденілування може походити від природного гену, від різноманіття інших рослинних генів або від т-ДНК. При додаванні 3'-кінцевої послідовності вона може походити від, наприклад, нопалінсинтази або октопінсинтази, або альтернативно від іншого рослинного гена, або менш бажано від будь-якого іншого еукаріотичного гена.

Також можна додавати послідовність інтрону до 5' не трансльованого регіону (UTR) або кодуючої послідовності частково кодуючої послідовності для збільшення кількості непроцесованої мРНК, яка накопичується у цитозолі. Включення інтрону для сплайсингу у транскрипційну одиницю, як рослинних, так і тваринних експресійних конструктів збільшило експресію генів як на рівні мРНК так і протеїну у 1000-разів (Buchman and Berg (1988) Mol. Cell biol. 8: 4395-4405; Callis et al. (1987) Genes Dev 1:1183-1200). Таке збільшення інтронів експресії генів зазвичай є більшим, коли інтрони включають у 5' кінець транскрипційної одиниці. Застосування інтронів кукурудзи Adh1-S інтрон 1, 2 та 6, Bronze-1 інтрон є відомим у галузі. Для загальної інформації дивитись The Maize Handbook, Chapter 116, Freeling and Walbot, Eds., Springer, N.Y. (1994).

Ендегенний ген

Посилання у даному документі на "ендегенний" ген стосується не тільки рослинного гену у його природній формі (тобто, без втручання людини), а й стосується такого ж гену (або гомологічної нуклеїнової кислоти/гену) у ізольованій формі, який потім вводили у рослину (трансген). Наприклад, трансгенна рослина містить такий трансген показує значне зниження експресії трансгену та/або значне зниження експресії ендегенного гену.

Знижена експресія

Посилання у даному документі на "зниження експресії" або "зменшення або припинення" експресії означає зниження рівнів експресії ендегенного гену та/або поліпептиду та/або активності поліпептиду у порівнянні з контрольними рослинами. Зменшення або припинення збільшується у порядку переважності на щонайменше 10 %, 20 %, 30 %, 40 % або 50 %, 60 %, 70 %, 80 %, 85 %, 90 %, або 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % або більше у порівнянні з контрольними рослинами.

Для зменшення або припинення експресії ендегенного гену у рослині потрібно достатня довжина суміжних нуклеотидів послідовності нуклеїнової кислоти. Для пригнічення транскрипції гену, довжина може складати 20, 19, 18, 17, 16, 15, 14, 13, 12, 11, 10 або менше нуклеотидів, альтернативно це може бути весь ген (включаючи 5' та/або 3' UTR, або частину або весь). Фрагмент секвенування суміжних нуклеотидів може походити від послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує бажаний протеїн (ген мішень), або від будь-якої послідовності нуклеїнової

кислоти, яка кодує ортолог, паролог або гомолог бажаного протеїну. Бажано, фрагмент секвенування суміжних нуклеотидів утворює водневі зв'язки з геном мішенню (смисловий або антисмисловий ланцюг), більш бажано, послідовність фрагменту секвенування суміжних нуклеотидів є, у порядку переваги на 50 %, 60 %, 70 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 %, 100 % ідентичною гену мішені (смисловий або анти смисловий ланцюг). Послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує (функціональний) поліпептид, не є вимогою для різноманітних способів, описаних у даному документі, для зменшення або по суті припинення експресії ендегенного гену.

Таке зменшення або по суті припинення експресії отримують, використовуючи звичайні пристрої та технології. Спосіб зменшення або по суті припинення експресії ендегенного гену використовує РНК-опосередкований сайленсинг, використовуючи інвертні повтори послідовності нуклеїнової кислоти або її частини (у цьому випадку фрагмент секвенування суміжних нуклеотидів походить від бажаного гену, або від будь-якої послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує ортолог, паролог або гомолог бажаного протеїну), бажано здатного утворювати шпильку. Іншим прикладом сайленсингу РНК є введення послідовності нуклеїнової кислоти або її частин (у цьому випадку фрагмент секвенування суміжних нуклеотидів походить від бажаного гену, або від будь-якої послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує ортолог, паролог або гомолог бажаного протеїну) смислової частини у рослині. Іншим прикладом способу сайленсингу РНК є застосування антисмислової послідовності нуклеїнової кислоти. Сайленсинг гену також отримують шляхом мутагенезу (наприклад, введення Т-ДНК або транспозону) або за допомогою стратегій, описаних Angell and Baulcombe ((1999) *Plant J* 20(3): 357-62), (Amplicon VIGS WO 98/36083), або Baulcombe (WO 99/15682). Інші способи, такі як антитіла спрямовані на ендегенний поліпептид для пригнічення його функції у рослині, або інтерференція у сигнальний шлях, частиною якого є поліпептид, є добре відомими фахівцям у галузі. Штучні та/або природні мікроРНК (міРНК) використовують для виключення експресії гену та/або трансляції мРНК. Ендегенними міРНК є одно ланцюгові маленькі РНК довжиною зазвичай 19-24 нуклеотидів. Штучні міРНК (шміРНК), довжиною зазвичай 21 нуклеотидів, можна отримати за допомогою генної інженерії специфічно до негативно регульованої генної експресії бажаних простих або складних генів. Детермінанти відбору мікроРНК рослин є добре відомим у галузі. Емпіричні параметри для розпізнавання цілі є визначеними та використовують як засоби конструювання специфічних шміРНК (Schwab et al., (2005) *Dev Cell* 8(4):517-27). Придатні засоби для конструювання та розмноження шміРНК та їх попередників також є доступними для фахівців (Schwab et al., (2006) *Plant Cell* 18(5):1121-33).

Для оптимального результату, технології генного сайленсингу, використані для зменшення експресії ендегенного гену у рослині, потребують застосування послідовності нуклеїнових кислот однодольних рослин для трансформації однодольних рослин, та дводольних рослин для трансформації дводольних рослин. Бажано, послідовність нуклеїнової кислоти певного виду рослин вводять у такий самий вид. Наприклад, послідовність нуклеїнової кислоти рису вводять рослині рису. Однак те, що послідовність нуклеїнової кислоти, яку вводять у рослину, повинна походити від однакового виду рослин, не є обов'язковою умовою. Достатньо наявності значної гомології між ендегенним геном мішенню та послідовністю нуклеїнової кислоти, яку вводять.

Вище описані приклади різноманітних способів зменшення або по суті припинення експресії ендегенного гену у рослині. Фахівець у галузі легко може адаптувати вищенаведені способи для сайлесингу для зменшення експресії ендегенного гену у цілій рослині або у її частинах шляхом застосування, наприклад, відповідного промотеру.

Селективний маркер (ген)/Репортерний ген

"Селективний маркер", "Селективний маркерний ген" або "репортерний ген" включають будь-який ген, який надає певний фенотип клітині, яка його експресує, для ідентифікації та/або відбору клітин, які трансфеговані або трансформовані конструктором послідовності нуклеїнової кислоти винаходу. Завдяки маркерним генам можливо ідентифікувати вдалий трансфер молекул послідовності нуклеїнової кислоти за допомогою серій різноманітних дій. Придатні маркери вибирають з маркерів, резистентних до антибіотиків та гербіцидів, які привносять нову метаболічну властивість або які роблять можливим візуальний відбір. Приклади селективних маркерних генів включають гени, резистентні до антибіотиків та гербіцидів (таких як *nptII*, який фосфорилує неоміцин та канаміцин, або *hpt*, який фосфорилує гіроміцин, або гени, резистентні до, наприклад, блеоміцину, стрептоміцину, тетрацикліну, хлорамфеніколу, ампіциліну, гентаміцину, генетицину (G418), спектіноміцину або бластицидину), гербіцидів (наприклад, *bar*, який забезпечує резистентність до Basta[®], *aroA* або *gox*, який забезпечує резистентність до гліфосату, або гени, резистентні до, наприклад, імідазолінону,

фосфінотрицину або сульфонілсечовини), або генів, які забезпечують метаболічну властивість (таку як, *manA* який дозволяє рослинам використовувати манозу як джерело єдина вуглецю або ксиліозу ізомеразу для утилізації ксиліози, або протихарчові маркери, такі як резистентність до 2-дезоксиглюкози). Експресія візуальних маркерних генів приводить до утворення кольору (наприклад, β -глюкуронідаза, GUS або β -галактозидаза з їх кольоровими субстратами, наприклад, X-Gal), люмінесценції (такі як система люциферин/люцифераза) або флуоресценції (Green Fluorescent Protein, GFP та їх похідні). Цей перелік представляє тільки невелику кількість можливих маркерів. Фахівці у галузі є добре обізнаними з такими маркерами. В залежності від організму та способу відбору надають перевагу певним маркерам.

Відомо, що при стабільному або коротко часовому введенні послідовностей нуклеїнових кислот у рослинні клітини, тільки моніторинг клітин дозволяє виявити чужорідну ДНК та, у разі потреби, інтегрувати її у геном, в залежності від використаного вектору експресії та використаної технології трансфекції. Для ідентифікації та відбору таких інтегрантів, зазвичай вводять ген, який кодує селективний маркер (наприклад, один з вищеописаних) у клітини хазяїна разом з бажаним геном. Такі маркери можна використовувати, наприклад, у мутантах, у яких дані гени не є функціональними, наприклад, внаслідок делецій, здійснених за звичайними способами. Більш того, молекули послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує селективний маркер, вводять у клітини хазяїна за допомогою того ж вектору, який містить послідовність, яка кодує поліпептиди винаходу, або використану у способах винаходу, або також за допомогою окремого вектору. Клітини, стабільно трансфеговані введеною послідовністю нуклеїнової кислоти, ідентифікують, наприклад, шляхом відбору (наприклад, клітини інтегровані селективним маркером вижили, у той час як інші клітини померли).

З огляду на те, що маркерні гени, особливо гени резистентності до антибіотиків та гербіцидів, є непотрібними або небажаними у транс генних клітинах, після того як було вдало введено послідовність нуклеїнових кислот, у способі винаходу для введення послідовностей нуклеїнових кислот переважно використовують технології, які дозволяють видалення або вирізання цих маркерних генів. Один з таких способів називають ко-трансформацією. У способі ко-трансформації для трансформації використовують одночасно два вектори, один з яких є послідовністю нуклеїнової кислоти винаходу та другий є маркерним геном(и). Більша частина трансформантів отримує або, у випадку рослин, містить (до 40 % або більше трансформантів) обидва вектори. У випадку трансформації з *Agrobacteria*, трансформанти зазвичай отримують тільки частину вектора, тобто, фланковану послідовність т-ДНК, яка зазвичай є експресійною касетою. Окрім цього маркерні гени можна видалити з трансформованої рослини шляхом схрещування. У іншому способі, маркерні гени, інтегровані у транспозон, використовують для трансформації разом з бажаною послідовністю нуклеїнової кислоти (відомий як Ac/Ds технологія). Трансформанти можна схрещувати з джерелом транспозону або трансформанти трансформують конструктор послідовності нуклеїнової кислоти, яка дозволяє експресувати транспозазу, короткочасно або стабільно. У деяких випадках (приблизно 10 %), транспозон випадає з геному клітини хазяїна, коли трансформація завершилась вдало та губиться. У наступних випадках, транспозон випадає у різних напрямках. У цих випадках маркерний ген потрібно видалити шляхом схрещування. У мікробіології, розробили технології, які дозволяють або полегшують виявлення таких випадків. Наступний переважний метод оснований на рекомбінантних системах; чією перевагою є те, що можна обійтись без видалення шляхом схрещування. Найкращою відомою системою такого типу є система Cre/lox. Cre1 є рекомбіназою яка переміщує послідовності, розташовані між loxP послідовностями. Якщо маркерний ген розташований між loxP послідовностями, то він видалється при здійсненні вдалої трансформації шляхом експресії рекомбінази. Наступними рекомбінантними системами є HIN/HIX, FLP/FRT та REP/STB системи (Tribble et al., J. Biol. Chem., 275, 2000: 22255-22267; Velmurugan et al., J. Cell Biol., 149, 2000: 553-566). Можливо сайт-специфічне включення у геном рослини послідовності нуклеїнової кислот винаходу. Зазвичай ці способи також застосовують до мікроорганізмів, таких як дріжджі, гриби або бактерії.

Трансгенні/Трансген/Рекомбінант

Для цілей винаходу "трансгенний", "трансген" або "рекомбінант" означають по відношенню до, наприклад, послідовності нуклеїнової кислоти, експресійну касету, генний конструкт або вектор, який містить послідовність нуклеїнової кислоти, або організм, трансформований послідовностями нуклеїнових кислот, експресійними касетами або векторами винаходу, всі ці конструкції реалізуються за допомогою способів рекомбінації, у яких або

(а) послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує протеїни придатні у способах винаходу, або

(b) генетична контрольна послідовність(i), яка є операбельно зв'язаною з послідовністю нуклеїнової кислоти винаходу, наприклад промотор, або

(с) а) та б)

не знаходяться у їх природному генетичному середовищі або є модифікованими за допомогою рекомбінації, модифікація може бути у формі, наприклад, заміщення, додавання, делеції, інверсії або вставки одного або кількох нуклеотидних залишків. Під природним генетичним середовищем мають на увазі природний генетичний або хромосомний локус рослини або наявність у геномній бібліотеці. У випадку геномної бібліотеки, природне генетичне середовище послідовності нуклеїнової кислоти бажано є збереженим, щонайменше частково. Середовище захищає послідовність нуклеїнової кислоти щонайменше з однієї сторони та має довжину послідовності щонайменше 50 bp, бажано щонайменше 500 bp, особливо бажано щонайменше 1000 bp, найбільш бажано щонайменше 5000 bp. Природно наявна експресійна касета – наприклад, природна наявна комбінація природного промотеру послідовності нуклеїнової кислоти з відповідною послідовністю нуклеїнової кислоти, яка кодує поліпептид, придатний у способах даного винаходу, як зазначено вище – стає трансгенною експресійною касетою, коли цю експресійну касету модифікують не природними, синтетичними ("штучними") способами, такими як, наприклад, мутагенна обробка. Придатні способи описані у, наприклад, US 5,565,350 або WO 00/15815.

Трансгенна рослина для цілей винаходу, що послідовності нуклеїнових кислот використані у способі даного винаходу, знаходяться не в своїх природних локусах у геномі рослини, можливо що послідовності нуклеїнових кислот експресуються гомогенно або гетерогенно. Однак, як вже зазначалось, доки послідовність нуклеїнової кислоти винаходу або послідовності, використані у способі винаходу, знаходяться у своїй природних положеннях у геномі рослини, послідовність модифікується відповідно до природної послідовності, та/або модифікуються регуляторні послідовності природних послідовностей. Під трансгенними бажано розуміють з експресією послідовності нуклеїнових кислот винаходу у неприродних локусах у геномі, тобто, має місце або гомологічна, або бажано гетерологічна експресія послідовності нуклеїнових кислот. Бажані трансгени вказані у даному документі.

Трансформація

Термін "введення" або "трансформація", як вказано у даному документі, означає трансфер екзогенного полінуклеотиду у клітину хазяїна, незалежно від способу, використаного для трансферу. Рослинна тканина, здатна до наступного клонального розмноження, або шляхом органогенезу або ембріогенезу, може бути трансформована генетичним конструктором даного винаходу та ціла рослина, отримана з цієї тканини. Вибір певної тканини сильно залежить від доступних систем клонального розмноження та найбільш придатних до трансформації певного виду. Тканини мішені включають листову пластину, пилкок, ембріон, сім'ядолі, гіпокотиль, мегагаметофіти, калус, наявну меристему (наприклад, апікальну меристему, пазушні бруньки та меристеми коріння), та індуквану меристемну тканину (наприклад, меристему сім'ядолі та гіпокотилу). Полінуклеотид може бути короткотривало або стабільно введеним у клітину хазяїна та може підтримуватись не інтегрованим, наприклад, як плазмід. Альтернативно, його можна ввести у геном хазяїна. Отриману трансформовану рослинну клітину після цього можна використовувати для отримання трансформованої рослини відомими фахівцям у галузі шляхами.

Трансфер чужорідних генів у геном рослини називають трансформацією. Трансформація рослинних видів на даний час є звичайною практикою. Переважно, використовують будь-який з декількох способів трансформації для введення бажаного гену у придатну батьківську клітину. Способи, описані для трансформації та регенерації рослин з рослинних тканин або рослинних клітин, можна застосовувати для короткотривалої або стабільної трансформації. Способи трансформації включають застосування ліпосом, електропорацію, хімічні речовини, що підвищують захват вільної ДНК, введення ДНК безпосередньо у рослину, бомбардування генною гарматою, трансформація з використанням вірусів або пилку та мікропроекції. Способи вибирають з кальцій/поліетиленгліколевого способу для протопластів (Krens, F.A. et al., (1982) Nature 296, 72-74; Negrutiu I et al. (1987) Plant Mol Biol 8: 363-373); електропорації протопластів (Shillito R.D. et al. (1985) Bio/Technol 3, 1099-1102); мікроінекції у рослинний матеріал (Crossway A et al., (1986) Mol. Gen Genet 202: 179-185); бомбардування ДНК або РНК-покритими частинками (Klein TM et al., (1987) Nature 327: 70), інфікування (неінтегративними) вірусами тощо. Трансгенні рослини, включаючи трансгенні зернові, бажано отримують шляхом *Agrobacterium*-опосередкованої трансформації. Переважним способом трансформації є спосіб трансформації *in planta*. З цією метою, можливо, наприклад, дозволити вплив агробактерій на насіння або інокулювати рослинну меристему агробактеріями. Довели, що особливо зручно для цілей винаходу дозволити вплив суспензії трансформованих на непошкоджену рослину або щонайменше на примордій. Рослини вирощують, доки не отримують насіння обробленої

рослини (Clough and Bent, Plant J. (1998) 16, 735-743). Способи *Agrobacterium*-опосередкованої трансформації рису включають добре відомі способи трансформації рису, такі як описані у наступних прикладах: Європейська патентна заявка EP 1198985 A1, Aldemita and Hodges (Plant 199: 612-617, 1996); Chan et al. (Plant Mol Biol 22 (3): 491-506, 1993), Hiei et al. (Plant J 6 (2): 271-282, 1994), включена у даному документі як посилання. У випадку трансформації зерна, бажаним способом є або описаний Ishida et al. (Nat. Biotechnol 14(6): 745-50, 1996) або Frame et al. (Plant Physiol 129(1): 13-22, 2002), вміст яких включено у даному документі як посилання. Вказані способи також описані як приклади у B. Jenes et al., Techniques for Gene Transfer, in: Transgene Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, eds. S.D. Kung and R. Wu, Academic Press (1993) 128-143 and in Potrykus Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991) 205-225). Послідовності нуклеїнових кислот або конструкт, які потрібно експресувати, бажано клонують у вектор, придатний для трансформації *Agrobacterium tumefaciens*, наприклад pBin19 (Bevan et al., Nucl. Acids Res. 12 (1984) 8711). *Agrobacteria*, трансформовані таким вектором, потім можна використовувати відомим способом для трансформації рослин, використаних як модель, як *Arabidopsis* (*Arabidopsis thaliana* в рамках даного опису не розглядається як зернова рослина), або зернових таких як, наприклад, тютюн, наприклад, шляхом занурення пом'ятого листа або порубленого листа у розчин з агробактеріями та їх культивуванням у придатному середовищі. Трансформація рослин за допомогою *Agrobacterium tumefaciens* описана, наприклад, Höfgen and Willmitzer in Nucl. Acid Res. (1988) 16, 9877 або відома між іншим з F.F. White, Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; in Transgenic Plants, Vol. 1, Engineering and Utilization, eds. S.D. Kung and R. Wu, Academic Press, 1993, pp. 15-38.

Окрім трансформації соматичних клітин, які потім регенерують у інтактну рослину, також можливо трансформувати клітини рослинних меристем, та зокрема, тих клітин, які розвиваються у гамети. У цьому випадку, трансформовані гамети слідує за природним розвитком рослини, даючи початок трансгенним рослинами. Таким чином, наприклад, насіння *Arabidopsis* обробляють агробактеріями та отримують насіння з рослин що розвиваються, у яких певна частина є трансформованою та тому трансгенною [Feldman, KA and Marks MD (1987). Mol Gen Genet 208:274-289; Feldmann K (1992). In: C Koncz, N-H Chua and J Shell, eds, Methods in *Arabidopsis* Research. Word Scientific, Singapore, pp. 274-289]. Альтернативні способи основані на повторних видаленнях суцвіть та інкубуванні відрізаної ділянки у центрі розетки з трансформованими агробактеріями, відповідно до чого таким же чином можна одержати трансформоване насіння на пізнішій стадії (Chang (1994). Plant J. 5: 551-558; Katavic (1994). Mol Gen Genet, 245: 363-370). Однак, особливо ефективним способом є спосіб вакуумної інфільтрації, та його модифікації, такі як спосіб "floral dip". У випадку вакуумної інфільтрації *Arabidopsis*, інтактні рослини при пониженому тиску обробляють суспензією агробактерій [Bechthold, N (1993). C R Acad Sci Paris Life Sci, 316: 1194-1199], у той час як у випадку способу "floral dip" тканину квітки, що розвивається, швидко інкубують з суспензією агробактерій, оброблених поверхнево активною речовиною [Clough, SJ and Bent AF (1998) The Plant J. 16, 735-743]. Певну пропорцію трансгенного насіння отримують в обох випадках, та це насіння можна відрізнити від нетрансгенного насіння вирощуванням у вищеописаних селективних умовах. Окрім цього стабільна трансформація пластид є бажаною, оскільки пластиди наслідуються по материнській лінії, що у більшості зернових зменшує або виключає ризик попадання трансгену у пилок. Трансформацію геному хлоропласту отримують за способом, схематично описаним у Klaus et al., 2004 [Nature Biotechnology 22 (2), 225-229]. Трансформовані послідовності клонують разом з селективним маркерним геном між фланкуючими послідовностями гомологічними геному хлоропласту. Ці гомологічні фланкуючі послідовності спрямовують сайт специфічну інтеграцію у пластому. Трансформацію пластид описано для багатьох видів рослин, та їх огляд наведено у Bock (2001) Transgenic plastids in basic research and plant biotechnology. J Mol Biol. 2001 Sep 21; 312 (3):425-38 або Maliga, P (2003) Progress towards commercialization of plastid transformation technology. Trends Biotechnol. 21, 20-28, Нещодавно опублікували новітні біотехнологічні досягнення у формі пластидних трансформантів, вільних від маркерів, які отримують за допомогою тимчасового ко-інтегрованого маркерного гену (Klaus et al., 2004, Nature Biotechnology 22(2), 225-229).

Маркування активації тДНК

Маркування активації т-ДНК (Hayashi et al. Science (1992) 1350-1353), включає введення т-ДНК, яка зазвичай містить промотор (також може бути підвищувач трансляції або інтрон), у геномну ділянку бажаного гену або 10 kb вище або нижче кодуєчого регіону гену у такій конфігурації, що промотор спрямовує експресію гену-мішені. Зазвичай, регулювання експресії гену мішені його природним промотором руйнується та ген потрапляє під контроль нововведеного промотору. Промотор зазвичай вставляють у т-ДНК. Цю т-ДНК навантаження

вставляють у рослинний геном, наприклад, шляхом інфекції *Agrobacterium*, що приводить до модифікованої експресії генів біля вставленої т-ДНК. Отримані трансгенні рослини проявляють домінуючі фенотипи завдяки модифікованій надекспресії генів, розташованих біля промотеру.

TILLING

Термін "TILLING" є аббревіатурою "Спрямовані Локальні Ураження Геному" та стосується технології мутагенезу, придатної для утворення та/або ідентифікації послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує протеїни з модифікованою експресією та/або активністю. За допомогою TILLING також можливо здійснювати відбір рослин з такими мутантними варіантами. Ці мутантні варіанти можуть проявляти модифіковану експресію, або у силі, або у розташуванні, або у часі (наприклад, якщо мутації вплинули на промотер). Ці мутантні варіанти можуть проявляти вищу активність у порівнянні з природною активністю гена. TILLING об'єднує в собі високу щільність мутагенезу з способами скринінгу високої пропускну здатності. TILLING зазвичай включає наступні стадії: (a) EMS мутагенез (Redei GP and Koncz C (1992) In *Methods in Arabidopsis Research*, Koncz C, Chua NH, Schell J, eds. Singapore, World Scientific Publishing Co, pp. 16-82; Feldmann et al., (1994) In Meyerowitz EM, Somerville CR, eds, *Arabidopsis*. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, pp 137-172; Lightner J and Caspar T (1998) In J Martinez-Zapater, J Salinas, eds, *Methods on Molecular Biology*, Vol. 82, Humana Press, Totowa, NJ, pp 91-104); (b) підготовку ДНК та об'єднання індивідуальних проб; (c) ПЛР ампліфікацію бажаної ділянки; (d) денатурацію та гібридизацію з метою утворення гетеродуплексів; (e) DHPLC, де наявність гетеродуплексів у пулі виявляють на хроматограмі як екстрапік; (f) ідентифікацію мутантного індивідууму; та (g) задавання послідовності мутантного ПЛР продукту. Способи для здійснення TILLING є добре відомими у галузі (McCallum et al., (2000) *Nat Biotechnol* 18: 455-457; reviewed by Stemple (2004) *Nat Rev Genet* 5(2): 145-50).

Гомологічна рекомбінація

Гомологічна рекомбінація дозволяє введення у геном вибраної послідовності нуклеїнової кислоти у визначеному положенні. Гомологічна рекомбінація є стандартною технологією, яку використовують у біологічній науці до нижчих організмів, таких як дріжджі або мох *Physcomitrella*. Способи здійснення гомологічної рекомбінації у рослин були описані не тільки для зразкових рослин (*Offringa et al. (1990) EMBO J* 9(10): 3077-84), а й для зернових, наприклад, рису (*Terada et al. (2002) Nat Biotech* 20(10): 1030-4; Iida and Terada (2004) *Curr Opin Biotech* 15(2): 132-8).

Врожайність

Термін "врожайність" взагалі означає вимірний вихід економічної цінності, зазвичай по відношенню до конкретної культури, площі та часу. Певні частини рослин вносять внесок у врожайність в залежності від їх кількості, розміру та/або ваги, або фактична врожайність є врожайністю на акр культурних рослин на рік, яку визначають шляхом розділення загальної продуктивності (включає як зібрану так і оцінену продуктивність) на посаджені акри. Термін "врожайність" рослини стосується рослинної біомаси, репродуктивних органів та/або репродуктивних частин (таких як насіння) вказаної рослини.

Рання сила

"Рання сила" стосується активного здорового добре-збалансованого росту, особливо протягом ранніх стадій розвитку рослини, та може бути результатом підвищеної придатності рослин, наприклад, рослин краще адаптованих до їх середовища (тобто, оптимальне споживання енергетичних джерел та розподілення між стеблом та коренем). Рослини з ранньою силою також показують підвищений рівень виживання саджанців та краще укорінення зернових, що приводить до високо однорідних полів (з зерновими що ростуть однорідно, тобто, з більшою кількістю рослин, що досягають певної стадії розвитку одночасно), та зазвичай кращого та вищого врожаю. Таким чином, ранню силу визначають шляхом вимірювання різноманітних факторів, таких як маса тисячі зерен, процент проростання, процент сходження, ріст саджанців, висота саджанців, довжина коріння, біомаса коріння та стебла тощо.

Збільшення/Покращення

Терміни "збільшення" або "покращення" є взаємозамінними та у заявці означають щонайменше на 5 %, 6 %, 7 %, 8 %, 9 % або 10 %, бажано щонайменше на 15 % або 20 %, більш бажано на 25 %, 30 %, 35 % або 40 % більшу врожайність та/або ріст, у порівнянні з контрольними рослинами як вказано у даному документі.

Вихід насіння

Підвищений вихід насіння розглядають як один або кілька з наступних: а) підвищення біомаси насіння (загальна маса насіння), розраховане щодо окремого насіння та/або на рослину та/або на гектар або акр; b) підвищена кількість квітів на волоть та/або на рослину; c) підвищена кількість (наповненого) насіння; d) підвищений показник наповнення насіння (який виражають у

співвідношенні кількості наповненого насіння поділеного на загальну кількість насіння); е) підвищений індекс врожайності, який виражають у співвідношенні виходу зібраних частин, таких як насіння, поділеного на загальну біомасу; f) підвищена кількість первинної волоті; (g) підвищена маса тисячі зерен (TKW), екстрапольована з кількості підрахованих наповнених зерен та їх загальної маси. Підвищена TKW може бути результатом підвищеного розміру насіння та/або маси насіння, та також результатом збільшення ембріону та/або розміру ендосперму.

Підвищення виходу насіння можна також розглядати як підвищення розміру насіння та/або об'єму насіння. Окрім цього, збільшення врожайності також означає збільшення об'єму насіння та/або довжини насіння та/або ширини насіння та/або окружності насіння. Збільшення врожайності насіння також може приводити до модифікації структури або бути результатом модифікованої структури.

Індекс зеленості

"Індекс зеленості" як вказано у даному документі, розраховують з цифрового зображення рослини. Для кожного пікселю, який стосується рослини на зображенні розраховують співвідношення зеленого до червоного (у RGB моделі кодування кольорів). Індекс зеленості виражають у процентах пікселів щодо яких співвідношення зелений-до-червоного перевищує межу. При нормальних умовах росту, при умовах з підвищеним сольовим вмістом, при умовах росту, що характеризуються пониженою доступністю споживних речовин, індекс зеленості рослин вимірюють з останнього зображення перед цвітінням. Навпаки, в умовах засухи індекс зеленості рослин вимірюють з першого зображення після засухи.

Рослина

Термін "рослина" як використано у даному документі, включає всі рослини, батьківські форми та потомство рослин та частини рослин, включаючи насіння, пагін, стебло, листя, коріння (включаючи бульби), квіти, та тканини та органи, де кожен з наведених містить бажаний ген/послідовність нуклеїнової кислоти. Термін "рослина" також включає рослинні клітини, культуральну суспензію, тканину калусу, ембріон, меристемні ділянки, гаметофіти, спорофіти, пилок та мікроспори, де кожен з наведених містить бажаний ген/послідовність нуклеїнової кислоти.

Рослини, особливо придатні для застосування у способах даного винаходу, включають всі рослини, які належать до над родини Viridiplantae, зокрема, однодольні та дводольні рослини, включаючи кормові або фуражні бобові, декоративні рослини, харчові культури, дерева або кущі, вибрані з наступного переліку: *Acer* spp., *Actinidia* spp., *Abelmoschus* spp., *Agave sisalana*, *Agropyron* spp., *Agrostis stolonifera*, *Allium* spp., *Amaranthus* spp., *Ammophila arenaria*, *Ananas comosus*, *Annona* spp., *Apium graveolens*, *Arachis* spp., *Artocarpus* spp., *Asparagus officinalis*, *Avena* spp. (наприклад, *Avena sativa*, *Avena fatua*, *Avena byzantina*, *Avena fatua* var. *sativa*, *Avena hybrida*), *Averrhoa carambola*, *Bambusa* sp., *Benincasa hispida*, *Bertholletia excelsa*, *Beta vulgaris*, *Brassica* spp. (наприклад, *Brassica napus*, *Brassica rapa* spp. [канола, лентосферія олійних культур, *pina*]), *Cadaba farinosa*, *Camellia sinensis*, *Canna indica*, *Cannabis sativa*, *Capsicum* spp., *Carex elata*, *Carica papaya*, *Carissa macrocarpa*, *Carya* spp., *Carthamus tinctorius*, *Castanea* spp., *Ceiba pentandra*, *Cichorium endivia*, *Cinnamomum* spp., *Citrullus lanatus*, *Citrus* spp., *Cocos* spp., *Coffea* spp., *Colocasia esculenta*, *Cola* spp., *Corchorus* sp., *Coriandrum sativum*, *Corylus* spp., *Crataegus* spp., *Crocus sativus*, *Cucurbita* spp., *Cucumis* spp., *Cynara* spp., *Daucus carota*, *Desmodium* spp., *Dimocarpus longan*, *Dioscorea* spp., *Diospyros* spp., *Echinochloa* spp., *Elaeis* (наприклад, *Elaeis guineensis*, *Elaeis oleifera*), *Eleusine coracana*, *Erianthus* sp., *Eriobotrya japonica*, *Eucalyptus* sp., *Eugenia uniflora*, *Fagopyrum* spp., *Fagus* spp., *Festuca arundinacea*, *Ficus carica*, *Fortunella* spp., *Fragaria* spp., *Ginkgo biloba*, *Glycine* spp. (наприклад, *Glycine max*, *Soja hispida* або *Soja max*), *Gossypium hirsutum*, *Helianthus* spp. (наприклад, *Helianthus annuus*), *Hemerocallis fulva*, *Hibiscus* spp., *Hordeum* spp. (наприклад, *Hordeum vulgare*), *Ipomoea batatas*, *Juglans* spp., *Lactuca sativa*, *Lathyrus* spp., *Lens culinaris*, *Linum usitatissimum*, *Litchi chinensis*, *Lotus* spp., *Luffa acutangula*, *Lupinus* spp., *Luzula sylvatica*, *Lycopersicon* spp. (наприклад, *Lycopersicon esculentum*, *Lycopersicon lycopersicum*, *Lycopersicon pyriforme*), *Macrotyloma* spp., *Malus* spp., *Malpighia emarginata*, *Mammea americana*, *Mangifera indica*, *Manihot* spp., *Manilkara zapota*, *Medicago sativa*, *Melilotus* spp., *Mentha* spp., *Miscanthus sinensis*, *Momordica* spp., *Morus nigra*, *Musa* spp., *Nicotiana* spp., *Olea* spp., *Opuntia* spp., *Ornithopus* spp., *Oryza* spp. (наприклад, *Oryza sativa*, *Oryza latifolia*), *Panicum miliaceum*, *Panicum virgatum*, *Passiflora edulis*, *Pastinaca sativa*, *Pennisetum* sp., *Persea* spp., *Petroselinum crispum*, *Phalaris arundinacea*, *Phaseolus* spp., *Phleum pratense*, *Phoenix* spp., *Phragmites australis*, *Physalis* spp., *Pinus* spp., *Pistacia vera*, *Pisum* spp., *Poa* spp., *Populus* spp., *Prosopis* spp., *Prunus* spp., *Psidium* spp., *Punica granatum*, *Pyrus communis*, *Quercus* spp., *Raphanus sativus*, *Rheum rhabarbarum*, *Ribes* spp., *Ricinus communis*,

Rubus spp., Saccharum spp., Salix sp., Sambucus spp., Secale cereale, Sesamum spp., Sinapis sp., Solanum spp. (наприклад, Solanum tuberosum, Solanum integrifolium або Solanum lycopersicum), Sorghum bicolor, Spinacia spp., Syzygium spp., Tagetes spp., Tamarindus indica, Theobroma cacao, Trifolium spp., Triticale sp., Triticosecale rimpai, Triticum spp. (наприклад, Triticum aestivum, Triticum durum, Triticum turgidum, Triticum hybernum, Triticum macha, Triticum sativum або Triticum vulgare), Tropaeolum minus, Tropaeolum majus, Vaccinium spp., Vicia spp., Vigna spp., Viola odorata, Vitis spp., Zea mays, Zizania palustris, Ziziphus spp., тощо.

Детальний опис винаходу

Нещодавно з'ясували, що збільшення експресії у рослині послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид, надає рослині підвищені показники врожайності у порівнянні з контрольними рослинами. Згідно з першим варіантом здійснення, даний винахід стосується способу підвищення показників врожайності рослин у порівнянні з контрольними рослинами, з підвищеною експресією у рослині послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид.

Нещодавно з'ясували, що збільшення експресії у рослині: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує поліпептид Фактору Регулювання Росту (GRF); та (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує поліпептид транслокації синовіальної саркоми (SYT), надає рослині підвищені показники врожайності у порівнянні з рослиною з підвищеною експресією однієї з: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид; або (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид. Згідно з першим варіантом здійснення, винахід стосується способу збільшення різноманітних показників врожайності рослини, шляхом підвищення експресії у рослині: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує поліпептид Фактору Регулювання Росту (GRF); та (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує поліпептид транслокації синовіальної саркоми (SYT), де вказані показники врожайності є підвищеними у порівнянні з рослиною з підвищеною експресією однієї з: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид, або (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид. Підвищені показники врожайності включають одну або кілька з наступних: підвищена рання сила, підвищена біомаса надземної частини рослини, підвищений загальний вихід насіння на рослину, підвищений показник наповнення насіння, підвищена кількість (наповненого) насіння, підвищений індекс врожайності або підвищена маса тисячі зерен (TKW).

Детальний опис поліпептиду Фактору Регулювання Росту (GRF)

Бажаним способом підвищення експресії послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид, є введення та експресування у рослині послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид.

Будь-які посилання у даному документі на "GRF протеїн, придатний для застосування у способах винаходу" означають GRF поліпептид як вказано у даному документі. Будь-які посилання у даному документі на "GRF протеїн, придатний для застосування у способах винаходу" означають послідовність нуклеїнової кислоти, здатну кодувати такий GRF поліпептид. Послідовністю нуклеїнової кислоти для введення рослині (та тому придатну для застосування у способах винаходу) може бути будь-яка послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує вид поліпептиду, описаний у даному документі, який також називають "GRF послідовність нуклеїнової кислоти" або "GRF ген".

"GRF поліпептид" як вказано у даному документі, стосується будь-якого поліпептиду, який містить: (i) домен, який має щонайменше 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % або більше амінокислотної ідентичності до QLQ домену, представленого SEQ ID NO: 115 (включеною у SEQ ID NO: 2); та (ii) домен, який має щонайменше 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % або більше амінокислотної ідентичності до WRC домену, представленого SEQ ID NO: 116 (включеною у SEQ ID NO: 2).

Альтернативно або додатково "GRF поліпептид" як вказано у даному документі, стосується будь-якого поліпептиду, який містить: (i) QLQ домен з InterPro повтором IPR014978 (PFAM повтор PF08880); (ii) WRC домен з InterPro повтором IPR014977 (PFAM повтор PF08879); та (iii) домен Ефектору Транскрипції (ET), який містить три Cys та один His залишки у консервативній ділянці (CX₉CX₁₀CX₂H).

Альтернативно або додатково "GRF поліпептид" як вказано у даному документі, стосується будь-якого поліпептиду, амінокислотна ідентичність якого до GRF поліпептиду, представленого SEQ ID NO: 2 або будь-яких непроцесованих послідовностей поліпептиду, наведених у Таблиця A.1 у даному документі, збільшується у порядку переважності на щонайменше 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % або більше.

Альтернативно або додатково "GRF поліпептид" взаємодіє з поліпептидами GRF-взаємодіючого фактору (GIF; (GIF1-GIF3; який також називають транслокацією синовіальної

саркоми SYT1-SYT3), такими як наведені у Таблиці A.2 у даному документі, у методі двогібридної системи дріжджів для аналізу взаємодії.

Визначення термінів "домен" та "мотив" наведено у розділі "визначення термінів" у даному документі. Для ідентифікації доменів існують спеціальні бази даних, наприклад, SMART (Schultz et al. (1998) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 95, 5857-5864; Letunic et al. (2002) *Nucleic Acids Res* 30, 242-244), InterPro (Mulder et al., (2003) *Nucl. Acids. Res.* 31, 315-318), Prosite (Bucher and Bairoch (1994), A generalized profile syntax for biomolecular sequences motifs and its function in automatic sequence interpretation. (In) *ISMB-94; Proceedings 2nd International Conference on Intelligent System for Molecular Biology*. Altman R., Brutlag D., Karp P., Lathrop R., Searls D., Eds., pp53-61, AAAI Press, Menlo Park; Hulo et al., *Nucl. Acids. Res.* 32: D134-D137, (2004)), або Pfam (Bateman et al., *Nucleic Acids Research* 30(1): 276-280 (2002). Набір засобів для *in silico* аналізу послідовностей протеїну наявний на сервері ExPASy протеометрія (Swiss Institute of Bioinformatics (Gasteiger et al., ExPASy: the proteomics server for in-depth protein knowledge and analysis, *Nucleic Acids Res.* 31:3784-3788(2003)).

Аналіз поліпептидної послідовності SEQ ID NO: 2 наведено нижче у Прикладах 2 та 4 у даному документі. Наприклад, GRF поліпептид представлено SEQ ID NO: 2, яка містить QLQ домен з InterPro повтором IPR014978 (PFAM повтор PF08880) та WRC домен з InterPro повтором IPR014977 (PFAM повтор PF08879) у базі даних доменів InterPro. Домени також ідентифікують використовуючи звичайні технології, вирівнювання послідовностей. Вирівнювання QLQ домену поліпептидів Таблиці A.1 у даному документі, показано на Фіг. 2, та вирівнювання WRC домену поліпептидів Таблиці A.1 у даному документі, показано на Фіг. 3, такі вирівнювання є придатними для ідентифікації найбільш консервативної амінокислоти серед GRF поліпептидів, таких як QLQ та WRC амінокислотні залишки.

Способи вирівнювання послідовностей для порівняння є добре відомими у галузі, такі способи включають GAP, BESTFIT, BLAST, FASTA та TFASTA. GAP використовує алгоритм Needleman та Wunsch ((1970) *J Mol Biol* 48: 443-453) для визначення глобального (тобто, перекривання повних послідовностей) вирівнювання двох послідовностей, що максимізує сумісність та мінімізує кількість генів. BLAST алгоритм (Altschul et al. (1990) *J Mol Biol* 215: 403-10) підраховує наявну ідентичність послідовностей та здійснює статистичний аналіз схожості між двома послідовностями. Програмне забезпечення для BLAST аналізу наявне через Національний Центр Біотехнологічної Інформації (NCBI). Гомологи ідентифікують використовуючи, наприклад, алгоритм ClustalW багаторазового вирівнювання послідовності (version 1,83), з параметрами похибки вирівнювання пар, та спосіб підрахунку у процентах. Загальний процент подібності та ідентичності також визначають, використовуючи способи доступні при наявності програмного забезпечення MatGAT (Campanella et al., (2003) *BMC Bioinformatics*, 10: 29, MatGAT: an application that generates similarity/identity matpics using protein or DNA sequences). Менше людського втручання потрібно для оптимізації вирівнювання між консервативними мотивами, що відомо фахівцям у галузі. Більш того, замість використання непроцесованих послідовностей для ідентифікації гомологів, можна використовувати спеціальні домени. Значення ідентичності послідовності можна визначити для всієї послідовності нуклеїнової кислоти або поліпептидної послідовності або для вибраних доменів або консервативних мотивів(y), використовуючи вищенаведені програми з параметрами похибки. Вважають, що поза QLQ доменом та WRC доменом, GRF поліпептиди мають низьку амінокислотну ідентичність. Приклад 3 у даному документі описує на Таблиці B.1 процентну ідентичність між GRF поліпептидом, представленим SEQ ID NO: 2 та GRF поліпептидами, наведеними у Таблиці A, яка становить менше 15 % амінокислотної ідентичності. Процент ідентичності можна значно підвищити, якщо розрахунок ідентичності здійснювати між QLQ доменом SEQ ID NO: 2 (представленим SEQ ID NO: 115 включеною у SEQ ID NO: 2; QLQ доменом GRF поліпептидів Таблиці A.1 представленою на Фіг. 2) та QLQ доменами поліпептидів, придатних для здійснення винаходу. Також, процент ідентичності можна значно підвищити, якщо розрахунок ідентичності здійснювати між WRC доменом SEQ ID NO: 2 (представленим SEQ ID NO: 116 включеною у SEQ ID NO: 2; WRC домен GRF поліпептидів Таблиці A.1 представленою на Фіг. 3) та WRC доменами поліпептидів, придатних для здійснення винаходу. Процент ідентичності по QLQ домену серед поліпептидних послідовностей, придатних для здійснення способів винаходу, знаходиться в діапазоні між 25 % та 99 % амінокислотної ідентичності, та процент ідентичності по WRC домену серед поліпептидних послідовностей, придатних для здійснення способів винаходу знаходиться в діапазоні між 60 % та 99 % амінокислотної ідентичності. На Фіг. 3 також видно, що WRC домен є більш консервативним серед різноманітних GRF поліпептидів, ніж QLQ домен, показаний на Фіг. 2.

Питання прогнозування внутрішньо клітинної локалізації протеїнів є дуже важливим та

добре дослідженим. Експериментальні способи локалізації протеїнів включають від імунолокалізації до маркування протеїнів, використовуючи зелений флуоресцентний протеїн (GFP) або бета-глюкуронідазу (GUS). Такі способи є точними, хоча трудомісткі у порівнянні з комп'ютерними способами. Нещодавно зробили значний прогрес у комп'ютерному

прогнозуванні локалізації протеїнів на основі даних по послідовностям. Серед добре відомих фахівцям алгоритмів використовують ExPASy Proteomics tools власність Swiss Institute for Bioinformatics, наприклад, PSort, TargetP, ChloroP, LocTree, Predotar, LipoP, MITOPROT, PATS, PTS1, SignalP тощо.

Більш того, GRF поліпептиди, придатні для застосування у способах даного винаходу (щонайменше у їх нативній формі) зазвичай, проте необов'язково, мають активність регуляції транскрипції та здатність взаємодіяти з іншими протеїнами. Тому, GRF поліпептиди з пониженою активністю регуляції транскрипції, що не мають активності регуляції транскрипції, з пониженою здатністю до взаємодії протеїн-протеїн, або нездатні до взаємодії протеїн-протеїн, можуть на однаковому рівні можуть бути придатними для використання у способах даного

ДНК-зв'язувальна активність та протеїн-протеїн взаємодії можна визначити *in vitro* або *in vivo*, використовуючи добре відомі у галузі технології (наприклад, у Current Protocols in Molecular Biology, Volumes 1 and 2, Ausubel et al. (1994), Current Protocols). GRF поліпептиди здатні активувати транскрипцію репортерних генів у клітинах дріжджів (Kim & Kende (2004) Proc Natl Acad Sci 101(36): 13374-13379). GRF поліпептиди також здатні взаємодіяти з поліпептидами GRF-взаємодіючого фактору (GIF1-GIF3; також називають транс локації синовіальної саркоми (SYT)) *in vivo* у дріжджових клітинах, використовуючи аналіз взаємодії протеїн-протеїн на основі системи двогбридних дріжджів (Kim & Kende, supra). *In vitro* зв'язувальні аналізи також використовують для того, щоб показати, що GRF поліпептиди та SYT (або GIF) поліпептиди є партнерами по взаємодії (Kim & Kende, supra).

Даний винахід ілюструють шляхом трансформування рослин послідовністю нуклеїнової кислоти, представленою SEQ ID NO: 1, яка кодує послідовність GRF поліпептиду SEQ ID NO: 2, Однак, здійснення винаходу не обмежено цими послідовностями; способи винаходу переважно здійснюють, використовуючи будь-яку послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид, як вказано у даному документі.

Приклади послідовностей нуклеїнових кислот, які кодують GRF поліпептиди, наведені у Таблиці A.1 Прикладу 1 у даному документі. Такі послідовності нуклеїнових кислот є придатними для здійснення способів винаходу. Поліпептидні послідовності, представлені у Таблиці A.1 Прикладу 1 є прикладами послідовностей ортологів та парологів GRF поліпептиду, представленого SEQ ID NO: 2, терміни "ортологи" та "парологи" є такими як вказано у даному документі. Наступні ортологи та парологи можна легко визначити, здійснюючи реципрокне BLAST-дослідження. Зазвичай, це викликає перший BLAST, що визиває BLASTінг потрібної послідовності (наприклад, використовуючи будь-які послідовності, наведені у Таблиці A.1 Прикладу 1) проти будь-якої послідовності у базі даних, такої як відкрита база даних NCBI. BLASTN або TBLASTX (використовуючи стандартні значення похибок) зазвичай використовують, коли починають з послідовності нуклеотидів, та BLASTP або TBLASTN (використовуючи стандартні значення похибок), коли починають з білкової послідовності. Результати BLAST необов'язково фільтрують. Непроцесовані послідовності або фільтрованих результатів або не фільтрованих результатів після цього знов BLASTують (другий BLAST) проти послідовностей з організму, з якого походить потрібна послідовність (де потрібною послідовністю є SEQ ID NO: 1 або SEQ ID NO: 2, друге BLAST буде таким чином проти послідовностей *Arabidopsis thaliana*). Результати першого та другого BLAST потім порівнюють. Паролог ідентифікують, якщо старше співпадіння з першого бласту походить з одного виду що й бажана послідовність, повторний BLAST після цього ідеально приводить до бажаної послідовності серед найбільших співпадінь; ортолог ідентифікують, якщо старше співпадіння у першому BLAST походить не з одного виду з бажаною послідовністю, та бажано щоб результати повторного BLAST у бажаній послідовності були серед найголовніших співпадінь.

Старші співпадіння мають низьке E-значення. Чим нижче E-значення, тим більш значний показник (або іншими словами, менша вірогідність випадкового знаходження піку). Комп'ютерне визначення E-значення є добре відомим у галузі. Окрім E-значень, порівняння також здійснювали у процентній ідентичності. Процентна ідентичність стосується кількості ідентичних нуклеотидів (або амінокислот) між двома порівнювальними послідовностями нуклеїнових кислот (або поліпептидів) певної довжини. У випадку великих родин можна використовувати ClustalW, після чого використовують дерево, побудоване шляхом приєднання сусіда, з метою допомогти знайти кластеризацію пов'язаних генів та ідентифікувати ортологи та парологи.

Варіанти нуклеїнової кислоти також є корисними у способах винаходу. Приклади таких варіантів включають послідовності нуклеїнових кислот, які кодують гомологи та похідні будь-яких поліпептидних послідовностей, наведених у Таблиці A.1 Прикладу 1, терміни "гомолог" та "похідна" є такими як вказано у даному документі. Також корисними у способах даного винаходу є послідовності нуклеїнових кислот, які кодують гомологи та похідні ортологів та парологів будь-яких поліпептидних послідовностей наведених у Таблиці A.1 Прикладу 1. Гомологи та похідні, придатні у способах винаходу, мають по суті однакову біологічну та функціональну активність як не модифікований протеїн з якого вони походять.

Додаткові варіанти нуклеїнових кислот, придатні у способах винаходу, включають частини послідовностей нуклеїнових кислот, які кодують GRF поліпептиди, послідовності нуклеїнових кислот, гібридизованих з послідовностями нуклеїнових кислот, які кодують GRF поліпептиди, сплайс-варіанти послідовностей нуклеїнових кислот, які кодують GRF поліпептиди, алельні варіанти послідовностей нуклеїнових кислот, які кодують GRF поліпептиди та варіанти послідовностей нуклеїнових кислот, які кодують GRF поліпептиди, отримані шляхом перестановки генів. Терміни гібридизована послідовність, сплайс-варіант, алельний варіант та перестановка генів описані у даному документі.

Послідовності нуклеїнових кислот, які кодують GRF поліпептиди, повинні бути процесованими послідовностями нуклеїнових кислот, з огляду на те, що здійснення способів винаходу не залежить від застосування непроцесованих послідовностей нуклеїнових кислот. Згідно з даним винаходом, заявляється спосіб збільшення показників врожайності рослин, який включає введення та експресію у рослині частини будь-якої послідовності нуклеїнових кислот, наведених у Таблиці A.1 Прикладу 1, або частини послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує ортолог, паролог або гомолог будь-якої послідовності поліпептидів, наведених у Таблиці A.1 Прикладу 1.

Частину послідовності нуклеїнової кислоти можна отримати, наприклад, шляхом однієї або кількох делецій у послідовності нуклеїнової кислоти. Частини можна застосовувати у ізольованій формі або їх гібридизують з іншими кодуючими ми (або некодуючими) послідовностями з метою, наприклад, отримання протеїну, який має декілька різних активностей. При гібридизації з іншими кодуючими послідовностями, отриманий під час трансляції поліпептид може бути більшим ніж той, що передбачався для частини протеїну.

Частини, придатні у способах даного винаходу, які кодують GRF поліпептид як вказано у даному документі, та мають по суті однакову біологічну активність з поліпептидними послідовностями, наведеними у Таблиці A.1 Прикладу 1. Бажано, частиною є частина будь-якої послідовності нуклеїнових кислот, наведеної у Таблиці A.1 Прикладу 1, або частина послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує ортолог або паролог будь-якої поліпептидної послідовності, наведеної у Таблиці A.1 Прикладу 1. Бажано довжина частини збільшується у порядку переважності на щонайменше 400, 450, 500, 550, 600, 650, 700, 750, 800, 850, 900, 950, 1000, 1050, 1100, 1150, 1190 послідовних нуклеотидів, послідовними нуклеотидами є будь-які послідовності нуклеїнових кислот, наведені у Таблиці A.1 Прикладу 1, або послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує ортолог або паролог будь-якої поліпептидної послідовності, наведеної у Таблиці A.1 Прикладу 1, Бажано, частиною є частина нуклеотидної послідовності, яка кодує поліпептидну послідовність поліпептиду, який містить: (i) домен, амінокислоти якого на щонайменше 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % або більше ідентичні QLQ домену, представленому SEQ ID NO: 115 (включеною у SEQ ID NO: 2); та (ii) домен, амінокислоти якого на щонайменше 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % або більше ідентичні WRC домену, представленому SEQ ID NO: 116 (включеною у SEQ ID NO: 2). Більш бажано частиною є частина послідовності нуклеїнової кислоти SEQ ID NO: 1.

Іншим варіантом послідовності нуклеїнової кислоти придатний у способах винаходу є послідовність нуклеїнової кислоти, здатна до гібридизації в умовах пониженої жорсткості, бажано при жорстких умовах, з послідовністю нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид, як вказано у даному документі, або з частиною як вказано у даному документі.

Даний винахід стосується способу збільшення показників врожайності рослин, який включає введення та експресію у рослині послідовності нуклеїнової кислоти, здатною до гібридизації з будь-якими послідовностями нуклеїнових кислот, наведеними у Таблиці A.1 Прикладу 1, або який включає введення та експресію у рослині послідовності нуклеїнової кислоти, яка здатна до гібридизації з послідовностями нуклеїнових кислот, які кодують ортолог, паролог або гомолог будь-якої послідовності нуклеїнових кислот, наведених у Таблиці A.1 Прикладу 1.

Гібридні послідовності, придатні у способах даного винаходу, кодують GRF поліпептид як вказано у даному документі, та мають по суті однакову біологічну активність з поліпептидними

послідовностями, наведеними у Таблиці А.1 Прикладу 1. Бажано, гібридні послідовності здатні до гібридизації з будь-якою послідовністю нуклеїнових кислот, наведеною у Таблиці А.1 Прикладу 1, або з частиною будь-якої з цих послідовностей, частиною як визначено вище у даному документі, або гібридна послідовність здатна до гібридизації з послідовністю нуклеїнових кислот, яка кодує ортолог або паролог будь-яких поліпептидних послідовностей, наведених у Таблиці А.1 Прикладу 1. Бажано, гібридна послідовність здатна до гібридизації з послідовністю нуклеїнових кислот, яка кодує поліпептидну послідовність, яка містить: (i) домен, амінокислотна послідовність якого на щонайменше 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % або більше ідентична до QLQ домену, представленого SEQ ID NO: 115 (включеною у SEQ ID NO: 2); та (ii) домен, амінокислотна послідовність якого на щонайменше 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % або більше ідентична до WRC домену, представленого SEQ ID NO: 116 (включеною у SEQ ID NO: 2). Найбільш бажано, гібридна послідовність здатна до гібридизації з послідовністю нуклеїнової кислоти, представленної SEQ ID NO: 1, або її частиною.

Іншим варіантом послідовності нуклеїнової кислоти придатним у способах винаходу є сплайс-варіант, який кодує GRF поліпептид як вказано у даному документі вище, сплайс-варіант, який вказано у даному документі.

Даний винахід стосується способу збільшення показників врожайності рослин, який включає введення та експресію у рослині сплайс-варіанту будь-якої послідовності нуклеїнових кислот, наведеної у Таблиці А.1 Прикладу 1, або сплайс-варіант послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує ортолог, паролог або гомолог будь-яких поліпептидних послідовностей, наведених у Таблиці А.1 Прикладу 1.

Бажаними сплайс-варіантами є сплайс-варіанти послідовності нуклеїнової кислоти, представленної SEQ ID NO: 1, або сплайс-варіант послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує ортолог або паролог SEQ ID NO: 2. Бажано, сплайс-варіантом є сплайс-варіант послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує поліпептидну послідовність, яка містить: (i) домен, амінокислотна послідовність якого на щонайменше 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % або більше ідентична QLQ домену, представленому SEQ ID NO: 115 (включеною у SEQ ID NO: 2); та (ii) домен, амінокислотна послідовність якого на щонайменше 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % або більше ідентична WRC домену, представленому SEQ ID NO: 116 (включеною у SEQ ID NO: 2).

Іншим варіантом послідовності нуклеїнової кислоти придатним у способах винаходу є алельний варіант послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид, як вказано у даному документі вище, алельний варіант, як вказано у даному документі.

Даний винахід стосується способу збільшення показників врожайності рослин, який включає введення та експресію у рослині алельного варіанту будь-якої послідовності нуклеїнових кислот, наведеної у Таблиці А.1 Прикладу 1, або який включає введення або експресію у рослині алельного варіанту послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує ортолог, паролог або гомолог будь-яких поліпептидних послідовностей, наведених у Таблиці А.1 Прикладу 1.

Алельні варіанти, придатні у способах даного винаходу, мають по суті однакову біологічну активність з GRF поліпептидом SEQ ID NO: 2 та будь-якими поліпептидними послідовностями, наведеними у Таблиці А.1 Прикладу 1. Алельні варіанти існують у природі, та даний винахід стосується способів застосування цих природних алелей. Бажано, алельні варіанти є алельними варіантами SEQ ID NO: 1 або алельними варіантами послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує ортолог або паролог SEQ ID NO: 2. Бажано, алельні варіанти є алельними варіантами поліпептидної послідовності, яка містить: (i) а домен, амінокислотна послідовність якого на щонайменше 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % або більше ідентична QLQ домену, представленого SEQ ID NO: 115 (включеною у SEQ ID NO: 2); та (ii) домен, амінокислотна послідовність якого на щонайменше 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % або більше ідентична WRC домену, представленого SEQ ID NO: 116 (включеною у SEQ ID NO: 2).

Перемішування генів або спрямовану еволюцію також застосовують для отримання варіантів послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептиди як зазначено вище, термін "перемішування генів" є таким як вказано у даному документі.

Даний винахід стосується способу збільшення показників врожайності рослин, який включає введення та експресію у рослині варіанту будь-якої послідовності нуклеїнових кислот, наведеної у Таблиці А.1 Прикладу 1, або який включає введення та експресію у рослині варіанту послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує ортолог, паролог або гомолог будь-яких поліпептидних послідовностей, наведених у Таблиці А.1 Прикладу 1, варіант послідовностей нуклеїнових кислот яких отримують шляхом перемішування генів.

Бажано, варіант послідовності нуклеїнової кислоти отримують шляхом перемішування генів, які кодуєть поліпептидну послідовність, яка містить: (i) домен, амінокислотна послідовність якого на щонайменше 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % або більше ідентична QLQ домену, представленому SEQ ID NO: 115 (включеною у SEQ ID NO: 2); та (ii) домен, амінокислотна послідовність якого на щонайменше 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % або більше ідентична WRC домену, представленому SEQ ID NO: 116 (включеною у SEQ ID NO: 2).

Окрім цього, варіанти послідовностей нуклеїнових кислот отримують шляхом сайт-спрямованого мутагенезу. Існує декілька способів здійснення сайт-спрямованого мутагенезу, найбільш поширеними є способи на основі ПЛР (Current Protocols in Molecular Biology. Wiley Eds.).

Послідовності нуклеїнових кислот, які кодуєть GRF поліпептиди, можуть походити від будь-якого природного або штучного джерела. Послідовність нуклеїнової кислоти може походити від своєї природної форми у композиції та/або геномного середовища внаслідок спланованого людського втручання. Бажано послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид, має рослинне походження, більш бажано походить від дводольної рослини, більш бажано з родини Brassicaceae, найбільш бажано послідовність нуклеїнової кислоти походить від *Arabidopsis thaliana*.

Детальний опис стосується поліпептиду транслокації синовіальної саркоми (SYT). Переважним способом збільшення експресії послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид, є введення та експресія у рослині послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид.

Будь-які посилання у даному документі щодо "SYT протеїну, придатного у способах винаходу" означають SYT поліпептид як вказано у даному документі. Будь-які посилання даному документі щодо "SYT послідовності нуклеїнової кислоти придатної у способах винаходу" означають послідовність нуклеїнової кислоти, яка здатна кодувати SYT поліпептид. Послідовність нуклеїнової кислоти для введення у рослину (та таким чином придатна для застосування у способах винаходу) означає будь-яку послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує тип поліпептиду, який у даному документі називають "SYT послідовність нуклеїнової кислоти" або "SYT ген".

Термін "SYT поліпептид" як вказано у даному документі, стосується поліпептиду, який обмежується N-кінцем - C-кінцем та включає: (i) SNH домен, амінокислотна ідентичність якого збільшується у порядку переважності на щонайменше 20 %, 25 %, 30 %, 35 %, 40 %, 45 %, 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % до SNH домену SEQ ID NO: 262; та (ii) Met-збагачений домен; та (iii) QG-збагачений домен. Бажано, SNH домен містить найбільш консервативні залишки, представлені SEQ ID NO: 263, та зображений на Фіг. 5.

Альтернативно або додатково, "SYT поліпептид" як вказано у даному документі, стосується будь-якого поліпептиду, який містить домен, амінокислотна ідентичність якого збільшується у порядку переважності на щонайменше 20 %, 25 %, 30 %, 35 %, 40 %, 45 %, 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % до SSXT домену з InterPro повтором IPR007726 (PFAM повтор PF05030, SSXT протеїн (N-термінальна ділянка)) SEQ ID NO: 264.

Альтернативно або додатково, "SYT поліпептид" як вказано у даному документі, стосується будь-якого поліпептиду, амінокислотна ідентичність якого збільшується у порядку переважності на щонайменше 20 %, 25 %, 30 %, 35 %, 40 %, 45 %, 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % або більше до SYT поліпептиду, представленого SEQ ID NO: 121 або до будь-якого непроцесованих поліпептидних послідовностей, наведених у Таблиці A.2 у даному документі.

Альтернативно або додатково, "SYT поліпептид" взаємодіє з поліпептидом Фактору Регулювання Росту (GRF) у методі аналізу взаємодії на основі двогібридної системи дріжджів, наприклад, з GRF поліпептидними послідовностями, наведеними у Таблиці A.1 у даному документі.

Аналіз SYT поліпептидної послідовності SEQ ID NO: 121 наведено нижче у Прикладах 2 та 4 у даному документі. Наприклад, SYT поліпептид, представлений SEQ ID NO: 121, містить SSXT домен з InterPro повтором IPR007726 (PFAM повтор PF05030) у базі даних доменів InterPro. Домени також можна визначити, використовуючи звичайні способи, такі як вирівнювання послідовностей. Вирівнювання SNH домену поліпептидів наведених у Таблиці A.2 у даному документі, показано на Фіг. 5. Такі вирівнювання є корисними при визначенні найбільш консервативних амінокислот серед SYT поліпептидів, таких як найбільш консервативні залишки,

представлені SEQ ID NO: 263.

Способи вирівнювання послідовностей для порівняння є добре відомими у галузі, та коротко описані у даному документі вище. Значення ідентичності послідовностей визначають впродовж усієї послідовності нуклеїнової кислоти або поліпептидної послідовності або продовж вибраного домену або консервативного мотиву(ів), використовуючи вищезгадані програми з параметрами похибки. Вважають, що поза SNH доменом та SSXT доменом, SYT поліпептиди мають низьку ідентичність амінокислотних послідовностей. Приклад 3 у даному документі описує у Таблиці B.2 процентну ідентичність між SYT поліпептидом, представленим SEQ ID NO: 121, та SYT поліпептидами, наведеними у Таблиці A.2, найменше значення якої становить 25 % амінокислотної ідентичності. Процент амінокислотної ідентичності можна значно збільшити, якщо визначати ідентичність між SNH доменом, представленим SEQ ID NO: 262 (включеною у SEQ ID NO: 121), та SNH доменом SYT поліпептидів, наведених у Таблиці A.2 (наведеній на Фіг. 5). Також, процент амінокислотної ідентичності можна значно збільшити, якщо визначати ідентичність між SSXT доменом, представленим SEQ ID NO: 264 (включеною у SEQ ID NO: 121), та SSXT доменами SYT поліпептидів, придатних для здійснення винаходу. SNH домен, який є складовою SSXT домену, є більш консервативним серед різних SYT поліпептидів, ніж SSXT домен.

Більш того, SYT поліпептиди, зазвичай придатні у способах даного винаходу (щонайменше у їх нативній формі), проте необов'язково, має активність регулювання транскрипції та здатність взаємодіяти з іншими протеїнами. Таким чином, SYT поліпептиди з пониженою активністю регулювання транскрипції, з пониженою здатністю до протеїн-протеїн взаємодії, або нездатні до протеїн-протеїн взаємодії, рівнозначно придатні у способах даного винаходу. ДНК-зв'язувальна активність та протеїн-протеїн взаємодії визначають *in vitro* або *in vivo*, використовуючи добре відомі у галузі технології (наприклад, у *Current Protocols in Molecular Biology*, Volumes 1 and 2, Ausubel et al. (1994), *Current Protocols*). SYT поліпептиди здатні до взаємодії з GRF поліпептидами *in vivo* у клітинах дріжджів, при використанні дослідження взаємодії на основі системи двогібридних дріжджів (Kim & Kende, *supra*). Аналізи зв'язування *in vitro* також показують, що GRF поліпептиди та SYT поліпептиди є взаємодіючими партнерами (Kim & Kende, *supra*).

Даний винахід ілюструють шляхом трансформації рослин послідовністю нуклеїнової кислоти, представленої SEQ ID NO: 120, яка кодує SYT поліпептидну послідовність SEQ ID NO: 121. Однак, здійснення винаходу не обмежено цими послідовностями; способи винаходу бажано здійснюють, використовуючи будь-яку послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, як вказано у даному документі.

Приклади послідовностей нуклеїнових кислот, які кодують SYT поліпептиди, наведені у Таблиці A.2 Прикладу 1 у даному документі. Такі послідовності нуклеїнових кислот є придатними для застосування у способах винаходу. Поліпептидні послідовності, наведені у Таблиці A.2 Прикладу 1, є прикладами послідовностей ортологів та парологів SYT поліпептиду, представленого SEQ ID NO: 121, терміни "ортологи" та "парологи" мають таке значення, як вказано у даному документі вище. Додаткові ортологи та парологи можна ідентифікувати шляхом здійснення реципрокного бласт-дослідження (як описано у даному документі вище).

Варіанти нуклеїнових кислот також використовують у способах даного винаходу. Приклади таких варіантів включають послідовності нуклеїнових кислот, які кодують гомологи та похідні будь-якої поліпептидної послідовності, наведеної у Таблиці A.2 Прикладу 1, терміни "гомолог" та "похідна" мають таке значення, як вказано у даному документі. Також у способах винаходу використовують послідовності нуклеїнових кислот, які кодують гомологи та похідні ортологів або парологів будь-якої поліпептидної послідовності, наведеної у Таблиці A.2 Прикладу 1. Гомологи та похідні, придатні у способах даного винаходу, мають по суті однакову біологічну та функціональну активність з не модифікованим протеїном, похідними якого вони є.

Наступні варіанти нуклеїнових кислот, придатні для способів винаходу, включають частини послідовностей нуклеїнових кислот, які кодують SYT поліпептиди, послідовності нуклеїнових кислот гібридизовані з послідовностями нуклеїнових кислот, які кодують SYT поліпептиди, сплайс-варіанти послідовностей нуклеїнових кислот, які кодують SYT поліпептиди, алельні варіанти послідовностей нуклеїнових кислот, які кодують SYT поліпептиди, та варіанти послідовностей нуклеїнових кислот, які кодують SYT поліпептиди, отримують шляхом перемішування генів. Терміни гібридна послідовність, сплайс-варіант, алельний варіант та перемішування генів описані у даному документі.

Послідовності нуклеїнових кислот, які кодують SYT поліпептиди, повинні бути непроцесованими послідовностями нуклеїнових кислот, з огляду на те, що здійснення способів винаходу не залежить від застосування непроцесованих послідовностей нуклеїнових кислот.

Даний винахід стосується способу підвищення показників врожайності рослин, який включає введення та експресію у рослині частини будь-якої послідовності нуклеїнових кислот, наведеної у Таблиці A.2 Прикладу 1, або частини послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує ортолог, паролог або гомолог будь-яких поліпептидних послідовностей, наведених у Таблиці A.2 Прикладу 1.

Частину послідовності нуклеїнової кислоти отримують, наприклад, шляхом однієї або кількох делецій у послідовності нуклеїнової кислоти. Ці частини можна застосовувати у ізольованій формі або гібридизувати з іншими кодуючими (або некодуючими) послідовностями з метою, наприклад, отримання протеїну, який має декілька активностей. При гібридизуванні з іншою кодуючою послідовністю, отриманий під час трансляції поліпептид може бути більшим, ніж той, що передбачали до частини протеїну.

Частини придатні у способах винаходу, які кодують SYT поліпептид як вказано у даному документі, та мають по суті однакову біологічну активність з поліпептидними послідовностями, наведеними у Таблиці A.2 Прикладу 1. Бажано, частиною є частина будь-якої послідовності нуклеїнових кислот, наведеної у Таблиці A.2 Прикладу 1, або частина послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує ортолог або паролог будь-якої поліпептидної послідовності, наведеної у Таблиці A.2 Прикладу 1. Бажано довжина частини, збільшується у порядку переважності на щонайменше 100, 125, 150, 175, 200 або 225 послідовних нуклеотидів, бажано на щонайменше 250, 275, 300, 325, 350, 375, 400, 425, 450 або 475 послідовних нуклеотидів, більш бажано щонайменше на 500, 525, 550, 575, 600, 625, 650, 675, 700 або 725 послідовних нуклеотидів, або довжина дорівнює довжині SYT послідовності нуклеїнової кислоти, послідовних нуклеотидів будь-якої послідовності нуклеїнових кислот, наведеної у Таблиці A.2 Прикладу 1, або послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує ортолог або паролог будь-якої поліпептидної послідовності, наведеної у Таблиці A.2 Прикладу 1. Бажано, частиною є частина нуклеїнової послідовності, яка кодує поліпептидну послідовність поліпептиду, який містить між N-кінцем та C-кінцем: (i) SNH домен амінокислотна ідентичність якого збільшується у порядку переважності на щонайменше 20 %, 25 %, 30 %, 35 %, 40 %, 45 %, 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % до SNH домену SEQ ID NO: 262; та (ii) Met-збагачений домен; та (iii) QG-збагачений домен. Бажано, SNH домен містить найбільш консервативні залишки, представлені SEQ ID NO: 263, та показані на чорному фоні на Фіг. 5. Найбільш бажано частиною є частина послідовності нуклеїнової кислоти SEQ ID NO: 120.

Іншим варіантом послідовності нуклеїнової кислоти придатним у способах винаходу є послідовність нуклеїнової кислоти, яка здатна до гібридизації, в умовах пониженої жорсткості, бажано у жорстких умовах, з послідовністю нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид як вказано у даному документі, або з частиною як вказано у даному документі.

Даний винахід стосується способу підвищення показників врожайності рослин, який включає введення та експресію у рослині послідовності нуклеїнової кислоти, яка здатна до гібридизації з будь-якою послідовністю нуклеїнових кислот, наведеною у Таблиці A.2 Прикладу 1, або який включає введення та експресію у рослині послідовності нуклеїнової кислоти, яка здатна до гібридизації з послідовністю нуклеїнових кислот, яка кодує ортолог, паролог або гомолог будь-якої послідовності нуклеїнових кислот, наведеної у Таблиці A.2 Прикладу 1.

Гібридні послідовності придатні у способах винаходу кодують SYT поліпептид як вказано у даному документі, та мають по суті однакову біологічну активність з поліпептидними послідовностями, наведеними у Таблиці A.2 Прикладу 1. Бажано, гібридні послідовності здатні до гібридизації з будь-якою послідовністю нуклеїнових кислот, наведеною у Таблиці A.2 Прикладу 1, або частиною будь-якої з цих послідовностей, частиною як визначено вище, або у даному документі гібридна послідовність здатна до гібридизації з послідовністю нуклеїнових кислот, яка кодує ортолог або паролог будь-якої поліпептидної послідовності, наведеної у Таблиці A.2 Прикладу 1. Бажано, гібридна послідовність здатна до гібридизації з послідовністю нуклеїнових кислот, яка кодує поліпептидну послідовність, яка містить між N-кінцем та C-кінцем: (i) SNH домен, амінокислотна ідентичність якого збільшується у порядку переважності на щонайменше 20 %, 25 %, 30 %, 35 %, 40 %, 45 %, 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % до SNH домену SEQ ID NO: 262; та (ii) Met-збагачений домен; та (iii) QG-збагачений домен. Бажано, SNH домен містить найбільш консервативні залишки, представлені SEQ ID NO: 263, та показан на чорному фоні на Фіг. 5. Найбільш бажано, гібридна послідовність здатна до гібридизації з послідовністю нуклеїнової кислоти, представленої SEQ ID NO: 120 або її частиною.

Інший варіант послідовності нуклеїнової кислоти придатний у способах винаходу є сплайс-варіантом, який кодує SYT поліпептид, як вказано у даному документі вище, сплайс-варіантом як вказано у даному документі.

Даний винахід стосується способу підвищення показників врожайності рослин, який включає введення та експресію у рослині сплайс-варіанту будь-якої послідовності нуклеїнової кислоти наведеною у Таблиці A.2 Прикладу 1, або який включає введення та експресію у рослині сплайс-варіанту послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує ортолог, паролог або гомолог

5 будь-якої послідовності нуклеїнових кислот, наведеної у Таблиці A.2 Прикладу 1.
Бажними сплайс-варіантами є сплайс-варіанти послідовності нуклеїнової кислоти, представленої SEQ ID NO: 120, або сплайс-варіант послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує ортолог або паролог SEQ ID NO: 121. Бажано, сплайс-варіантом є сплайс-варіант послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує поліпептидну послідовність, яка містить між N-кінцем та C-кінцем:

10 (i) SNH домен, амінокислотна ідентичність якого збільшується у порядку переважності на щонайменше 20 %, 25 %, 30 %, 35 %, 40 %, 45 %, 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % до SNH домену SEQ ID NO: 262; та (ii) Met-збагачений домен; та (iii) QG-збагачений домен. Бажано, SNH домен містить найбільш консервативні залишки, представлені SEQ ID NO: 263, та показан та чорному фоні на

15 Фіг. 5.
Іншим варіантом послідовності нуклеїнової кислоти придатним у способах винаходу є алельний варіант послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид як вказано у даному документі вище, алельний варіант як вказано у даному документі.

Даний винахід стосується способу підвищення показників врожайності рослин, який включає введення та експресію у рослині алельного-варіанту будь-якої послідовності нуклеїнової кислоти наведеною у Таблиці A.2 Прикладу 1, або який включає введення та експресію у рослині алельного-варіанту послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує ортолог, паролог або гомолог будь-якої послідовності нуклеїнових кислот, наведеної у Таблиці A.2 Прикладу 1.

20 Алельні варіанти придатні у способах даного винаходу мають по суті однакову біологічну активність з SYT поліпептидом SEQ ID NO: 121 та будь-якою поліпептидною послідовністю, наведеною у Таблиці A.2 Прикладу 1. Алельні варіанти існують у природі, та даний винахід стосується способів застосування їх природних алелей. Бажано, алельний варіант є алельним варіантом SEQ ID NO: 120 або алельним варіантом послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує ортолог або паролог SEQ ID NO: 121. Бажано, алельний варіант є алельним варіантом поліпептидної послідовності, яка містить між N-кінцем та C-кінцем: (i) SNH домен, амінокислотна ідентичність якого збільшується у порядку переважності на щонайменше 20 %, 25 %, 30 %, 35 %, 40 %, 45 %, 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % до SNH домену SEQ ID NO: 262; та (ii) Met-збагачений домен; та (iii) QG-збагачений домен. Бажано, SNH домен містить найбільш консервативні залишки, представлені SEQ ID NO: 263, та показані на чорному фоні на Фіг.5.

35 Перемішування генів або спрямовану еволюцію також використовують для отримання варіантів послідовностей нуклеїнових кислот, які кодують SYT поліпептиди, як зазначено вище, термін "перемішування генів" є таким як вказано у даному документі.

Даний винахід стосується способу підвищення показників врожайності рослин, який включає введення та експресію у рослині варіанту будь-якої послідовності нуклеїнової кислоти, наведеної у Таблиці A.2 Прикладу 1, або який включає введення та експресію у рослині варіанту послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує ортолог, паролог або гомолог будь-якої послідовності нуклеїнових кислот, наведеної у Таблиці A.2 Прикладу 1, де варіант послідовності нуклеїнової кислоти отримують шляхом перемішування генів.

40 Бажано, варіант послідовності нуклеїнової кислоти отримують шляхом перемішування генів, які кодують поліпептидну послідовність, яка містить між N-кінцем та C-кінцем: (i) SNH домен, амінокислотна ідентичність якого збільшується у порядку переважності на щонайменше 20 %, 25 %, 30 %, 35 %, 40 %, 45 %, 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % до SNH домену SEQ ID NO: 262; та (ii) Met-збагачений домен; та (iii) QG-збагачений домен. Бажано, SNH домен містить найбільш консервативні залишки, представлені SEQ ID NO: 263, та показані на чорному фоні на Фіг. 5.

Більш того, варіанти послідовності нуклеїнової кислоти також отримують шляхом сайт-спрямованого мутагенезу. Існує декілька способів здійснення сайт-спрямованого мутагенезу, найбільш поширеними є способи на основі ПЛР (Current Protocols in Molecular Biology. Wiley Eds.).

55 Послідовності нуклеїнових кислот, які кодують SYT поліпептиди можуть мати природне або штучне походження. Послідовність нуклеїнової кислоти можна модифікувати з її нативної форми у композиції та/або геномного оточення за допомогою людського втручання. Бажано послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, має рослинне походження, більш бажано походить від дводольної рослини, більш бажано від родини Brassicaceae, найбільш

бажано послідовність нуклеїнової кислоти походить від *Arabidopsis thaliana*.

Здійснення способів винаходу, тобто, збільшення експресії у рослині: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує поліпептид Фактору Регулювання Росту (GRF); та (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує поліпептид транслокації синовіальної саркоми (SYT), надає рослині збільшені показники врожайності у порівнянні з рослинами з підвищеною експресією однієї з: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид; або (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид. Терміни "врожайність" та "вихід насіння" більш детально описані у розділі "визначення термінів" у даному документі.

Щодо зернових збільшення врожайності включає одне або кілька з наступних: збільшена кількість рослин на гектар або акр, збільшена кількість колосків на рослину, збільшена кількість рядів, кількість зерна на ряд, вага зерна, вага тисячі зерен, довжина колосу/діаметр колосу, збільшення ступеню наповнення зерна (означає кількість наповненого зерна поділена на загальну кількість зерна та помножена на 100). У випадку рису, наприклад, збільшення врожайності включає одне або кілька з наступних: збільшена кількість рослин на гектар або акр, збільшена кількість волоті на рослину, збільшена кількість колосків на волоть, кількість квітів (у суцвітті) на волоть (що виражається співвідношенням кількості наповненого насіння до кількості первинної волоті), збільшення ступеню наповнення зерна (означає кількість наповненого зерна поділена на загальну кількість зерна та помножена на 100), підвищення маси тисячі зерен.

Здійснення способів винаходу, тобто, збільшення експресії у рослині: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує поліпептид Фактору Регулювання Росту (GRF); та (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує поліпептид транслокації синовіальної саркоми (SYT), надає рослині підвищені показники врожайності у порівнянні з рослинами з підвищеною експресією однієї з: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид; або (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид. Бажано підвищені показники врожайності включають наступні: (i) підвищена рання сила; (ii) підвищена біомаса надземної частини рослини; (iii) підвищений загальний вихід насіння на рослину; (iv) підвищений показник наповнення насіння; (v) підвищена кількість (наповненого) насіння; (vi) підвищений індекс врожайності; або (vii) підвищена маса тисячі зерен (TKW).

З огляду на те, що трансгенні рослини даного винаходу мають підвищені показники врожайності, то ймовірно, що ці рослини швидше ростуть (протягом щонайменше частини їх життєвого циклу), у порівнянні з швидкістю росту контрольних рослин на відповідній стадії їх життєвого циклу.

"Контрольна рослина" може включати, як зазначено у розділі "визначення термінів", відповідні дикі рослини, або відповідні рослини, що не містять потрібного гену, або відповідні рослини з підвищеною експресією однієї з: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид; або (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид. "Контрольна рослина" як використано у даному документі, відноситься не тільки до цілої рослини, а й до частин рослин, включаючи насіння та частини насіння.

Підвищена швидкість росту може стосуватись однієї або кількох частин рослини (включаючи насіння), або може стосуватись всієї рослини. Рослини з підвищеною швидкістю росту можуть мати коротший життєвий цикл. Під життєвим циклом розуміють час потрібний, щоб вирости з сухого зрілого зерна до стадії, коли з рослини отримують сухі зрілі зерна, подібні до вихідного матеріалу. На життєвий цикл можуть впливати такі фактори як рання сила, швидкість росту, індекс зеленості, час цвітіння та швидкість дозрівання зерна. Збільшення швидкості росту може траплятись на одній або кількох стадіях життєвого циклу рослини або протягом всього життєвого циклу. Збільшення швидкості росту протягом ранніх стадій життєвого циклу рослини може викликати збільшення (ранньої) сили. Збільшення швидкості росту може змінити цикл врожаю рослини, що дозволяє пізніше висівати та/або раніше збирати врожай ніж це було б можливо (такий самий ефект отримують при більш ранньому часі цвітіння; затримка у цвітінні зазвичай є небажаною характеристикою у зернових). Якщо швидкість росту є значно підвищеною, це може дозволити збирання декількох врожаїв одного виду рослин (наприклад, сіють та збирають рис, після чого сіють та збирають наступний врожай рису протягом одного звичайного періоду росту). Також, якщо швидкість росту є значно підвищеною, це може дозволити збирання декількох врожаїв декількох видів рослин (наприклад, сіють та збирають зернові, після чого, наприклад, сіють та необов'язково збирають сою, картоплю або будь-яку іншу придатну рослину). Також можливо збирання додаткових врожаїв з одного кореневища у випадку деяких зернових. Зміна циклу врожаю рослини може привести до збільшення виходу річної біомаси на акр (завдяки збільшеній кількості разів (на рік), коли будь-яку рослину можна виростити та зібрати врожай). Збільшення швидкості росту також може дозволити культивування трансгенних рослин у більш широкому географічному діапазоні у порівнянні з

такими ж рослинами дикого типу, з огляду на те, що територіальні обмеження для вирощування зернових зазвичай визначаються несприятливими умовами навколишнього середовища або під час садіння (ранній сезон) або під час збирання врожаю (пізній сезон). Таких несприятливих умов можна уникнути при скороченому циклі врожаю. Швидкість росту визначають шляхом вимірювання різноманітних параметрів по кривій росту, такими параметрами серед інших можуть бути: T-Mid (час, потрібний рослині для досягнення нею 50 % свого максимального розміру) та T-90 (час, потрібний рослині для досягнення нею 90 % свого максимального розміру).

Згідно з бажаним варіантом здійснення винаходу, способи винаходу надають рослині підвищену швидкість росту у порівнянні з контрольними рослинами. Таким чином, даний винахід стосується способу підвищення швидкості росту рослин, який включає збільшення експресії у рослині: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує поліпептид Фактору Регулювання Росту (GRF); та (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує поліпептид транслокації синовіальної саркоми (SYT), де рослини мають підвищену швидкість росту у порівнянні з рослинами з підвищеною експресією однієї з: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид; або (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид.

Підвищені показники врожайності з'являються у рослині або коли рослина знаходиться не в стресових умовах, або коли піддається різним стресам, у порівнянні з контрольними рослинами, вирощеними у відповідних умовах. Рослини зазвичай ростуть повільніше внаслідок стресу. В умовах сильного стресу рослина може взагалі припинити рости. Незначний стрес з іншого боку розглядають у даному документі як будь-який стрес, якому піддається рослина, який не викликає повної зупинки росту рослини, без можливості відновити його. Незначний стрес у розумінні винаходу приводить до зменшення росту рослин, підданих стресу, менше ніж на 40 %, 35 % або 30 %, бажано менше ніж на 25 %, 20 % або 15 %, більш бажано менше ніж на 14 %, 13 %, 12 %, 11 % або 10 % або менше у порівнянні з контрольною рослиною, яка не піддавалась стресу. Завдяки перевагам сільськогосподарської обробки (зрошення, удобрення, обробка пестицидами) сильний вплив стресу не часто впливає на культивування зернових. Внаслідок цього, компромісний ріст викликаний незначним стресом зазвичай є небажаним для сільського господарства. Незначним стресом є щоденний біотичний та/або абіотичний (навколишнє середовище) стрес якому піддається рослина. Абіотичний стрес виникає внаслідок засухи або надлишку води, анаеробний стрес, сольовий стрес, хімічна токсичність, окислювальний стрес та спека, холодна температура або заморозки. Абіотичний стрес може бути осмотичним, викликаний водним стресом (зокрема внаслідок засухи), сольовим, окислювальним або іонним. Біотичний стрес зазвичай викликається патогенами, такими як бактерії, віруси, гриби, нематоди та комахи. Термін "не стресові" умови, як використано у даному документі, означає такі умови навколишнього середовища, які дозволяють оптимальний ріст рослин. Фахівцям у галузі відомі нормальні показники ґрунту та кліматичні умови для певної території.

Здійснення способів винаходу надає рослині, яка росте у не стресових умовах або при незначному стресі, підвищені показники врожайності, у порівнянні з контрольними рослинами у відповідних умовах. Таким чином, даний винахід стосується способу підвищення показників врожайності рослин, які ростуть при не стресових умовах або при незначному стресі, де спосіб включає збільшення експресії у рослині: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує поліпептид Фактору Регулювання Росту (GRF); та (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує поліпептид транслокації синовіальної саркоми (SYT), де рослини мають підвищені показники врожайності у порівнянні з рослинами з підвищеною експресією однієї з: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид; або (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид, які вирощували у відповідних умовах.

Здійснення способів даного винаходу приводить у рослин, які вирощували в умовах абіотичного стресу, до збільшення показників врожайності у порівнянні з контрольними рослинами, які вирощували у відповідних стресових умовах. Як зазначено Wang et al. (Рослинаа (2003) 218: 1-14), абіотичний стрес приводить до ряду морфологічних, фізіологічних, біохімічних та молекулярних змін, які негативно впливають на ріст та продуктивність рослин. Засуха, мінералізація, крайні температури та окислювальний стрес є взаємопов'язаними та поють негативно вплинути на ріст та клітини за подібними механізмами. Rabbani et al. (Plant Physiol (2003) 133: 1755-1767) описує особливо високий рівень "взаємного впливу" між засухою та мінералізацією. Наприклад, засуха та/або мінералізація перш за все впливають внаслідок осмотичного стресу, який призводить до руйнування гомеостазу та розподілення іонів у клітині. Окислювальний стрес, який зазвичай супроводжується високими або низькими температурами, мінералізацією або засухою, може призвести до денатурації функціональних або структурних

протеїнів. Внаслідок цього, ці різноманітні стресові умови середовища зазвичай активують однакові сигнальні шляхи у клітинах та клітинні відповіді, такі як вироблення стресових протеїнів, апрегуляція антиоксидантів, акумуляція сумісних розчинних речовин та затримка росту. З огляду на те, що різноманітні стресові умови середовища активують однакові шляхи, здійснення даного винаходу в умовах засухи не повинно розглядатись як обмеження тільки засухою, стосовно підвищення показників врожайності у порівнянні з контрольними рослинами, які вирощували у відповідних умовах, взагалі при абіотичному стресі.

Термін "абіотичний стрес" як вказано у даному документі, стосується будь-якого водного стресу (внаслідок засухи або надлишку води), анаеробного стресу, сольового стресу, температурного стресу (внаслідок високих, низьких температур або заморозків), хімічної токсичності та окислювального стресу. Згідно з одним варіантом здійснення винаходу, абіотичний стрес є осмотичним стресом, вибраним з водного стресу, сольового стресу, окислювального стресу та іонного стресу. Бажано, водним стресом є засуха. Термін сольовий стрес не обмежується тільки звичайною сіллю (NaCl), проте може бути стресом викликаним однією або кількома з наступних солей: NaCl, KCl, LiCl, MgCl₂, CaCl₂.

Здійснення способів винаходу надає рослині підвищених показників врожайності, в умовах абіотичного стресу у порівнянні з контрольними рослинами, які вирощували у відповідних умовах. Таким чином, даний винахід стосується способу підвищення показників врожайності рослин в умовах абіотичного стресу, де спосіб включає збільшення експресії у рослині: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує поліпептид Фактору Регулювання Росту (GRF); та (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує поліпептид транслокації синовіальної саркоми (SYT), де рослини мають підвищені показники врожайності у порівнянні з рослинами з підвищеною експресією однієї з: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид; або (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид, які вирощували у відповідних умовах.

Іншим прикладом абіотичного стресу є знижена доступність однієї або кількох харчових речовин, потрібних рослині для росту та розвитку. Внаслідок сильного впливу ефективності поглинання харчових речовин на врожайність рослини та якість продукту, поле обробляють великою кількістю добрива для оптимізації росту та якості. Продуктивність рослин зазвичай обмежується трьома головними споживними речовинами: фосфор, калій та азот. Таким чином, головним споживним елементом потрібним рослині для росту є азот (N). Він є компонентом числених важливих сполук, які знаходяться у живих клітинах, включаючи амінокислоти, протеїни (ферменти), нуклеїнові кислоти та хлорофіл. Азот складає від 1,5 % до 2 % сухої маси рослини та приблизно 16 % загального протеїну рослини. Таким чином, доступність азоту є головним обмежуючим фактором для росту та продуктивності зернових (Frink et al. (1999) Proc Natl Acad Sci USA 96(4): 1175-1180), та також має найбільший вплив на накопичення протеїну та композиції амінокислот. Тому, рослини з підвищеними показниками врожайності, при вирощуванні в умовах дефіциту азоту, знаходяться у центрі уваги.

Здійснення способів винаходу надає рослині, яку вирощують в умовах зниженої доступності споживних речовин, зокрема в умовах пониженої доступності азоту, підвищені показники врожайності у порівнянні з контрольними рослинами, які вирощували у відповідних умовах. Тому, даний винахід стосується способу підвищення показників врожайності рослин, які вирощують в умовах пониженої доступності споживних речовин, бажано пониженої доступності азоту, де спосіб включає збільшення експресії у рослині: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує поліпептид Фактору Регулювання Росту (GRF); та (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує поліпептид транслокації синовіальної саркоми (SYT), де рослини мають підвищені показники врожайності у порівнянні з рослин з підвищеною експресією однієї з: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид; або (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид, які вирощували у відповідних умовах. Понижена доступність споживних речовин може бути результатом дефіциту або надлишку споживних речовин, якці серед інших включають такі як азот, фосфати та інші фосфоро-вмісні сполуки, калій, кальцій, кадмій, магній, марганець, залізо та бор. Бажано, пониженою доступністю споживних речовин є понижена доступність азоту.

Даний винахід включає рослини або частини рослин (включаючи насіння) або їх клітини, одержані за способами даного винаходу. Рослини або їх частини або клітини містять (i) ізольований трансген нуклеїнової кислоти, яка кодує поліпептид Фактору Регулювання Росту (GRF); та (ii) ізольований трансген нуклеїнової кислоти, яка кодує поліпептид транслокації синовіальної саркоми (SYT).

Як зазначалось вище, бажаним способом підвищення експресії: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид; та (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка

кодує SYT поліпептид, є введення та експресія у рослині: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид; та (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид. Тому, даний винахід стосується способу підвищення показники врожайності рослин, який включає введення та експресію у рослині: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид; та (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид, де рослини мають підвищені показники врожайності у порівнянні з рослин з підвищеною експресією однієї з: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид; або (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид.

Способи введення та експресії двох або кількох трансгенів (також називають стекінгом генів) у трансгенні рослини є добре відомими у галузі (дивитись, наприклад, огляд Halpin (2005) Plant Biotech J (3): 141-155. Gene stacking здійснюється шляхом повторювальних стадій, де два або кілька трансгени послідовно вводять у рослину шляхом схрещування рослини, яка містить один транс ген, з рослинами, які містять інші трансгени, або альтернативно, шляхом ре-трансформування (або супер трансформування) рослини, яка містить один трансгенними генами.

Даний винахід стосується способу збільшення показників врожайності рослин, де спосіб включає послідовне введення та експресію у рослині: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид; та (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид, де рослини мають підвищені показники врожайності у порівнянні з рослинами з підвищеною експресією однієї з: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид; або (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид.

Бажано, послідовності нуклеїнових кислот (i) та (ii) послідовно вводять та експресують шляхом схрещування. Схрещування здійснюють між батьківською рослиною жіночої статі, яка експресує ізольовану послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид, та батьківською рослиною чоловічої статі, яка містить введену та експресовану ізольовану послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, або реципрокно, та шляхом відбору потомства за наявністю та експресією обох трансгенів. Тому, даний винахід стосується способу підвищення показники врожайності рослин, шляхом схрещування батьківської рослини жіночої статі, яка містить введену та експресовану ізольовану послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид, та батьківською рослиною чоловічої статі, яка містить введену та експресовану ізольовану послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, або реципрокно, та шляхом відбору потомства за наявністю та експресією обох трансгенів., у даному документі вказані рослини мають підвищені показники врожайності у порівнянні з батьківськими рослинами, або будь-якими іншими контрольними рослинами як вказано у даному документі.

Альтернативно, послідовності нуклеїнових кислот (i) та (ii) послідовно вводять та експресують шляхом пере-трансформації. Пере-трансформацію здійснюють шляхом введення та експресії послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид, у рослині, частині рослини або рослинній клітині, яка містить введену та експресовану послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, або реципрокно, та шляхом відбору потомства за наявністю та експресією обох трансгенів. Тому, даний винахід стосується способу підвищення показники врожайності рослин, шляхом пере-трансформації, здійсненої шляхом введення та експресії послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид у рослині, частині рослини або рослинній клітині, яка містить введену та експресовану послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, або реципрокно, та шляхом відбору потомства за наявністю та експресією обох трансгенів, у даному документі вказані рослини мають підвищені показники врожайності у порівнянні з рослинами з підвищеною експресією однієї з: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид; або (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид, або будь-якої іншої контрольної рослини як вказано у даному документі.

Альтернативно, стекинг генів здійснюють шляхом багаторазової трансформації, або спів-трансформації, що є швидшим та застосовується у всіх технологіях трансформації, як описано у розділі "визначення термінів" у даному документі.

При здійсненні трансформації *Agrobacterium*, наприклад, трансгени (щонайменше два) можуть бути наявні у певній кількості конформацій, що відомо у галузі, деякі з яких наведені нижче:

(i) кодує послідовності нуклеїнової кислоти гібридизують для утворення одного поліпептиду під час трансляції, та поміщають під контроль єдиного промотора;

(ii) кодує послідовності нуклеїнової кислоти послідовно поміщають нижче єдиного промотора, відділеного сигнальними послідовностями нуклеїнової кислоти, які впливають на синтез мРНК (сайти входу внутрішньої рибосоми IRES, 2A переривчасті сигнали, тощо), або

синтез поліпептиду (полі протеїни, відділені сайтами субстрату протеази, тощо);

(iii) кодуючі послідовності нуклеїнової кислоти незалежно контролюються окремими промоторами, та комбінації промотор-кодуючі послідовності нуклеїнової кислоти розташовані в одній Т-ДНК;

5 (iv) кодуючі послідовності нуклеїнової кислоти незалежно контролюються окремими промоторами, та комбінації промотор-кодуючі послідовності нуклеїнової кислоти розташовані у різних Т-ДНК однієї плазмиди;

10 (v) кодуючі послідовності нуклеїнової кислоти незалежно контролюються окремими промоторами, та комбінації промотор-кодуюча послідовність розташовані у різних Т-ДНК різних плазмід одного або різних штамів *Agrobacterium*.

При здійсненні прямої генетичної трансформації, використовуючи системи фізичної або хімічної доставки (наприклад, бомбардування мікрочастинками, PEG, електропорація, ліпосома, скляні голки, тощо), трансгени (щонайменше два) також можуть бути наявні у певній кількості конформаций, проте по суті не повинні бути включеними у вектор, здатний до реплікації в агро бактеріях або вірусах, проміжних хазяїнів при генетичній трансформації. Два трансгени можуть входити в одну або кілька молекул нуклеїнової кислоти, проте одночасно використовуватись у процесі генетичної трансформації.

Даний винахід стосується способу збільшення показники врожайності рослин, який включає одночасне введення та експресію у рослині: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид; та (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид, де рослини мають підвищені показники врожайності у порівнянні з рослин з підвищеною експресією однієї з: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид; або (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид.

20 Послідовності нуклеїнових кислот (i) та (ii) одночасно введені та експресовані, входять до складу однієї або кількох молекул нуклеїнової кислоти. Тому, даного винаходу забезпечує підвищені показники врожайності рослин, де спосіб включає одночасне введення та експресію у рослині: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид; та (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид, включеної у одну або кілька молекул нуклеїнової кислоти, де рослини мають підвищені показники врожайності у порівнянні з рослин з підвищеною експресією однієї з: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид; або (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид.

30 Винахід стосується генетичних конструктів та векторів для полегшення введення та/або збільшення експресії у рослині послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептиди. Генні конструкти можуть бути включеними у комерційно наявні вектори, придатні для трансформації у рослини та для експресії бажаного гену у трансформованих клітинах. Винахід також стосується застосування генного конструкту як вказано у даному документі, у способах винаходу.

Зокрема, даний винахід стосується конструкту, який містить:

- 40 (a) послідовності нуклеїнових кислот, які кодують GRF поліпептид, як зазначено вище;
 (b) послідовності нуклеїнових кислот, які кодують SYT поліпептид, як зазначено вище;
 (c) одну або кілька контрольних послідовностей, здатних збільшувати експресію послідовності нуклеїнової кислоти (a) та (b); та необов'язково
 (d) послідовність термінації транскрипції.

45 Послідовності нуклеїнових кислот (a) та (b) можуть знаходитись у одній молекулі нуклеїнової кислоти, представленої SEQ ID NO: 267 або SEQ ID NO: 268, де молекули нуклеїнової кислоти кодують поліпептидну послідовність, представлену SEQ ID NO: 269 або SEQ ID NO: 270.

Термін "контрольна послідовність" та "послідовність термінації" є таким як вказано у даному документі. Бажано, є однією з контрольних послідовностей конструкту є конститутивний промотор. Прикладом конститутивного промотора є GOS2 промотор, бажано GOS2 промотор рису, більш бажано GOS2 промотор, представлений SEQ ID NO: 117.

50 У одному конструкті, єдину контрольна послідовність використовують для спрямування експресії обох послідовностей нуклеїнових кислот (a) та (b), які містяться у одній молекулі нуклеїнової кислоти, представленої SEQ ID NO: 267 або SEQ ID NO: 268, де молекула нуклеїнової кислоти кодує поліпептидну послідовність, представлену SEQ ID NO: 269 або SEQ ID NO: 270.

Даний винахід також стосується суміші конструктів придатної, наприклад, для одночасного введення та експресії у рослинах (a) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид, як зазначено вище; та (b) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид, як зазначено вище, у даному документі щонайменше один конструкт містить:

- 60 (a) послідовність нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид, як зазначено вище;

(b) одну або кілька контрольних послідовностей, здатних спрямовувати експресію послідовності нуклеїнової кислоти (а); та необов'язково

(c) послідовність термінації транскрипції,

та де щонайменше один інший конструкт містить:

5 (d) послідовність нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид, як зазначено вище;

(e) одну або кілька контрольних послідовностей, здатних спрямовувати експресію послідовності нуклеїнової кислоти (d); та необов'язково

(f) послідовність термінації транскрипції.

Бажано, одна з контрольних послідовностей конструкту є конститутивним промотером.

10 Прикладом конститутивного промотера є GOS2 промотер, бажано GOS2 промотер рису, більш бажано GOS2 промотер, представлений SEQ ID NO: 117.

Винахід також стосується застосування конструкту, який містить: (a) послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид, як зазначено вище; та (b) послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, як зазначено вище, суміші конструктів, яка

15 містить (a) та (b) як зазначено вище, у способі отримання рослин з підвищеними показниками врожайності у порівнянні з рослинами з підвищеною експресією однієї з: (a) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид, або (b) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид, де підвищеними показниками врожайності є одна з наступних: (i) підвищена рання сила; (ii) підвищена біомаса надземної частини рослини; (iii) підвищений загальний вихід насіння на рослину; (iv) підвищений показник наповнення насіння; (v) підвищена кількість (наповненого) насіння; (vi) підвищений індекс врожайності; або (vii) підвищена маса тисячі зерен (TKW).

Винахід також стосується рослин, частин рослин або рослинних клітин, трансформованих конструктом, який містить: (a) послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид, як зазначено вище; та (b) послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, як зазначено вище, або сумішшю конструктів, яка містить (a) та (b) як зазначено вище.

25 Рослини трансформують одним або кількома векторами, які містять будь-які вищеописані послідовності нуклеїнових. Фахівцям у галузі відомі генетичні елементи, які повинні бути наявними у одному векторі, для вдалої трансформації, відбору та розмноження клітин хазіяна, які містять бажану послідовність. Потрібна послідовність є операбельно зв'язаною з однією або кількома контрольними послідовностями (щонайменше з промотером).

Переважно, будь-який вид промотера, природний або синтетичний, можна використовувати для збільшення експресії послідовності нуклеїнової кислоти. Конститутивний промотер є особливо придатним у способах.

35 Інші органо-специфічні промотери, наприклад, з переважною експресією у листі, стеблі, бульбї, меристемі, насінні (ембріоні та/або ендоспермі), є придатними для застосування у способах винаходу. Визначення різноманітних видів промоторів наведено у розділі "визначення термінів".

Зрозуміло, що застосування даного винаходу не обмежено: (i) послідовністю нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид, представлену SEQ ID NO: 1, з експресією, спрямованою конститутивним промотером; або (ii) послідовністю нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид, представлену SEQ ID NO: 120, з експресією, спрямовану конститутивним промотером.

45 Необов'язково, у конструкті, введеному у рослину, можуть бути присутніми одна або кілька термінаторних послідовностей. Додаткові регуляторні елементи можуть включати енхансери як транскрипції так і трансляції. Фахівцям у галузі відомі термінатори та енхансери придатні для здійснення винаходу. Також можна включати інтрон до 5' не трансльованого регіону (UTR) або у кодуєчу послідовність для збільшення кількості зрілих сигналів, які накопичують у цитозолі, як описано у розділі "визначення термінів". Іншими контрольними послідовностями (окрім промотеру, енхансеру, сайленсеру, інтрону, 3'UTR та/або 5'UTR регіонів) можуть бути протеїн та/або РНК стабілізуючі елементи. Такі послідовності є відомими та їх легко отримують фахівці в галузі.

Генетичні конструкти винаходу можуть також включати ділянку для послідовності реплікації, яка потрібна для збереження та/або реплікації специфічного клітинного типу. Одним з прикладів є генетичний конструкт який потрібно зберегти у бактеріальній клітині як епісомальний генетичний елемент (наприклад, молекула плазміни або косміди). Бажані ділянки для реплікації включають, проте не обмежуються, f1-ori та colE1.

Для виявлення вдалого трансферу послідовності нуклеїнових кислот, здійсненого за способами винаходу, та/або відбору трансгенних рослин, які містять ці послідовності нуклеїнових кислот, бажано використовувати маркерні гени (або репортерні гени). Тому,

генетичний конструкт може необов'язково містити селективний маркерний ген. Селективні маркери більш детально описані у розділі "визначення термінів" у даному документі.

Відомо, що при стабільній або тимчасовій інтеграції послідовності нуклеїнових кислот у рослинні клітини, тільки менша частина клітин приймає чужорідну ДНК та, якщо бажано, інтегрує її у геном, в залежності від використаного вектору експресії та технології трансфекції. Для виявлення та відбору таких інтегрантів зазвичай у клітину хазяїна разом з бажаним геном вводять ген, який кодує селективний маркер (один з вищеописаних). Такі маркери використовують, наприклад, у мутантах, в яких ці гени є не функціональними, наприклад, внаслідок делеції, здійсненою звичайним способом. Більш того, молекули послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує селективний маркер, можна вводити у клітину хазяїна на тому ж векторі, який містить послідовність, яка кодує поліпептиди винаходу або використовується у способах винаходу, або також на окремому векторі. Клітини, стабільно трансфеговані введеною послідовністю нуклеїнової кислоти, можна ідентифікувати, наприклад, шляхом відбору (наприклад, клітини з інтегрованим селективним маркером виживають, у той час як інші клітини ні). Маркерні гени можна видалити або вирізати з транс генної клітини, якщо вони вже не потрібні. Технології видалення маркерних генів є відомими у галузі, придатні технології описані вище у розділі "визначення термінів".

Винахід також стосується способу отримання трансгенних рослин зі збільшеними характеристиками врожайності, який включає введення та експресію у рослині: (i) будь-якої послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид, як вказано у даному документі вище; та (ii) будь-яку послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, як вказано у даному документі вище, де рослини мають підвищені показники врожайності у порівнянні з рослинами з підвищеною експресією: (i) будь-якої послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид, як вказано у даному документі вище; або (ii) будь-яку послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, як вказано у даному документі вище.

Зокрема, даний винахід стосується способу отримання трансгенних рослин з підвищеними показниками врожайності у порівнянні з рослинами з підвищеною експресією однієї з: (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид, або (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид, який включає:

a. введення та експресію у рослині, частині рослини або рослинній клітині послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид, як зазначено вище, під контролем конститутивного промотера; та

b. введення та експресію у рослині, частині рослини або рослинній клітині послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид як зазначено вище, під контролем конститутивного промотера; та

c. культивування рослинної клітини, частини рослини або рослини в умовах, які стимулюють ріст та розвиток рослини.

Послідовність нуклеїнової кислоти (i) може бути будь-якою послідовністю нуклеїнової кислоти, здатної кодувати GRF поліпептид, як вказано у даному документі, та послідовністю нуклеїнової кислоти (ii) може бути будь-яка послідовність нуклеїнової кислоти, здатна кодувати SYT поліпептид, як вказано у даному документі.

Послідовність нуклеїнової кислоти можна вводити безпосередньо у рослинну клітину або у рослину (включаючи введення у тканину, орган або будь-яку іншу частину рослини). Згідно з переважним варіантом виконання винаходу, послідовність нуклеїнової кислоти бажано вводити у рослину шляхом трансформації. Термін "трансформація" більш детально описано у розділі "визначення термінів" у даному документі.

Генетично модифіковані рослинні клітини регенерують за відомими фахівцям способами. Придатні способи можна знайти у вищенаведених публікаціях S.D. Kung та R. Wu, Potrykus або Höfgen та Willmitzer.

Зазвичай після трансформації, рослинні клітини або клітинні угруповання відбирають за наявністю одного або кількох маркерів, які кодуються рослино-експресованими генами спів-трансформованими з бажаним геном, після чого трансформований матеріал регенерують у цілу рослину. Для відбору трансформованих рослин, рослинний матеріал, отриманий при трансформації, як правило, поміщають у селективні умови, таким чином що трансформовані рослини можна було відрізнити від нетрансформованих рослин. Наприклад, насіння, отримане вищенаведеним способом, саджають та після періоду початкового росту, піддають відбору шляхом обприскування. Наступна можливість полягає у вирощуванні насіння, у разі потреби після стерилізації, у планшетах з агаром, використовуючи придатний селективний агент, таким чином тільки трансформоване насіння виростає у рослини. Альтернативно, трансформовані рослини піддають скринінгу на наявність селективного маркеру, такого як описано вище.

Наступний трансфер ДНК та регенерація, ймовірно трансформованих рослин також можна підрахувати, наприклад, використовуючи аналіз Southern analysis, на наявність бажаного гену, кількості копій та/або геномної структури. Альтернативно або додатково, рівень експресії нововведеної ДНК визначають, використовуючи аналіз Northern та/або Western, обидві технології відомі фахівцям у галузі.

Трансформовані рослини розводять багатьма способами, такими як клонування або класичне розмноження. Наприклад, перше покоління (або T1) трансформованої рослини відділяють та відбирають гомозиготні трансформовані рослини другого покоління (або T2), та T2 рослини у подальшому вирощують за класичними способами. Генеровані трансформовані організми можуть приймати різну форму. Наприклад, вони можуть бути гібридами трансформованих клітин та нетрансформованих клітин, клонованими трансформантами (наприклад, всі трансформовані клітини містять експресійну касету); щеплення трансформованих та нетрансформованих тканин (наприклад, у рослинах, трансформоване кореневище прищеплюють на нетрансформований пагін).

Даний винахід стосується будь-якої рослинної клітини або рослини, отриманої за способами описаними у даному документі, та до всіх частин рослин та їх потомства. Даний винахід також стосується потомства первинно трансформованих або трансфектованих клітин, тканин, органів або цілої рослини, отриманих за будь-яким вищенаведеним способом, з умовою, що потомство проявляє однакові характеристики генотипу та/або фенотипу з батьківськими рослинами, використаними у способах винаходу.

Винахід також стосується клітини хазяїна, яка містить (i) ізольовану послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид, як вказано у даному документі вище, операбельно зв'язаний з конститутивним промотером; та (ii) ізольовану послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, як вказано у даному документі вище, операбельно зв'язаний з конститутивним промотером. Бажаними клітинами хазяїна винаходу є рослинні клітини. Рослинами хазяїнами послідовності нуклеїнових кислот або вектору, використаному у винаході, експресійної касети або конструкту, або вектору, у принципі, є переважно всі рослини, здатні синтезувати поліпептиди, використані у способі винаходу.

Способи винаходу переважно застосовують до будь-яких рослин. Рослини, особливо придатні у способах винаходу, включають всі рослини, які належать до суперродини Viridiplantae, зокрема до однодольних та дводольних рослин, включаючи кормові або фуражні бобові, декоративні рослини, харчові культурні рослини, дерева та кущі. Згідно з переважним варіантом здійснення, рослинами є культурні рослини. Приклади культурних рослин включають сою, соняшник, канолу, люцерну, рапс, бавовну, томати, картоплю та тютюн. Більш бажано, рослиною є однодольна рослина. Приклади однодольних рослин включають цукрову тростину. Ще більш бажано рослиною є зернові. Приклади зернових включають рис, кукурудза, пшеницю, ячмінь, просо, ріж, тритикале, сорго та овес.

Винахід також стосується врожайних рослин рослин, які включають: (i) ізольовану послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF (як вказано у даному документі вище); та (ii) ізольовану послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT (як вказано у даному документі вище), таких як, проте не обмежується насінням, листям, плодами, квітами, стеблом, кореневищем, бульбами та цибулинами. Винахід також стосується продуктів, які отримують, бажано на пряму отримують, з врожайних частин рослин, таких як сухі шарики або порошки, олія, жир та жирні кислоти, крохмаль або протеїни.

Способи збільшення експресії послідовності нуклеїнових кислот або генів, або генних продуктів, є добре відомими у галузі та їх приклади наведені у розділі "визначення термінів".

Як вказано вище, бажаним способом збільшення експресії (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид; та (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид, є введення та експресія у рослині (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид; та (ii) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид; однак результат здійснення способу, тобто, збільшення показників врожайності, також можна досягти, використовуючи інші відомі технології, які включають, проте не обмежуються міченням активації т-ДНК, TILLING, гомологічною рекомбінацією. Опис цих технологій наведено у розділі "визначення термінів".

Даний винахід також стосується застосування (i) послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептиди, як описано у даному документі; та послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептиди, як описано у даному документі, та застосування цих GRF поліпептидів та SYT поліпептидів для збільшення будь-якої з вищезгаданих показників врожайності у рослинах, при нормальних умовах росту, в умовах абіотичного стресу (бажано осмотичного стресу), та в умовах пониженої доступності споживних речовин, бажано в умовах

пониженої доступності азоту.

Послідовності нуклеїнових кислот, які кодують GRF поліпептиди та SYT поліпептиди, описані у даному документі, або самі поліпептиди, застосовують у програмах розмноження, де маркер ДНК може бути генетично зв'язаним з поліпептид-кодуючим геном. Гени/ послідовності нуклеїнових кислот або GRF поліпептиди та SYT поліпептиди самі по собі застосовують для визначення генетичного маркеру. Цей маркер ДНК або протеїну потім використовують у програмах розмноження для відбору рослин з підвищеними показниками врожайності, як вказано у даному документі вище, у способах винаходу.

Алельні варіанти гену/послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид, та SYT поліпептиду також застосовують у програмах маркер-опосередкованого розмноження. Такі програми розмноження деколи потребують введення альельного варіанту шляхом мутагенної обробки рослин, використовуючи, наприклад, EMS мутагенез; альтернативно, програму можна починати зі збору алельних варіантів так званих "природних" випадкових ділянок. Ідентифікацію алельних варіантів здійснюють, наприклад, шляхом ПЛР. Після цього здійснюють стадію відбору старших алельних варіантів послідовності, що надає підвищені показники врожайності. Відбір зазвичай здійснюють шляхом моніторингу росту рослин, які містять різні алельні варіанти бажаної послідовності. Моніторинг росту здійснюють у теплиці або на полі. Наступні необов'язкові стадії включають схрещування рослин, у яких виявили головний алельний варіант, з іншою рослиною. Це здійснюють, наприклад, для отримання комбінації бажаних фенотипових характеристик.

Послідовності нуклеїнових кислот, які кодують GRF поліпептиди та SYT поліпептиди, також застосовують як зонди для генетичного або фізичного картування генів, частиною яких вони є, та як маркерів для створення зв'язків з цими генами. Така інформація є потрібною для вирощування рослин з метою створення ліній з бажаними фенотипами. Таке застосування послідовностей нуклеїнових кислот, які кодують GRF поліпептид та/або SYT поліпептид, потребує тільки послідовності нуклеїнової кислоти довжиною щонайменше 15 нуклеотидів. Послідовності нуклеїнових кислот, які кодують GRF поліпептид та/або SYT поліпептид, застосовують як маркери поліморфізму довжин рестрикційних фрагментів (RFLP). Саузерн блотінг (Sambrook J, Fritsch EF and Maniatis T (1989) *Molecular Cloning, A Laboratory Manual*) оброблена рестрикціями рослинна геномна ДНК може бути зондована послідовністю нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид. Отримані моделі бендінга потім піддають генетичним аналізам, використовуючи комп'ютерні програми, такі як MapMaker (Lander et al. (1987) *Genomics* 1: 174-181) з метою створення генетичної карти. Окрім цього, послідовності нуклеїнових кислот застосовують для зондування Саузерн блотінг, яка містить геномні ДНК, розрізані ендонуклеазою, набору індивідуумів, які представляють собою батьківську та потомства визначеного генетичного схрещування. Записують ізоляцію поліморфізмів ДНК та використовують для розрахунку положення послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує специфічний поліпептид на генетичній карті, яку отримали використовуючи цю популяцію (Botstein et al. (1980) *Am. J. Hum. Genet.* 32: 314-331).

Отримання та застосування зондів рослинних генів для генетичного картування описано Bernatzky та Tanksley (1986) *Plant Mol. Biol. Reporter* 4: 37-41. Багаточисельні публікації описують генетичне картування специфічних клонів кДНК, використовуючи вищевказану методологію або її варіації. Наприклад, для картування застосовують F2 популяції взаємосхрещення, популяції зворотнього схрещування, популяції, отримані рандомічним спарюванням, біляізогенні лінії та інші групи індивідуумів. Такі методології є добре відомими фахівцям у галузі.

Зонди послідовності нуклеїнової кислоти також застосовують для фізичного картування (тобто, розміщення послідовностей на фізичних картах; дивитись Hoheisel et al. In: *Non-mammalian Genomic Analysis: A Practical Guide*, Academic press 1996, pp. 319-346, та посилання зазначені у даному документі).

У іншому варіанті здійснення, зонди послідовності нуклеїнової кислоти використовують для прямої флуоресценції *in situ* гібридизації (FISH) картування (Trask (1991) *Trends Genet.* 7:149-154). Хоча наявні способи FISH картування переважно використовують великі клони (від декількох kb до декількох сотен kb; дивитись Laan et al. (1995) *Genome Res.* 5:13-20), покращення чутливості може дозволити здійснення FISH картування з використанням більш коротких зондів.

Різноманіття способів на основі ампліфікації послідовностей нуклеїнової кислоти для генетичного та фізичного картування здійснюють, використовуючи послідовності нуклеїнових кислот. Приклади включають алель-специфічну ампліфікацію (Kazazian (1989) *J. Lab. Clin. Med* 11:95-96), поліморфізм ПЛР-ампліфікованих фрагментів (CAPS; Sheffield et al. (1993) *Genomics*

16:325-332), алель-специфічне лігування (Landegren et al. (1988) Science 241:1077-1080), реакції подовження нуклеотидів (Sokolov (1990) Nucleic acid sequence Res. 18:3671), картування опромінених гібридів (Walter et al. (1997) Nat. Genet. 7:22-28) та Happy Mapping (Dear and Cook (1989) Nucleic acid sequence Res. 17:6795-6807). Для цих способів, послідовність нуклеїнової

5 кислоти використовують для розробки та отримання пар праймерів для застосування у реакції ампліфікації або у реакції подовження праймерів. Розробка таких праймерів є добре відомою фахівцям у галузі. У способах, які застосовують генетичне картування на основі ПЛР, потрібно ідентифікувати різниці у послідовності ДНК між батьківськими рослинами що схрещували, у ділянці, яка відповідає послідовності нуклеїнової кислоти. Ця дія, однак, зазвичай не є

10 необхідною для способів картування.

Способи даного винаходу приводять до отримання рослин з підвищеними показниками врожайності, як описано у даному документі вище. Ці способи також можна комбінувати з іншими економічно переважними способами, такими як подальше збільшення врожайності, толерантність до абіотичного та біотичного стресу, толерантність до гербіцидів, інсектицидів,

15 способи модифікації різноманітних зовнішніх характеристик та/або біохімічних та/або фізіологічних характеристик.

Опис фігур

Даний винахід у цьому розділі описують за допомогою посилань на наступні фігури, де:

Фіг. 1 представляє малюнок GRF поліпептиду, представленого SEQ ID NO: 2, який містить

20 наступні компоненти: (i) QLQ домен з InterPro повтором IPR014978 (PFAM повтор PF08880); (ii) WRC домен з InterPro повтором IPR014977 (PFAM повтор PF08879); та (iii) домен ефектору транскрипції (ET), який містить три Cys та один His залишки у консервативній ділянці (CX₉CX₁₀CX₂H), розташований всередині WRC домену.

Фіг. 2 показує багаточисельне вирівнювання послідовності AlignX (з вектору NTI 10,3, Invitrogen Corporation) QLQ домену GRF поліпептидів з Таблиці A.1 (представлених SEQ ID NO: 115 для SEQ ID NO: 2). Консервативні QLQ амінокислотні залишки розташовані на верхньому

25 кінці багаточисельного вирівнювання (у дужках на чорному фоні) є E (Glu) та P (Pro).

Фіг. 3 показує багаточисельне вирівнювання послідовності AlignX (з вектору NTI 10,3, Invitrogen Corporation) WRC домену GRF поліпептидів з Таблиці A.1 (представлених SEQ ID NO: 116 для SEQ ID NO: 2). Консервативні WRC амінокислотні залишки знаходяться в дужках у консенсусній послідовності. Три Cys та один His залишки у консервативній ділянці (CX₉CX₁₀CX₂H), позначені як домен ефектору транскрипції (ET), в дужках вертикально повздовж

30 вирівнювання, та також визначені внизу вирівнювання. Передбачуваний сигнал ядерної локалізації (NLS), який входить в WRC домен, підкреслено подвійною рисою.

Фіг. 4 показує типову структуру домену SYT поліпептидів рослин та тварин. Консервативний SNH домен розташований на N-кінці поліпептиду. C-термінальний залишок поліпептиду складається з QG-збагаченого домену у рослинних SYT поліпептидів, та з QPGY-збагаченого домену у тваринних SYT поліпептидів. Met-збагачений домен зазвичай входить в першу

35 половину QG-збагаченого (з N-кінця до C-кінця) у рослин або QPGY-збагаченого домену у тварин. Другий Met-збагачений домен знаходиться перед SNH доменом в рослинних SYT поліпептидах.

Фіг. 5 багаточисельне вирівнювання N-кінця кількох SYT поліпептидів, використовуючи програму багато чисельного вирівнювання VNTI AlignX, на основі модифікованого алгоритму ClustalW (InforMax, Bethesda, MD, <http://www.informaxinc.com>), з похибкою для штрафу за

45 відкриття гепу 10 та подовженням гепу 0,05). SNH домен знаходиться з дужках повздовж рослинних та людських SYT поліпептидів. Остання лінія у вирівнюванні складається з консенсусної послідовності, отриманої з вирівняних послідовностей.

Фіг. 6 показує багаточисельне вирівнювання декількох рослинних SYT поліпептидів, використовуючи програму багато чисельного вирівнювання VNTI на основі модифікованого

50 алгоритму AlignX ClustalW (InforMax, Bethesda, MD, <http://www.informaxinc.com>), with default settings для штрафу за відкриття гепу 10 та подовженням гепу 0,05). Два головні домени, від N-кінця до C-кінця, знаходяться у дужках та позначені як SNH домен та Met-збагачений/QG-збагачений домен. Окрім цього, N-кінець Met-збагаченого домену також знаходиться в дужках, та положення SEQ ID NO: 90 та SEQ ID NO 91 підкреслені у дужках.

Фіг. 7 зліва показує волоть рису (*Oryza sativa* ssp. *Japonica* cv. *Nipponbare*), трансформовану контрольним вектором, та справа волоть рису (*Oryza sativa* ssp. *Japonica* cv. *Nipponbare*), трансформовану двома конструктами: (1) послідовністю нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид під контролем GOS2 промотера (pGOS2) рису; та (2) послідовністю нуклеїнових

55 кислот, яка кодує SYT поліпептид під контролем GOS2 промотера (pGOS2) рису;

Фіг. 8 показує в першому ряду, зліва направо, 30 зріле насіння рису (*Oryza sativa* ssp.

60

Japonica cv. Nipponbare):

а. рослин, трансформованих одним конструктом, який містить послідовності нуклеїнових кислот, які кодують SYT поліпептид під контролем GOS2 промотера (pGOS2) рису;

5 б. рослин, трансформованих двома конструктами: (1) послідовністю нуклеїнових кислот, яка кодує а GRF поліпептид під контролем GOS2 промотера (pGOS2) рису; та (2) послідовністю нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид під контролем GOS2 промотера (pGOS2) рису;

с. рослин, трансформованих одним конструктом, який містить послідовності нуклеїнових кислот, які кодують GRF поліпептид під контролем GOS2 промотера (pGOS2) рису;

10 д. нульові зиготи (контрольні рослини) з а;

е. нульові зиготи (контрольні рослини) з с;

Фіг. 9 показує бінарний вектор для збільшення експресії у *Oryza sativa* послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид під контролем GOS2 промотера (pGOS2) рису, або альтернативно для збільшення експресії у *Oryza sativa* послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид під контролем GOS2 промотера (pGOS2) рису.

15 Фіг. 10 показує детальні приклади послідовностей, придатних для здійснення способів даного винаходу.

Приклади

Даний винахід у даному розділі описують наступними прикладами, які наведені тільки з метою ілюстрації. Наступні приклади не обмежують рамки винаходу.

20 ДНК маніпуляція: доки не вказано протилежне, технології рекомбінації ДНК здійснювали згідно з стандартними протоколами, описаними у (Sambrook (2001) *Molecular Cloning: a laboratory manual*, 3rd Edition Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, New York) або у Volumes 1 and 2 of Ausubel et al. (1994), *Current Protocols in Molecular Biology*, Current Protocols. Стандартні матеріали та способи для молекулярної роботи з рослинами описані у Plant Molecular Biology Labfax (1993) by R.D.D. Crox, опубліковано у BIOS Scientific Publications Ltd (UK) and Blackwell Scientific Publications (UK).

Приклад 1: Ідентифікація послідовностей по відношенню до послідовності нуклеїнової кислоти, використаної у способах винаходу.

30 Послідовності (непроцесована кДНК, EST або геномна) по відношенню до послідовності нуклеїнової кислоти, використаної у способах винаходу, ідентифікували серед тих, що знаходяться у базі даних Entrez Nucleotides у національному центрі біотехнологічної інформації (NCBI), інструменти пошуку послідовностей у базі даних, такі як Basic Local Alignment Tool (BLAST) (Altschul et al. (1990) *J. Mol. Biol.* 215:403-410; and Altschul et al. (1997) *Nucleic Acids Res.* 25:3389-3402). Для знаходження ділянок локальної схожості між послідовностями використовують програму порівняння послідовностей нуклеїнових кислот або поліпептидних послідовностей з послідовностями бази даних та шляхом розрахунку статистичного значення сумісності. Наприклад, поліпептид, який кодується послідовністю нуклеїнової кислоти даного винаходу, використовували для алгоритму TBLASTN, параметрами по замовчуванню та фільтром для ігнорування послідовностей з низькою складністю. Результати аналізів оцінювали за допомогою попарного порівняння та розташовували в ряд згідно з ймовірним значенням (Е-значення), де значення відображає можливість, що певне вирівнювання може з'явитись випадково (чим нижче Е-значення, тим значніший пік). Окрім Е-значень, порівняння також розраховували у процентах. Процентне значення стосується кількості ідентичних нуклеотидів (або амінокислот) між двома порівнювальними послідовностями нуклеїнової кислоти (або поліпептидними) послідовностями певної довжини. У деяких випадках, параметри похибки встановлюють з метою модифікування жорсткості умов. Наприклад, Е-значення можна збільшити для показання менш жорстких значень. Таким чином, можна ідентифікувати короткі чіткі пари.

50 Таблиця А.1 наводить перелік послідовностей нуклеїнових кислот, які кодують GRF поліпептиди, придатних для застосування у способах даного винаходу. Таблиця А.2 наводить список послідовностей нуклеїнових кислот, які кодують SYT поліпептиди, придатні для застосування у способах даного винаходу.

Таблиця А.1:

Приклади GRF поліпептидних послідовностей та кодуєчих послідовностей нуклеїнових кислот:

Назва	Організм джерело	Нуклеїнова кислота SEQ ID NO:	Поліпептид SEQ ID NO:	База даних повторів
Arath_GRF_At3G13960,1	Arabidopsis thaliana	1	2	AT3G13960,1
Arath_GRF_At2G06200,1	Arabidopsis thaliana	3	4	At2G06200,1
Arath_GRF_At2G22840,1	Arabidopsis thaliana	5	6	At2G22840,1
Arath_GRF_At2G36400,1	Arabidopsis thaliana	7	8	At2G36400,1
Arath_GRF_At2G45480,1	Arabidopsis thaliana	9	10	At2G45480,1
Arath_GRF_At3G52910,1	Arabidopsis thaliana	11	12	At3G52910,1
Arath_GRF_At4G24150,1	Arabidopsis thaliana	13	14	At4G24150,1
Arath_GRF_At4G37740,1	Arabidopsis thaliana	15	16	At4G37740,1
Arath_GRF_At5G53660,1	Arabidopsis thaliana	17	18	At5G53660,1
Aqufo_GRF	Aquilegia formosa x Aquilegia pubescens	19	20	DT756681,1 DR946716,1
Brana_GRF	Brassica napus	21	22	CN730217,1 ES922527
Horvu_GRF	Hordeum vulgare	23	24	AK250947,1
Lyces_GRF	Lycopersicon esculentum	25	26	BT013977,1
Medtr_GRF	Medicago truncatula	27	28	AC144645,17
Medtr_GRF like	Medicago truncatula	29	30	AC174350,4
Orysa_GRF_Os02g47280,2	Oryza sativa	31	32	Os02g47280,2
Orysa_GRF_Os02g53690,1	Oryza sativa	33	34	Os02g53690,1
Orysa_GRF_Os03g51970,1	Oryza sativa	35	36	Os03g51970,1
Orysa_GRF_Os04g48510,1	Oryza sativa	37	38	Os04g48510,1
Orysa_GRF_Os04g51190,1	Oryza sativa	39	40	Os04g51190,1
Orysa_GRF_Os06g02560,1	Oryza sativa	41	42	Os06g02560,1
Orysa_GRF_Os11g35030,1	Oryza sativa	43	44	Os11g35030,1
Orysa_GRF_Os12g29980,1	Oryza sativa	45	46	Os12g29980,1
Orysa_GRF_Os03g47140,1	Oryza sativa	47	48	Os03g47140,1
Orysa_GRF_gi_115447910_ref_NM_001054270,1	Oryza sativa	49	50	NM_001054270,1
Orysa_GRF_gi_115460325_ref_NM_001060298,1	Oryza sativa	51	52	NM_001060298,1
Orysa_GRF_gi_115471984_ref_NM_001066126,1	Oryza sativa	53	54	NM_001066126,1
Poptr_GRF_lcl_scaff_XIV.39	Populus tremuloides	55	56	lcl_scaff_XIV.39
Poptr_GRF_lcl_scaff_II.1070	Populus tremuloides	57	58	lcl_scaff_II.1070
Poptr_GRF_lcl_scaff_I.1018	Populus tremuloides	59	60	lcl_scaff_I.1018
Poptr_GRF_lcl_scaff_28,10	Populus tremuloides	61	62	lcl_scaff_28,10
Poptr_GRF_lcl_scaff_I.995	Populus tremuloides	63	64	lcl_scaff_I.995
Poptr_GRF_lcl_scaff_III.741	Populus tremuloides	65	66	lcl_scaff_III.741

Poptr_GRF_lcl_scaff_VII.1274	Populus tremuloides	67	68	lcl_scaff_VII.1274
Poptr_GRF_lcl_scaff_XII.277	Populus tremuloides	69	70	lcl_scaff_XII.277
Poptr_GRF_lcl_scaff_XIII.769	Populus tremuloides	71	72	lcl_scaff_XIII.769
Poptr_GRF_lcl_scaff_XIV.174	Populus tremuloides	73	74	lcl_scaff_XIV.174
Poptr_GRF_lcl_scaff_XIV.51	Populus tremuloides	75	76	lcl_scaff_XIV.51
Poptr_GRF_lcl_scaff_XIX.480	Populus tremuloides	77	78	lcl_scaff_XIX.480
Poptr_GRF_lcl_scaff_28,309	Populus tremuloides	79	80	lcl_scaff_28,309
Poptr_GRF_lcl_scaff_I.688	Populus tremuloides	81	82	lcl_scaff_I.688
Sacof_GRF	Saccharum officinarum	83	84	CA084837,1 CA238919,1 CA122516,1
Vitvi_GRF	Vitis vinifera	85	86	AM468035
Zeama_GRF10_gi_146008494_gb_EF515849,1	Zea mays	87	88	EF515849,1
Zeama_GRF11_gi_146008515_gb_EF515850,1	Zea mays	89	90	EF515850,1
Zeama_GRF12_gi_146008534_gb_EF515851,1	Zea mays	91	92	EF515851,1
Zeama_GRF13_gi_146008539_gb_EF515852,1	Zea mays	93	94	EF515852,1
Zeama_GRF14_gi_146008560_gb_EF515853,1	Zea mays	95	96	EF515853,1
Zeama_GRF1_gi_146008330_gb_EF515840,1	Zea mays	97	98	EF515840,1
Zeama_GRF2_gi_146008352_gb_EF515841,1	Zea mays	99	100	EF515841,1
Zeama_GRF3_gi_146008368_gb_EF515842,1	Zea mays	101	102	EF515842,1
Zeama_GRF4_gi_146008393_gb_EF515843,1	Zea mays	103	104	EF515843,1
Zeama_GRF5_gi_146008412_gb_EF515844,1	Zea mays	105	106	EF515844,1
Zeama_GRF6_gi_146008429_gb_EF515845,1	Zea mays	107	108	EF515845,1
Zeama_GRF7_gi_146008440_gb_EF515846,1	Zea mays	109	110	EF515846,1
Zeama_GRF8_gi_146008461_gb_EF515847,1	Zea mays	111	112	EF515847,1
Zeama_GRF9_gi_146008475_gb_EF515848,1	Zea mays	113	114	EF515848,1

Таблиця А.2:

Приклади SYT поліпептидних послідовностей та кодуєчих послідовностей нуклеїнових кислот:

Назва	Організм джерело	Послідов-ність нуклеїнової кислоти SEQ ID NO	Трансльована поліпептидна послідовність SEQ ID NO	База даних повторів
Arath_SYT1	Arabidopsis thaliana	120	121	AY102639,1
Arath_SYT2	Arabidopsis thaliana	122	123	AY102640,1
Arath_SYT3	Arabidopsis thaliana	124	125	AY102641,1
Allce_SYT2	Allium cepa	126	127	CF437485
Aqufo_SYT1	Aquilegia formosa Aquilegia pubescens	x 128	129	DT758802,1
Aqufo_SYT2	Aquilegia formosa Aquilegia pubescens	x 130	131	TA15831_338618 T25K16,15
Aspof_SYT1	Aspergillus officinalis	132	133	CV287542
Betvu_SYT2	Beta vulgaris	134	135	BQ594749,1 BQ594658,1

Bradi_SYT3	Brachypodium distachyon	136	137	DV480064,1
Brana_SYT1	Brassica napus	138	139	CD823592
Brana_SYT2	Brassica napa	140	141	CN732814
Chlre_SYT	Chlamydomonas reinhardtii	142	143	BQ814858, jgi_Chltre3_194013_estExt_fgenes2_pg.C_510025
Citsi_SYT1	Citrus sinensis	144	145	CB290588
Citsi_SYT2	Citrus sinensis	146	147	CV717501
Cryja_SYT1	Cryptomeria japonica	148	149	TA3001_3369_2
Curlo_SYT2	Curcuma longa	150	151	TA2676_136217
Eupes_SYT2	Euphorbia esula	152	153	DV144834
Frave_SYT2	Fragaria vesca	154	155	DY668312
Glyma_SYT1,1	Glycine max	156	157	TA55102_3847
Glyma_SYT1,2	Glycine max	158	159	TA51451_3847
Glyma_SYT2,1	Glycine max	160	161	BQ612648
Glyma_SYT2,2	Glycine max	162	163	TA48452_3847
Glyso_SYT2	Glycine soya	164	165	CA799921
Gosar_SYT1	Gossypium arboreum	166	167	BM359324
Goshi_SYT1	Gossypium hirsutum	168	169	DT558852
Goshi_SYT2	Gossypium hirsutum	170	171	DT563805
Helan_SYT1	Helianthus annuus	172	173	TA12738_4232
Horvu_SYT2	Hordeum vulgare	174	175	CA032350
Lacse_SYT2	Lactuca serriola	176	177	DW110765
Lycles_SYT1	Lycopersicon esculentum	178	179	AW934450,1 BP893155,1
Maldo_SYT2	Malus domestica	180	181	CV084230 DR997566
Medtr_SYT1	Medicago trunculata	182	183	CA858507,1
Medtr_SYT2	Medicago trunculata	184	185	CA858743 BI310799,1 AL382135,1
Orysa_SYT1	Oryza sativa	186	187	AK058575
Orysa_SYT2	Oryza sativa	188	189	AK105366
Orysa_SYT3	Oryza sativa	190	191	BP185008
Panvi_SYT3	Panicum virgatum	192	193	DN152517
Phypa_SYT1,1	Physcomitrella patens	194	195	TA28566_3218
Phypa_SYT1,2	Physcomitrella patens	196	197	TA21282_3218
Phypa_SYT1,3	Physcomitrella patens	198	199	TA20922_3218
Phypa_SYT1,4	Physcomitrella patens	200	201	TA29452_3218
Picsi_SYT1	Picea sitchensis	202	203	DR484100 DR478464,1
Pinta_SYT1	Pinus taeda	204	205	DT625916
Poptr_SYT1	Populus trichocarpa	206	207	DT476906
Poptr_SYT2	Populus trichocarpa	208	209	scaff_XIV.493
Poptr_SYT1,2	Populus trichocarpa	210	211	CV257942,1
Prupe_SYT2	Prunus persica	212	213	DT454880,1 DT455286,1

Sacof_SYT1	Saccharum officinarum	214	215	CA078249,1 CA078630 CA082679 CA234526 CA239244 CA083312
Sacof_SYT2	Saccharum officinarum	216	217	CA110367
Sacof_SYT3	Saccharum officinarum	218	219	CA161933,1 CA265085
Soltu_SYT1,1	Solanum tuberosum	220	221	CK265597
Soltu_SYT1,2	Solanum tuberosum	222	223	BG590990
Soltu_SYT3	Solanum tuberosum	224	225	CK272804
Sorbi_SYT1	Sorghum bicolor	226	227	TA40712_4558
Sorbi_SYT2	Sorghum bicolor	228	229	CF482417 CW376917
Sorbi_SYT3	Sorghum bicolor	230	231	CX611128
Taxof_SYT2	Taraxacum officinale	232	233	TA1299_50225
Taxof_SYT3	Taraxacum officinale	234	235	TA5000_50225
Triae_SYT1	Triticum aestivum	236	237	TA105893_4565
Triae_SYT2	Triticum aestivum	238	239	CD901951
Triae_SYT3	Triticum aestivum	240	241	BJ246754 BJ252709
Vitvi_SYT1,1	Vitis vinifera	242	243	DV219834
Vitvi_SYT1,2	Vitis vinifera	244	245	EE108079
Vitvi_SYT2,1	Vitis vinifera	246	247	EC939550
Vitvi_SYT2,2	Vitis vinifera	248	249	EE094148,1 EC964169,1
Volca_SYT	Volvox carteri	250	251	JGI_CBHO11121,fwdJGI_CBHO11121,rev
Welmi_SYT	Welwitschia mirabilis	252	253	DT598761
Zeama_SYT1	Zea mays	254	255	BG874129,1 CA409022,1
Zeama_SYT2	Zea mays	256	257	AY106697
Zeama_SYT3	Zea mays	258	259	CO468901
Homsa_SYT	Homo sapiens	260	261	CR542103

З одного боку, пов'язані послідовності були завчасно зібрані та опубліковані дослідницьким інститутом, таким як The Institute for Genomic Research (TIGR). База даних ортологів еукаріотичних генів (EGO) використовується для визначення таких пов'язаних послідовностей, або шляхом пошуку ключового слова, або шляхом використання алгоритму BLAST з бажаною послідовністю нуклеїнової кислоти або поліпептидною послідовністю. З іншого боку, були створені спеціальні бази даних послідовностей нуклеїнових кислот для певних організмів, такі як створені інститутом Joint Genome Institute, наприклад, для тополію та *Ostreococcus tauri*.

Приклад 2: Вирівнювання поліпептидних послідовностей, придатних для здійснення способів винаходу.

Вирівнювання GRF поліпептидних послідовностей

Множинне вирівнювання послідовності всіх GRF поліпептидних послідовностей у Таблиці A.1 здійснювали, використовуючи алгоритм AlignX (з вектору NTI 10,3, Invitrogen Corporation). Результати вирівнювання для QLQ домену GRF поліпептидів Таблиці A.1 (представленого SEQ ID NO: 115 для SEQ ID NO: 2) показані на Фіг. 2 даної заявки. Консервативні QLQ амінокислотні залишки розташовані на вершині множинного вирівнювання. Два інші дуже консервативні залишки (у дужках на чорному) є E (Glu) та P (Pro). Результати вирівнювання WRC домену GRF поліпептидів Таблиці A.1 (представленого SEQ ID NO: 116 для SEQ ID NO: 2) показані на Фіг. 3 даної заявки. Консервативні WRC амінокислотні залишки показані у дужках у консенсусній послідовності. Домен ефектору транскрипції (ET), який містить три Cys та один His залишки у консервативній ділянці (CX₉CX₁₀CX₂H), знаходиться у нижній частині послідовності.

Вирівнювання SYT поліпептидних послідовностей

Множинне вирівнювання послідовності всіх SYT поліпептидних послідовностей Таблиці A.2

здійснювали, використовуючи алгоритм AlignX (на основі модифікованого ClustalW алгоритму; з вектору NTI 10,3, Invitrogen Corporation) з похибкою параметрів для штрафу за відкриття гепу 10 та штрафу за подовження гепу 0,05), та показано на Фіг. 6. Два головних домени, з N-кінця до С-кінця, знаходяться в дужках та визначені як SNH домен та Met-збагачений/QG-збагачений домени. Окрім цього, N-термінальний Met-збагачений домен також знаходиться у дужках.

Результати вирівнювання для SNH домену SYT поліпептидів Таблиці A.2 (представлених SEQ ID NO: 115 для SEQ ID NO: 2) показані на Фіг. 5 даної заявки. Найбільш консервативні амінокислотні залишки всередині SNH домену, представлені SEQ ID NO: 263, в дужках на чорному фоні.

Приклад 3: Розрахунок загальної процентної ідентичності між поліпептидними послідовностями, придатними для застосування у способах винаходу

Загальне процентне співвідношення подібності та ідентичності між непроцесованими поліпептидними послідовностями, придатними для здійснення способів винаходу, визначали використовуючи один з відомих у галузі способів, MatGAT (Matrix Global Alignment Tool) програмне забезпечення (BMC Bioinformatics. 2003 4:29, MatGAT: програма, що утворює матриці подібності/ідентичності, використовуючи білкові або ДНК послідовності. Campanella JJ, Bitincka L, Smalley J; програмне забезпечення власність Ledion Bitincka). MatGAT програмне забезпечення утворює матриці подібності/ідентичності для ДНК або білкових послідовностей, які не потребують попереднього вирівнювання даних. Програма здійснює серії попарних вирівнювань, використовуючи алгоритм загального вирівнювання Маєрса та Міллера (штраф за відкриття гепу 12, та штраф за подовження гепу 2), розраховує подібність та ідентичність, використовуючи, наприклад, Blosum 62 (для поліпептидів), та потім результати поміщають у матрицю довжини. Подібність послідовностей показана на нижній частині розділювальної лінії та ідентичність послідовностей показана на верхній частині діагоналі.

При порівнянні використовували наступні параметри:

Матриця заміни: Blosum62

Перший геп: 12

Подовжений геп: 2

Результати комп'ютерних аналізів показані на Таблиці B.1 для загальної подібності та ідентичності повздовж всієї довжини GRF поліпептидних послідовностей (за виключенням часткових поліпептидних послідовностей), та на Таблиці B.2 для загальної подібності та ідентичності повздовж всієї довжини SYT поліпептидних послідовностей.

Процентна ідентичність між непроцесованими GRF поліпептидними послідовностями, придатними для здійснення способів винаходу, дорівнює не менше 15 % амінокислотної ідентичності у порівнянні з SEQ ID NO: 2.

Процент ідентичності можна значно підвищити, якщо розрахунок ідентичності здійснюють між QLQ доменом SEQ ID NO: 2 (представленим SEQ ID NO: 115 включеної у SEQ ID NO: 2; QLQ доменом GRF поліпептидів Таблиці A.1 представленої на Фіг. 2) та QLQ доменами поліпептидів, придатних для здійснення винаходу. Також, процент ідентичності можна значно підвищити, якщо розрахунок ідентичності здійснюють між WRC доменом SEQ ID NO: 2 (представленим SEQ ID NO: 116 включеним у SEQ ID NO: 2; WRC доменом GRF поліпептидів Таблиці A.1, представленої на Фіг. 3) та WRC доменами поліпептидів, придатних для здійснення винаходу. Процент ідентичності QLQ домену серед поліпептидних послідовностей, придатних для здійснення винаходу, знаходиться у діапазоні від 25 % до 99 % амінокислотної ідентичності, та процент ідентичності WRC домену серед поліпептидних послідовностей, придатних для здійснення винаходу, знаходиться у діапазоні від 60 % до 99 % амінокислотної ідентичності. Також на Фіг. 3 можна побачити, що WRC домен є більш консервативним по різноманітним GRF поліпептидам, ніж QLQ домен, який показано на Фіг. 2.

Процент амінокислотної ідентичності між QLQ доменами та процент ідентичності між WRC доменами є значно більшим, ніж процент амінокислотної ідентичності, розрахований між непроцесованими GRF поліпептидними послідовностями.

Таблиця В.1 : MatGAT результати загальної подібності та ідентичності непроцесованих GRF поліпептидних послідовностей.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27
1, Aqufo_GRF		31	22	25	23	38	22	19	22	23	39	31	21	46	23	18	34	15	33	41	29	18	34	35	23	23	23
2, Arath_GRF_AT2G06200,1	43	18	23	20	28	18	17	18	21	27	26	21	32	19	21	25	21	26	28	22	21	25	27	20	22	20	20
3, Arath_GRF_AT2G22840,1	36	25	26	19	22	22	23	57	21	21	24	27	22	20	16	24	15	26	23	32	21	24	22	30	31	28	
4, Arath_GRF_AT2G36400,1	43	31	38	23	27	48	23	26	26	24	26	47	25	20	24	28	19	28	25	23	28	27	24	25	25	25	
5, Arath_GRF_AT2G45480,1	38	30	33	39	21	21	16	17	23	22	23	21	24	29	16	23	16	21	22	23	17	22	24	18	22	21	
6, Arath_GRF_AT3G13960,1	53	38	34	44	34	23	18	21	22	83	29	22	45	21	16	29	16	29	35	26	17	28	27	23	25	22	
7, Arath_GRF_AT3G52910,1	34	26	40	56	36	36	20	24	22	23	22	31	22	19	17	22	15	23	21	23	18	22	20	23	22	22	
8, Arath_GRF_AT4G24150,1	31	25	38	36	32	30	35	23	25	19	21	25	18	16	17	21	18	23	19	17	18	22	20	22	23	20	
9, Arath_GRF_AT4G37740,1	35	24	72	38	33	31	40	39	21	23	23	26	23	20	18	23	17	24	21	27	19	24	24	29	29	26	
10, Arath_GRF_AT5G53660,1	37	30	35	40	35	37	34	36	33	24	27	25	23	23	19	24	14	25	22	18	24	25	23	24	25		
11, Brana_GRF	54	39	33	41	35	90	33	33	34	39	28	21	47	21	16	29	15	31	35	26	18	29	28	21	24	24	
12, Horvu_GRF	49	34	35	42	39	44	35	32	35	41	47	25	25	23	21	68	20	62	29	24	22	70	42	25	28	25	
13, Lyces_GRF	42	30	38	64	37	41	43	38	36	41	40	42	24	21	25	25	18	27	22	24	25	25	25	23	26	24	
14, Medtr_GRF	61	44	34	38	36	65	34	31	36	38	63	44	40	22	17	31	14	31	38	26	17	28	30	22	24	22	
15, Medtr_GRFlike	37	27	32	33	46	37	33	31	34	37	37	34	36	16	22	20	24	20	20	18	22	21	24	23	22		
16, Orysa_GRF_NM_001054270,1	27	37	23	31	25	24	23	24	24	28	25	29	32	27	24	22	35	22	18	16	66	21	20	21	21	19	
17, Orysa_GRF_NM_001060298,1	53	35	36	44	35	46	35	32	35	42	46	78	41	48	36	30	20	70	33	24	23	98	42	25	27	26	
18, Orysa_GRF_NM_001066126,1	27	38	24	29	28	29	23	26	25	26	28	30	31	29	29	46	32	20	14	16	34	20	14	20	18	18	
19, Orysa_GRF_Os02g47280,2	51	38	36	47	36	46	36	35	35	39	49	73	44	47	37	30	78	29	34	25	24	70	41	25	29	24	
20, Orysa_GRF_Os02g53690,1	57	38	36	43	36	52	33	32	34	36	52	49	40	52	33	26	49	26	50	27	20	33	34	23	25	22	
21, Orysa_GRF_Os03g51970,1	40	31	49	40	39	40	37	29	45	40	40	38	38	40	38	23	38	24	40	40	18	24	25	28	38	25	
22, Orysa_GRF_Os04g48510,1	29	41	26	30	28	26	24	27	26	31	28	31	33	30	28	71	32	47	32	29	24	23	22	23	22	19	
23, Orysa_GRF_Os04g48510,1	52	35	35	44	34	45	36	32	34	41	46	79	41	44	35	29	98	31	78	50	37	32	42	24	27	26	

20, Orysa_GRF_Os02g53690.1	41	23	38	19	19	22	30	23	20	35	23	21	25	35	21	42	15	43	30	22	32	36	26	69	16	33	33	43	21	64
21, Orysa_GRF_Os03g51970.1	27	21	28	22	15	37	25	38	24	25	22	34	43	26	26	27	14	25	25	26	27	27	30	26	14	25	25	27	26	28
22, Orysa_GRF_Os04g48510.1	18	24	19	18	38	18	22	17	17	23	20	16	18	21	22	19	34	21	23	21	23	24	26	19	32	23	21	22	20	20
23, Orysa_GRF_Os04g51190.1	36	24	31	22	21	22	36	25	24	42	22	22	24	39	26	34	19	34	36	26	41	62	28	34	19	71	69	35	26	32
24, Orysa_GRF_Os06g02560.1	36	27	30	21	21	22	39	24	21	42	24	22	26	41	22	33	15	35	57	24	68	39	27	34	14	42	41	36	23	33
25, Orysa_GRF_Os11g35030.1	21	24	25	25	19	29	23	29	23	23	20	27	29	22	29	23	18	23	23	29	25	24	55	22	18	24	24	22	29	21
26, Orysa_GRF_Os12g29980.1	24	26	26	22	17	32	26	34	24	27	24	31	37	27	26	27	16	25	24	28	24	27	42	25	16	28	26	25	26	25
27, Orysa_GRF_Os03g47140.1	22	26	25	23	18	27	23	27	23	26	21	27	25	24	71	22	15	24	24	65	25	26	28	22	17	25	25	23	67	22
28, Poptr_GRF_icl_scaff_28.10	25	44	21	19	23	35	24	22	41	22	21	25	39	22	52	14	35	28	25	35	32	25	37	14	33	31	33	23	38	
29, Poptr_GRF_icl_scaff_28.309	42	26	24	20	24	24	24	24	22	26	21	23	24	25	25	25	19	24	27	25	25	25	23	23	19	25	24	24	25	24

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27
30, Poptr_GRF_lcl_scaff_I.1018	62	43	32	39	35	58	35	29	32	42	59	45	39	71	33	27	50	28	48	52	40	31	48	48	38	37	35
31, Poptr_GRF_lcl_scaff_I.688	32	25	39	36	32	31	37	46	38	35	32	35	38	33	33	22	34	26	36	33	36	24	34	33	34	37	37
32, Poptr_GRF_lcl_scaff_I.995	26	34	22	27	24	20	22	22	28	25	26	28	28	22	51	26	42	27	27	21	50	26	28	25	24	24	
33, Poptr_GRF_lcl_scaff_II.1070	31	24	59	36	32	33	39	35	54	34	31	34	33	32	33	21	33	24	34	33	50	24	33	31	40	46	39
34, Poptr_GRF_lcl_scaff_III.741	52	38	34	38	36	45	32	31	33	36	45	53	38	48	38	28	53	27	50	43	38	32	53	58	38	40	36
35, Poptr_GRF_lcl_scaff_VII.1274	38	25	57	37	34	35	41	37	58	37	34	35	36	34	33	22	36	25	36	34	52	25	37	32	41	46	41
36, Poptr_GRF_lcl_scaff_XII.277	34	25	40	37	33	33	37	42	44	38	33	33	34	32	33	22	32	24	35	32	37	22	33	31	36	37	35
37, Poptr_GRF_lcl_scaff_XIII.769	57	42	32	42	38	46	32	30	34	34	46	53	39	53	35	31	57	26	57	48	37	35	56	57	38	39	38
38, Poptr_GRF_lcl_scaff_XIV.174	33	25	36	35	43	35	39	34	36	35	35	35	35	35	42	23	31	25	36	34	37	25	32	34	33	35	35
39, Poptr_GRF_lcl_scaff_XIV.39	34	22	59	36	33	32	38	34	55	35	30	34	36	32	32	21	32	24	33	33	47	22	32	30	38	42	38
40, Poptr_GRF_lcl_scaff_XIV.51	37	27	60	41	35	35	42	40	54	37	36	37	36	37	37	22	36	23	35	40	57	24	38	36	43	52	40
41, Poptr_GRF_lcl_scaff_XIX.480	54	42	32	40	35	44	31	28	32	36	47	51	38	49	32	33	54	28	52	47	35	34	53	53	35	37	35
42, Sacof_GRF	37	28	41	39	37	39	37	35	39	36	41	37	40	35	37	27	37	28	38	35	43	30	40	35	45	46	82
43, Vitvi_GRF	70	43	35	41	35	56	33	32	33	37	58	48	39	69	34	26	51	24	50	58	40	29	51	50	38	40	36
44, Zeama_GRF10_EF515849,1	26	36	23	29	27	27	23	26	25	26	26	31	32	26	30	44	32	81	32	22	24	44	32	28	30	28	29
45, Zeama_GRF11_EF515850,1	50	41	29	41	33	42	28	25	30	35	42	44	35	45	33	31	46	30	45	53	35	46	47	35	36	33	
46, Zeama_GRF12_EF515851,1	44	38	31	40	32	41	30	30	39	44	46	38	42	31	32	46	33	45	40	34	32	45	67	36	35	34	
47, Zeama_GRF13_EF515852,1	37	29	39	40	37	40	36	37	39	36	38	40	37	35	38	26	39	29	41	35	44	28	40	36	43	47	78
48, Zeama_GRF14_EF515853,1	49	36	33	45	36	43	35	30	33	42	42	53	42	43	34	28	55	27	54	47	40	30	54	77	39	36	39
49, Zeama_GRF1_EF515840,1	50	35	38	47	37	47	36	34	34	39	45	67	41	43	38	29	74	29	79	51	42	30	74	50	40	41	43
50, Zeama_GRF2_EF515841,1	42	35	38	41	36	41	30	31	37	45	41	40	38	41	39	29	43	31	40	40	46	33	43	42	66	54	42
51, Zeama_GRF3_EF515842,1	51	36	33	41	38	49	34	27	31	36	49	45	40	46	36	27	48	25	50	80	38	29	48	46	37	39	33
52, Zeama_GRF4_EF515843,1	24	36	24	30	27	28	21	25	26	25	28	31	31	26	28	45	31	80	32	27	24	44	32	26	30	27	29
53, Zeama_GRF5_EF515844,1	50	35	35	42	35	42	34	32	34	40	43	75	40	41	36	31	80	31	72	48	38	32	80	54	38	41	39
54, Zeama_GRF6_EF515845,1	50	36	35	40	35	44	33	30	36	39	45	76	40	42	37	30	80	32	71	46	38	31	81	51	38	39	36
55, Zeama_GRF7_EF515846,1	48	41	31	39	34	44	29	27	31	37	45	42	35	47	32	32	46	31	45	54	35	34	45	48	34	36	35
56, Zeama_GRF8_EF515847,1	38	29	39	38	36	38	34	37	40	37	38	37	39	35	38	27	37	30	38	35	43	28	39	34	46	44	79
57, Zeama_GRF9_EF515848,1	57	42	31	37	31	49	32	29	31	32	50	45	40	52	35	31	45	27	45	73	40	31	45	46	35	39	33

	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57
30, Poptr_GRFscaff I.1018	59	39		22	20	19	32	23	22	36	21	21	23	36	23	56	14	34	31	24	31	33	29	36	14	30	30	34	24	37
31, Poptr_GRFscaff I.688	36	33	31		16	25	20	25	29	20	21	24	24	21	25	21	16	20	21	25	23	25	22	20	16	25	21	21	24	19
32, Poptr_GRFscaff I.995	25	29	28	21		14	19	16	13	22	17	14	15	21	18	19	30	21	23	17	20	19	21	18	29	20	20	22	17	18
33, Poptr_GRFscaff II.1070	34	32	31	39	19		22	47	28	22	21	50	75	21	27	21	15	20	20	27	22	24	28	20	16	23	22	19	25	20
34, Poptr_GRFscaff III.741	51	41	50	32	28	31		23	20	47	22	20	25	44	24	33	15	30	34	25	36	32	25	29	16	35	36	30	24	32
35, Poptr_GRFscaff VII.1274	35	35	33	39	20	62	34		28	23	23	74	50	21	26	25	15	22	22	25	23	26	31	21	16	25	25	22	25	21
36, Poptr_GRFscaff XII.277	35	34	33	46	18	43	31	41		22	22	28	27	22	25	22	17	19	20	24	22	23	22	20	16	24	24	19	25	18
37, Poptr_GRFscaff XIII.769	54	41	54	29	31	30	63	32	31		23	22	25	81	26	41	13	33	35	25	40	39	26	33	13	41	40	32	25	34
38, Poptr_GRFscaff XIV.174	34	35	35	37	23	37	33	39	33		23	24	25	20	22	18	20	23	21	23	23	21	21	18	22	23	19	19	21	
39, Poptr_GRFscaff XIV.39	33	31	30	36	19	68	30	78	40	30	37		45	21	25	21	14	19	21	25	22	23	28	19	14	24	23	19	26	19
40, Poptr_GRFscaff XIV.51	38	34	34	41	20	79	35	66	45	34	41	61		22	26	24	16	23	23	25	24	26	30	24	14	25	25	22	25	23
41, Poptr_GRFscaff XIX.480	52	39	53	30	31	30	59	31	29	88	31	30	32		22	39	15	30	33	24	37	37	26	32	17	40	40	32	22	32
42, Sacof_GRF	38	39	35	38	24	40	40	40	38	37	33	37	42	35		22	18	22	25	86	24	25	30	22	17	27	26	23	91	21
43, Vitvi_GRF	65	40	70	31	27	30	51	34	32	54	34	31	37	53	36		14	34	29	22	33	33	26	40	13	31	32	36	23	42
44, Zeama_GRF10_EF515849	25	34	25	24	41	23	25	23	24	28	24	22	24	26	28	27		17	21	17	14	19	18	15	86	19	19	19	18	16
45, Zeama_GRF11_EF515850	49	38	46	29	29	28	46	31	29	50	30	27	31	48	34	46	28		32	23	34	33	26	41	18	33	31	75	22	41
46, Zeama_GRF12_EF515851	45	39	45	30	32	27	50	31	30	52	32	28	33	48	36	45	33	46		27	61	33	24	29	20	34	34	32	24	31
47, Zeama_GRF13_EF515852	37	37	34	37	23	41	38	39	38	37	34	38	42	35	90	35	26	35	35		24	26	29	22	18	27	26	23	86	22
48, Zeama_GRF14_EF515853	50	41	45	35	28	32	52	33	32	52	35	31	36	48	38	48	25	45	67	38		38	26	33	15	40	39	34	24	34
49, Zeama_GRF1_EF515840	49	42	45	37	25	37	46	38	37	52	36	34	41	50	42	48	30	46	43	42	52		29	35	18	57	57	32	25	34
50, Zeama_GRF2_EF515841	40	36	43	33	29	39	41	40	35	42	33	38	41	38	40	42	30	39	36	41	42	42		23	19	28	26	27	30	24
51, Zeama_GRF3_EF515842	53	39	49	33	25	30	41	33	31	45	34	29	33	43	35	54	24	52	42	33	50	52	38		15	33	34	41	22	72
52, Zeama_GRF4_EF515843	25	32	28	26	41	24	27	23	24	28	25	23	24	30	27	28	90	31	33	28	26	31	33	25		19	20	20	18	16
53, Zeama_GRF5_EF515844,1	52	41	45	34	26	33	49	35	33	52	34	33	35	52	38	47	32	46	44	38	53	68	43	47	31		87	33	27	31
54, Zeama_GRF6_EF515845,1	51	41	43	33	26	33	51	35	33	53	33	32	36	51	37	46	31	44	43	38	53	71	38	47	31	90		33	25	32
55, Zeama_GRF7_EF515846,1	47	36	49	31	30	28	48	31	29	49	29	27	32	47	35	51	32	83	46	35	47	44	38	52	31	47	43		23	40
56, Zeama_GRF8_EF515847,1	38	38	36	37	23	39	37	40	37	35	33	38	41	35	94	37	27	33	34	91	38	40	43	36	29	39	35	34		21
57, Zeama_GRF9_EF515848,1	52	39	52	30	27	31	45	32	29	47	32	28	36	45	35	59	25	54	43	35	48	44	39	79	27	45	44	54		33

Таблиця В.2 : MatGAT результати загальної подібності та ідентичності непроцесованих SYT поліпептидних послідовностей.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	
1. Alice SYT2		34	49	31	46	46	34	39	50	32	47	36	46	49	47	29	34	48	48	32	46	35	48	39	31	43	34	48	35	50	51						
2. Aquo SYT1	53		39	60	37	38	58	35	36	60	35	34	26	69	41	55	36	44	40	64	62	39	41	70	43	60	36	38	60	42	64	43	54	36	34		
3. Aquo SYT2	61	56		38	50	52	38	45	47	38	50	34	29	42	61	46	47	59	56	39	40	65	64	42	60	44	45	45	39	60	44	64	42	45	48		
4. Arath SYT1	49	78	52		36	36	56	35	35	95	36	31	27	67	37	51	32	44	37	65	65	38	38	66	38	67	35	35	71	40	65	40	50	36	34		
5. Arath SYT2	59	54	62	50		64	38	52	45	36	78	34	30	39	56	39	43	61	53	36	38	55	54	54	36	55	38	43	49	37	54	39	56	33	43	46	
6. Arath SYT3	59	53	67	52	68		38	41	43	35	65	33	31	37	60	40	44	60	54	37	36	61	62	62	39	60	37	43	45	37	61	40	60	35	41	40	
7. Aspo SYT1	55	74	51	67	54	54		36	35	56	38	36	27	58	42	56	32	44	42	59	59	41	39	59	45	58	36	53	45	57	42	61	39	34			
8. Bevu SYT2	47	45	55	47	61	52	47		41	35	48	38	32	35	46	35	40	44	46	33	36	42	44	44	36	46	38	39	43	38	44	34	44	33	40		
9. Brad SYT3	63	51	56	50	56	53	46	51		34	40	33	32	36	50	37	48	46	45	35	50	51	51	38	47	35	68	41	36	47	37	50	36	66	80		
10. Brana SYT1	49	77	52	96	52	50	68	50	50		34	30	25	66	37	50	34	42	37	67	64	38	37	37	66	36	67	35	34	70	38	65	39	50	37	34	
11. Brana SYT2	60	53	65	54	83	73	55	56	51	53		37	32	36	57	36	40	62	52	35	36	54	54	34	55	36	43	48	35	56	36	56	35	41	41		
12. Cerr SYTpartial	54	49	46	44	48	47	51	50	46	46	48		26	33	36	33	34	39	38	32	32	38	38	32	36	31	35	31	32	36	30	37	34	33	36		
13. Chlre SYT	39	35	39	36	42	38	37	45	46	33	40	37		24	29	27	25	28	30	24	24	28	31	31	23	29	27	33	28	25	27	26	29	25	27		
14. Citsi SYT1	47	83	59	80	55	55	71	46	49	77	53	47	32		42	58	34	43	39	71	72	41	42	42	87	43	70	35	68	43	73	43	54	37	35		
15. Citsi SYT2	61	58	72	54	66	69	58	57	61	55	68	51	40	61		44	45	73	67	40	40	82	81	81	45	78	40	44	50	40	78	46	76	40	44	77	
16. Crya SYT	48	70	57	64	51	53	68	42	48	64	48	46	36	73	57		41	43	39	53	54	43	44	44	63	44	53	34	36	50	43	56	45	52	37	33	
17. Curlo SYT	62	49	59	46	54	57	44	47	61	46	55	46	35	50	58	53		46	41	37	34	47	47	37	44	37	46	39	34	47	36	46	35	48	48		
18. Eupes SYT2	62	59	68	59	73	67	58	54	56	59	74	55	39	57	80	54	59		67	42	43	73	74	74	42	69	40	48	50	40	73	42	73	43	50	48	
19. Frava SYT2	61	57	64	53	64	62	55	56	54	52	59	50	41	56	75	51	56	76		39	37	68	69	69	39	62	39	44	51	38	72	41	68	40	46	46	
20. Glyma SYT1.1	49	79	55	79	51	56	71	47	50	81	51	45	33	79	60	67	53	58	57		73	38	39	39	73	39	71	34	34	66	43	79	41	51	36	32	
21. Glyma SYT1.2	50	74	53	77	53	50	71	51	49	75	53	50	33	79	56	67	48	55	50	83		39	41	41	71	44	65	35	34	62	39	74	39	50	38	37	
22. Glyma SYT2.1	61	59	75	54	67	72	54	52	61	55	67	50	35	61	89	55	63	80	75	56	53		97	97	42	75	38	46	50	40	75	42	84	41	47	48	
23. Glyma SYT2.2	59	61	74	52	68	72	53	55	61	53	67	51	42	61	87	56	63	81	77	58	54	98		##	41	73	37	48	51	41	75	41	84	40	47	49	
24. Glyso SYT2	59	61	74	52	68	72	53	55	61	53	67	51	42	61	87	56	63	81	77	58	54	98		##	41	73	37	48	51	41	75	41	84	40	47	49	
25. Goshi SYT1	45	81	57	78	49	55	70	46	50	76	49	45	31	90	61	75	48	55	53	81		79	59	56	56	44	71	35	34	68	45	73	42	53	36	35	
26. Goshi SYT2	59	61	73	55	65	73	57	57	54	52	69	47	39	61	87	58	57	78	72	57	56	86	85	85	60		40	46	50	39	73	42	73	41	45	46	
27. Helan SYT1	54	77	58	81	52	53	71	52	47	81	49	45	35	82	58	68	53	56	54	82		79	53	53	53	82	57	33	37	66	45	68	40	50	35	37	
28. Horvu SYT2	61	51	51	47	53	53	48	50	74	48	56	48	47	46	54	44	55	58	45	45	52		57	57	57	54	44	39	35	45	37	45	33	78	69		
29. Lacse SYT2	50	51	54	47	59	52	46	52	51	50	61	45	39	49	60	45	49	63	58	47		47	59	60	60	47	62	52	51		35	48	38	48	36	41	43
30. Lyoes SYT1	48	75	53	81	51	56	65	49	51	80	51	46	36	77	57	64	46	53	56	78		74	56	57	57	75	54	79	49	49		40	64	41	47	39	36
31. Maldi SYT2	55	60	70	56	66	70	59	56	58	53	68	49	61	84	56	59	80	79	59	53		82	82	82	82	60	83	61	57	59	58		45	75	41	46	45
32. Medir SYT1	53	83	62	78	54	56	72	48	51	78	53	44	39	83	65	68	51	52	54	90		83	57	58	58	82	60	80	51	51	77	58		43	53	39	35
33. Medir SYT2	59	60	73	55	69	70	56	56	58	54	70	50	39	61	84	58	62	81	75	58		56	90	89	58	85	56	53	57	60	82	60		40	49	49	
34. Orysa SYT1	49	65	55	61	48	51	71	47	46	60	47	49	34	67	52	65	48	52	51		62	60	54	52	66	54	62	43	60	53	61	52		35	36		
35. Orysa SYT2	62	48	53	47	55	50	51	50	72	49	53	49	43	47	52	48	56	58	55	48	48		55	56	56	45	55	46	84	53	50	55	50	58	46		68
36. Orysa SYT3	63	51	58	48	58	50	45	49	87	49	54	51	37	46	58	44	60	58	56	48	57	60	60	47	55	48	76	51	49	54	51	59	47	74			

	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71		
1. Alice SYT2	51	37	39	38	38	32	34	34	48	36	47	32	49	49	34	31	46	31	50	37	36	35	47	48	35	32	47	45	28	36	35	49	48				
2. Aquilo SYT1	36	40	43	42	41	56	55	69	40	29	40	50	36	34	60	59	39	36	34	39	33	53	35	33	33	68	62	44	36	25	56	50	36	35			
3. Aquilo SYT2	47	37	40	41	40	45	47	42	61	39	62	39	46	40	40	62	39	46	44	46	45	43	44	47	47	41	39	63	58	29	44	39	43	44			
4. Arath SYT1	35	37	36	40	40	50	52	66	37	31	38	45	35	32	72	70	39	46	33	32	37	35	50	34	34	34	62	56	40	39	25	47	46	34	32		
5. Arath SYT2	45	33	32	36	37	37	37	39	53	38	54	36	45	43	36	36	49	36	46	45	50	44	35	45	46	46	39	36	56	53	29	36	36	46	42		
6. Arath SYT3	45	37	38	37	39	35	36	38	62	35	57	34	41	43	36	37	50	35	44	43	43	35	43	42	42	37	36	60	50	28	35	35	40	44			
7. Asporf SYT1	39	36	41	44	43	56	56	57	39	33	46	56	36	34	53	56	39	56	36	34	40	37	60	36	33	33	58	54	44	47	27	52	55	37	35		
8. Betvu SYT2	43	35	37	36	37	34	34	35	42	41	44	33	41	37	37	32	42	33	41	37	43	45	32	39	40	40	36	35	43	52	27	32	40	38			
9. Bradi SYT3	78	37	37	38	38	38	38	47	35	48	36	67	77	36	35	43	36	89	78	42	43	37	68	85	85	36	36	49	49	28	36	35	70	77			
10. Brana SYT1	34	37	35	40	38	49	50	67	36	32	36	46	35	32	70	67	39	47	33	32	37	34	48	34	32	32	63	54	39	38	24	44	47	35	33		
11. Brana SYT2	43	35	38	36	36	37	36	36	56	37	55	34	43	43	34	35	51	34	43	43	50	43	35	44	43	43	36	35	55	51	31	31	34	42	42		
12. Cerri SYTpartial	34	38	39	35	37	35	33	31	34	36	37	37	36	35	32	31	39	35	35	33	32	32	34	34	34	34	32	32	35	36	25	35	34	35	33		
13. Chire SYT	32	26	26	26	24	29	29	24	27	30	28	22	32	32	26	25	29	22	31	28	30	28	26	33	32	32	24	23	28	30	48	28	21	31	31		
14. Citsi SYT1	39	39	40	44	42	57	57	82	41	27	41	50	33	37	68	70	37	50	37	36	37	36	52	35	36	36	80	68	46	40	24	53	50	38	36		
15. Citsi SYT2	49	41	42	42	41	45	46	44	79	40	79	37	44	46	42	41	68	38	44	43	51	46	41	44	48	48	43	40	79	59	27	39	37	45	44		
16. Cylia SYT	34	41	44	46	45	85	82	59	42	29	44	47	37	35	51	52	44	48	37	36	38	33	52	35	35	65	54	47	37	23	70	44	36	37			
17. Curio SYT	47	37	38	33	34	38	40	32	49	31	47	36	48	49	34	34	40	37	49	48	41	34	37	45	48	48	36	33	47	44	24	39	35	46	47		
18. Eupes SYT2	48	39	40	39	40	44	44	44	73	40	70	40	47	45	41	43	63	40	49	45	54	47	41	48	46	46	43	42	73	58	25	41	40	50	44		
19. Frava SYT2	46	38	38	40	42	39	40	40	66	43	73	39	45	44	39	40	61	39	46	44	51	42	39	43	46	46	39	37	65	58	28	37	39	46	44		
20. Glyma SYT1.1	33	40	36	41	40	53	52	73	41	29	40	50	35	32	66	68	38	50	36	32	36	35	51	35	33	74	61	46	36	25	48	38	36	36			
21. Glyma SYT1.2	33	39	39	41	41	54	54	72	40	31	39	47	39	32	62	65	39	48	39	33	37	33	51	37	35	35	74	63	43	38	26	49	48	37	32		
22. Glyma SYT2.1	51	42	42	42	43	45	42	77	38	73	37	47	49	41	37	66	37	48	47	51	44	42	45	49	49	42	41	77	61	27	41	38	46	47			
23. Glyma SYT2.2	51	42	40	40	41	44	45	41	77	39	75	35	48	49	41	38	67	35	46	48	52	44	42	47	50	50	42	41	76	61	27	41	37	47	47		
24. Glyso SYT2	51	42	40	40	41	44	45	41	77	39	75	35	48	49	41	38	67	35	46	48	52	44	42	47	50	50	42	41	76	61	27	41	37	47	47		
25. Goshi SYT1	38	38	37	42	42	62	62	85	42	28	45	48	34	37	69	67	39	47	35	36	36	34	54	33	38	38	84	66	46	38	26	57	48	36	38		
26. Goshi SYT2	46	40	41	43	43	44	45	44	72	38	73	36	46	47	40	63	36	47	40	63	36	47	46	50	43	40	45	47	42	39	73	58	27	41	37	47	45
27. Helan SYT1	37	38	39	43	42	53	53	70	41	30	42	50	35	35	65	67	37	50	35	35	40	36	51	32	35	35	67	58	43	39	25	47	49	36	36		
28. Horvu SYT2	63	34	36	38	36	35	36	35	45	35	46	31	76	65	35	34	44	31	77	85	40	34	97	67	37	34	46	48	28	34	32	76	65	65			
29. Lacse SYT2	40	32	37	35	36	33	36	33	51	36	49	32	42	38	35	35	47	32	42	39	89	38	34	39	40	40	35	35	49	42	25	33	34	42	40		
30. Lyces SYT1	35	41	37	38	36	51	51	65	41	31	37	45	38	34	97	70	41	45	38	35	35	36	49	36	36	36	64	58	43	36	26	47	45	37	34		
31. Maldo SYT2	46	39	41	42	40	44	45	44	74	38	85	40	45	40	40	65	40	46	45	52	46	41	47	43	47	43	42	74	58	30	41	39	43	46			
32. Medir SYT1	37	40	40	42	41	56	58	74	43	31	44	51	35	34	64	67	44	52	36	35	39	53	36	36	36	36	73	61	51	41	24	51	51	39	36		
33. Medir SYT2	51	40	41	41	40	44	46	44	77	41	75	36	47	47	41	41	67	37	48	48	50	45	41	47	50	50	41	41	76	61	28	42	37	46	48		
34. Orysa SYT1	37	36	37	38	37	52	52	53	37	28	41	82	32	36	38	32	35	37	36	38	33	36	36	33	36	36	53	49	43	36	24	48	83	31	37		
35. Orysa SYT2	62	38	35	38	37	37	36	45	38	48	35	75	63	38	35	43	35	76	63	43	39	36	77	65	65	36	36	47	47	26	37	34	75	62	67		
36. Orysa SYT3	78	39	39	38	39	36	38	35	46	34	47	40	68	79	36	37	44	39	67	79	43	43	36	70	75	75	34	37	48	47	26	36	38	67	80		

37. Panvi SY13	63	51	56	49	53	56	51	53	84	52	55	45	44	54	59	47	60	58	56	46	46	62	62	62	51	59	51	72	51	50	57	52	62	52	70	85
38. Phypa SY11.1	53	57	49	58	45	51	51	44	48	56	49	50	38	57	54	52	50	48	60	55	57	57	57	54	53	53	54	49	44	58	52	56	55	48	46	53
39. Phypa SY11.2	51	60	51	52	46	48	55	50	51	56	51	49	38	56	54	55	53	50	49	53	52	54	54	53	52	56	47	49	54	54	52	48	45	54		
40. Phypa SY11.3	51	59	52	56	48	49	57	47	49	54	50	48	35	58	55	59	47	50	50	57	54	50	50	57	57	47	43	50	53	56	52	49	45	51		
41. Phypa SY11.4	51	59	49	56	50	50	56	46	53	52	50	47	34	58	54	57	47	51	52	56	56	53	53	53	57	55	58	47	46	48	49	55	54	50	47	51
42. Pisci SY11	46	71	57	64	49	48	67	42	47	63	48	45	38	70	59	90	51	54	52	67	57	55	55	55	57	59	67	45	42	64	57	67	57	65	48	47
43. Pinta SY11	48	71	59	65	49	50	67	43	49	62	48	44	39	71	58	87	53	55	53	67	66	56	54	54	76	59	67	45	43	65	58	68	59	63	46	48
44. Popir SY11	50	83	58	80	54	53	70	46	48	79	51	46	35	90	61	72	47	56	54	82	80	57	56	56	91	61	83	45	47	76	59	83	61	66	46	46
45. Popir SY12	61	60	72	54	64	71	56	54	57	56	71	43	39	60	86	56	63	81	75	61	55	83	83	83	57	83	61	55	62	58	80	60	83	51	56	56
46. Popir SY13	45	40	46	43	49	42	41	50	43	45	44	49	39	37	46	38	41	47	52	41	41	47	48	48	39	46	41	46	45	42	46	41	49	37	44	42
47. Prupe SY12	56	59	72	56	63	67	62	55	58	54	67	48	36	58	82	57	60	76	80	58	53	80	82	82	60	82	58	53	59	51	87	60	83	54	56	56
48. Sacof SY11	49	64	53	58	47	50	68	48	50	58	48	52	33	64	50	61	50	52	51	53	58	52	50	50	62	52	59	41	43	60	51	61	52	88	44	51
49. Sacof SY12	59	49	51	50	55	49	48	53	72	50	54	50	44	46	54	46	57	58	55	48	51	54	55	55	46	55	46	86	56	53	46	53	45	84	72	
50. Sacof SY13	60	49	56	48	53	56	47	47	80	50	57	44	46	51	55	48	61	53	53	47	49	58	58	51	58	48	71	46	52	54	48	56	45	70	84	
51. Soltu SY11	51	75	55	80	49	56	62	48	50	79	48	46	36	78	58	64	50	54	52	79	70	56	55	55	76	56	77	49	47	97	54	77	58	60	49	49
52. Soltu SY12	47	74	56	80	54	56	65	47	50	78	53	45	34	81	58	65	51	57	54	80	75	51	56	56	81	56	78	46	49	77	55	74	56	64	47	49
53. Soltu SY13	58	57	70	54	61	59	52	53	55	56	64	49	38	52	75	53	74	72	33	53	75	74	74	50	75	55	54	58	58	76	56	75	47	53	57	
54. Sorbi SY11	49	63	54	60	46	50	68	44	49	58	48	51	33	64	50	62	52	51	64	56	52	50	50	60	52	59	42	42	59	51	61	52	88	44	51	
55. Sorbi SY12	61	50	52	47	57	54	48	53	73	50	53	49	43	47	55	46	58	60	57	48	51	56	54	54	45	57	46	87	52	52	56	48	56	45	86	71
56. Sorbi SY13	62	50	55	48	53	55	48	46	82	50	56	48	38	51	53	48	60	54	52	46	45	58	58	50	57	48	72	48	52	54	50	59	45	71	84	
57. Tarof SY12	47	52	55	51	61	51	52	51	48	52	60	47	40	50	62	49	51	65	60	51	49	50	61	61	50	63	54	50	92	46	62	52	58	47	52	49
58. Tarof SY13	50	51	57	50	54	50	56	57	49	56	45	37	51	60	47	48	55	52	49	57	56	56	50	57	53	51	46	52	58	54	57	46	47	57		
59. Triae SY11	51	65	57	64	48	50	72	48	47	61	48	48	39	68	54	67	49	50	51	65	63	56	54	54	67	56	63	44	43	65	54	64	54	92	47	47
60. Triae SY12	61	50	51	46	55	53	49	51	74	48	55	48	47	46	53	45	54	58	54	46	47	52	56	56	44	54	46	99	50	50	53	48	55	43	84	75
61. Triae SY13	60	49	57	49	58	52	46	50	90	48	56	47	44	48	60	44	60	59	56	49	49	59	60	60	51	61	49	75	50	51	59	51	60	46	74	82
62. Triae SY13.2	60	49	57	49	58	52	46	50	90	48	56	47	44	48	60	44	60	59	56	49	49	59	60	60	51	61	49	75	50	51	59	51	60	46	74	82
63. Vini SY11.1	50	81	57	76	53	54	72	46	48	77	51	45	35	90	59	76	50	55	52	82	83	56	59	59	91	58	82	47	48	74	60	83	52	65	46	45
64. Vini SY11.2	44	76	55	70	51	54	65	50	47	67	53	49	32	80	96	67	51	55	50	73	76	56	56	78	56	73	44	49	69	56	75	59	62	47	47	
65. Vini SY12.1	59	61	75	57	67	73	57	54	60	54	68	47	37	65	83	60	60	79	70	54	55	83	82	82	58	55	59	56	78	65	84	57	55	58		
66. Vini SY12.2	56	49	64	53	67	61	49	64	55	55	63	50	41	54	68	49	54	67	85	51	49	70	70	49	68	53	56	51	50	68	56	69	47	53	53	
67. Volca SY1	39	34	41	38	39	38	37	42	36	42	37	54	38	37	39	38	34	39	38	34	39	38	37	37	36	42	35	39	40	36	39	35	38	40		
68. Welmi SY11	54	71	60	64	53	53	66	47	47	61	48	49	36	71	54	83	50	56	51	65	64	58	57	74	57	66	45	45	63	59	66	60	64	48	47	
69. Zeama SY11	49	62	53	59	45	50	68	43	45	58	48	48	32	63	50	57	49	51	60	60	52	50	50	62	52	59	43	42	58	52	61	52	88	44	50	
70. Zeama SY12	59	50	48	46	54	48	49	52	74	50	51	45	50	52	45	65	60	57	50	47	55	55	55	47	55	48	83	53	51	53	48	53	45	84	72	
71. Zeama SY13	58	49	55	47	50	54	46	46	80	49	52	42	41	51	53	50	59	52	54	49	46	56	56	56	52	57	49	69	49	48	54	51	57	48	68	84

	39	36	39	39	37	37	36	49	38	48	36	66	83	37	36	45	36	68	83	42	40	36	64	71	71	35	39	50	47	28	36	37	66	82		
338 Phypa SYT1 1	50	82	50	51	42	44	42	39	35	39	34	35	38	42	40	40	34	36	34	33	37	33	36	36	39	38	41	38	24	42	35	36	39			
339 Phypa SYT1 2	47	87	51	53	43	44	40	41	36	42	37	36	37	39	40	38	36	36	38	38	32	41	33	36	36	40	42	42	39	26	44	35	36	36		
340 Phypa SYT1 3	51	65	65	93	45	46	43	41	35	40	38	39	41	39	38	39	39	38	39	39	33	42	38	34	34	43	42	42	36	27	43	37	39	39		
341 Phypa SYT1 4	51	67	68	96	46	46	42	40	36	42	36	35	40	39	36	41	35	38	40	38	34	38	36	36	36	42	43	36	27	41	35	36	39			
42 Pisci SYT1	49	52	53	56	56	94	59	42	29	43	47	37	36	52	53	44	48	37	35	37	35	53	35	37	37	61	54	47	38	25	71	47	35	36		
43 Pinta SYT1	49	55	55	57	57	95	58	42	30	44	47	38	37	51	54	44	48	37	35	36	36	52	36	40	60	54	48	40	26	69	46	36	39			
44 Poptr SYT1	49	59	56	58	56	72	71	43	29	44	49	34	34	66	69	39	49	37	34	37	35	53	33	37	37	82	69	49	39	24	52	50	35	38		
45 Poptr SYT2	61	51	56	50	55	55	54	60	40	74	38	45	43	41	40	63	37	45	43	51	43	39	46	47	40	40	76	60	28	42	37	45	44			
46 Poptr SYT3	45	46	44	42	43	38	39	36	48	39	26	37	35	29	28	40	26	39	34	40	37	28	35	34	34	30	40	44	25	28	27	39	34			
47 Prupe SYT2	57	51	53	50	50	56	56	59	78	47	39	46	46	37	40	67	38	47	46	51	45	42	46	46	46	42	40	77	60	27	40	38	46	46		
48 Sacof SYT1	47	48	50	50	48	60	62	63	52	37	52	35	35	45	50	38	98	34	37	36	33	79	33	64	34	48	48	39	35	23	47	95	34	35		
49 Sacof SYT2	73	45	49	50	47	45	46	47	53	44	54	44	64	38	36	43	32	96	65	44	41	32	76	64	64	34	37	48	44	27	34	32	90	64		
50 Sacof SYT3	87	51	47	52	52	49	50	48	52	44	55	48	70	33	35	44	35	66	95	38	40	34	65	73	73	33	37	48	45	29	36	35	64	90		
51 Soltu SYT1	53	59	53	51	53	65	63	77	58	40	53	59	51	48	73	39	45	39	36	35	36	49	36	36	64	57	44	36	27	47	43	37	35			
52 Soltu SYT2	53	59	56	50	48	65	67	82	58	39	56	63	48	50	80	39	50	33	34	36	36	52	34	34	44	39	37	65	56	47	37	24	49	48	33	36
53 Soltu SYT3	57	51	50	50	52	53	53	53	74	49	74	50	54	55	54	54	38	43	43	49	44	37	44	44	44	39	37	65	55	26	41	35	44	43		
54 Sorbi SYT1	47	48	48	51	47	62	62	63	51	37	52	99	45	48	58	62	50	34	36	35	33	79	33	35	35	50	48	39	35	23	47	95	33	33		
55 Sorbi SYT2	74	46	50	50	48	45	46	48	53	46	54	46	97	71	51	46	53	46	67	44	41	32	78	66	66	34	36	48	44	25	35	34	92	65		
56 Sorbi SYT3	86	48	48	53	52	49	48	48	54	44	54	48	70	97	52	50	55	48	73	40	42	34	66	74	74	34	39	47	46	28	37	35	65	91		
57 Tarof SYT2	49	44	50	47	47	46	45	50	62	50	61	46	54	44	45	48	60	45	52	46	40	34	40	41	41	36	36	50	46	25	37	35	43	39		
58 Tarof SYT3	54	47	47	46	47	46	47	50	58	44	54	46	53	54	51	50	55	46	52	57	47	37	40	41	41	35	37	45	51	29	34	35	41	40		
59 Triae SYT1	51	51	53	54	52	67	67	67	52	38	56	87	47	46	64	66	49	86	43	47	44	52	34	36	36	52	50	43	36	22	49	77	31	37		
60 Triae SYT2	72	47	44	48	47	46	46	45	55	45	53	44	84	71	50	45	54	44	86	71	49	49	44	67	67	36	33	47	49	27	33	34	76	65		
61 Triae SYT3	80	47	50	46	51	47	50	49	58	44	57	50	72	79	50	49	59	49	74	81	50	53	49	75	99	37	35	49	48	27	38	35	67	73		
62 Triae SYT3 2	80	47	50	46	51	47	50	49	58	44	57	50	72	79	50	49	59	49	74	81	50	53	49	75	99	37	35	49	48	27	38	35	67	73		
63 Vitri SYT1 1	49	56	53	59	58	74	73	91	54	39	59	61	45	45	74	81	52	62	45	47	44	52	65	46	49	49	69	45	38	25	56	49	34	36		
64 Vitri SYT1 2	50	52	51	58	58	69	68	80	56	41	55	65	50	48	68	72	51	64	50	50	47	51	64	45	48	48	81	43	39	24	48	48	37	39		
65 Vitri SYT2 1	60	53	52	51	54	60	61	65	79	47	81	53	55	56	59	64	73	53	56	56	59	56	60	55	58	63	59	60	32	45	39	46	47			
66 Vitri SYT2 2	53	50	53	47	46	48	51	52	70	52	67	47	51	49	51	50	64	47	51	51	56	61	47	56	57	57	52	67	26	37	34	48	47			
67 Volca SYT1	38	37	35	37	36	41	41	38	39	31	37	37	38	41	39	39	38	37	42	34	41	37	42	39	39	38	39	42	37	23	23	25	27			
68 Weimr SYT1	50	53	56	60	57	83	82	69	59	36	57	63	45	48	62	67	52	63	47	50	49	48	66	44	50	50	69	66	59	49	39	45	35	37		
69 Zeama SYT1	49	46	45	48	49	60	59	63	50	36	52	97	42	45	56	59	48	97	46	46	44	47	86	44	48	60	63	54	45	37	61	33	35			
70 Zeama SYT2	71	44	47	51	49	45	45	46	52	46	52	46	93	68	50	45	54	44	94	69	53	51	44	83	74	74	44	48	52	56	36	44	45			
71 Zeama SYT3	84	47	46	51	51	49	55	52	54	45	69	92	49	50	53	46	69	92	46	53	49	69	80	80	49	51	57	51	39	50	49	64	45			

Процент ідентичності між непроцесованими SYT поліпептидними послідовностями, придатними для застосування у даному винаході, може становити не менше 25 % амінокислотної ідентичності у порівнянні з поліпептидною послідовністю SEQ ID NO: 121 (дивитись Таблицю B.2 та Фіг. 6).

Процент ідентичності можна значно підвищити, якщо розрахунок ідентичності здійснюють між SNH доменом, представленим SEQ ID NO: 262 (включена у SEQ ID NO: 121) та SNH доменами поліпептидів, придатних для здійснення винаходу. Процент ідентичності SNH домену серед поліпептидних послідовностей, придатних для здійснення способів винаходу, знаходиться в діапазоні від 30 % до 99 % амінокислотної ідентичності.

Процент амінокислотної ідентичності SNH домену поліпептидів Таблиці A.2 є значно вищим, ніж процент амінокислотної ідентичності, розрахований між непроцесованими SYT

поліпептидними послідовностями.

Приклад 4: Ідентифікація доменів поліпептидних послідовностей, придатних для здійснення способів винаходу.

Інтегроване джерело родин білків, домени та сайти бази даних (InterPro) є інтегрованим інтерфейсом для використовуваних характеристичних баз даних, які здійснюють пошук по текstu- та послідовностям. База даних InterPro об'єднує три бази даних, які використовують різні методології та різноманітні рівні біологічної інформації про добре відомі протеїни для отримання їх характеристик. Подібні бази даних включають SWISS-PROT, PROSITE, TrEMBL, PRINTS, ProDom та Pfam, Smart та TIGRFAMs. Interpro є власністю інституту European Bioinformatics Institute у Великобританії.

Результати InterPro сканування поліпептидної послідовності, представленої SEQ ID NO: 2, наведено у Таблиці С.1,

Таблиця С.1:

Результати InterPro сканування поліпептидної послідовності, представленої SEQ ID NO: 2

Кількість та назва InterPro повторів	Назва інтегрованої бази даних	Кількість повторів інтегрованої бази даних	Назва повторів інтегрованої бази даних
IPR014977 WRC домен	PFAM	PF08879	WRC
IPR014978 QLQ домен	PFAM	PF08880	QLQ

Результати InterPro сканування поліпептидної послідовності, представленої SEQ ID NO: 121, наведено у Таблиці С.2.

Таблиця С.2:

Результати InterPro сканування поліпептидної послідовності, представленої SEQ ID NO: 2

Кількість та назва InterPro повторів	Назва інтегрованої бази даних	Кількість повторів інтегрованої бази даних	Назва повторів інтегрованої бази даних
IPR007726 SSXT домен/родина	PFAM	PF05030	SSXT протеїн (N-термінальна ділянка)
IPR007726 SSXT домен/родина	Panther	PTHR23107	SS18 БЛОК АСОЦІЙОВАНИЙ З СИНОВІАЛЬНОЮ САРКОМОЮ

Окрім цього, легко визначають наявність Met-збагаченого домену або QG-збагаченого домену у SYT поліпептидних послідовностях. Як показано на Фіг. 6, Met-збагачений домен та QG-збагачений домен знаходяться після SNH домену. QG-збагачений домен може бути C-термінальним залишком поліпептиду (мінус SHN домен); Met-збагачений домен зазвичай знаходиться у першій половині QG-збагаченого (між N-кінцем та C-кінцем) домену. Первинний амінокислотний склад (у %), якщо поліпептидний домен є збагаченим специфічними амінокислотами, розраховують використовуючи програми з ExPASy серверу (Gasteiger E et al. (2003) ExPASy: the proteomics server for in-depth protein knowledge and analysis. Nucleic Acids Res 31:3784-3788), зокрема, ProtParam. Склад потрібного поліпептиду після цього порівнюють з середнім складом амінокислот (у %) у банку даних Swiss-Prot Protein Sequence (Таблиця С.3). В цьому банку даних, середній вміст Met (M) складає 2,37 %, середній вміст Gln (Q) складає 3,93 % та середній вміст Gly (G) складає 6,93 % (Таблиця С.3). Як визначено у даному документі, Met-збагачений домен або QG-збагачений домен має вміст Met (у %) або вміст Gln та Gly (у %) вище, ніж середній склад амінокислот (у %) у банку даних Swiss-Prot Protein Sequence. Наприклад, у SEQ ID NO: 121 Met-збагачений домен на N-кінці, який передусь SNH домену (положення амінокислот 1-24) має вміст Met 20,8 % та QG-збагачений домен (положення амінокислот 71-200) має вміст Gln (Q) 18,6 % та вміст Gly (G) 21,4 %. Бажано, Met домен як вказано у даному документі, має вміст Met (у %), що складає щонайменше 1,25, 1,5, 1,75, 2,0,

2,25, 2,5, 2,75, 3,0, 3,25, 3,5, 3,75, 4,0, 4,25, 4,5, 4,75, 5,0, 5,25, 5,0, 5,75, 6,0, 6,25, 6,5, 6,75, 7,0, 7,25, 7,5, 7,75, 8,0, 8,25, 8,5, 8,75, 9,0, 9,25, 9,5, 9,75, 10 або більше, стільки ж як середній амінокислотний склад (у %) вказаного типу протеїнових послідовностей, включених у банк даних Swiss-Prot Protein Sequence. Бажано, QG-збагачений домен, як вказано у даному документі, має вміст Gln (Q) та/або Gly (G) який становить щонайменше 1,25, 1,5, 1,75, 2,0, 2,25, 2,5, 2,75, 3,0, 3,25, 3,5, 3,75, 4,0, 4,25, 4,5, 4,75, 5,0, 5,25, 5,0, 5,75, 6,0, 6,25, 6,5, 6,75, 7,0, 7,25, 7,5, 7,75, 8,0, 8,25, 8,5, 8,75, 9,0, 9,25, 9,5, 9,75, 10 стільки ж як середній амінокислотний склад (у %) вказаного типу протеїнових послідовностей, включених у банк даних Swiss-Prot Protein Sequence.

Таблиця С.3:

Середній амінокислотний склад (%) протеїнів банку даних SWISS PROT Protein Sequence (July 2004):

Залишок	%	Залишок	%
A=Ala	7,80	M=Met	2,37
C=Cys	1,57	N=Asn	4,22
D=Asp	5,30	P=Pro	4,85
E=Glu	6,59	Q=Gln	3,93
F=Phe	4,02	R=Arg	5,29
G=Gly	6,93	S=Ser	6,89
H=His	2,27	T=Thr	5,46
I=Ile	5,91	V=Val	6,69
K=Lys	5,93	W=Trp	1,16
L=Leu	9,62	Y=Tyr	3,09

Приклад 5: Прогнозування субклітинного розташування GRF поліпептидних послідовностей, придатних для здійснення способів винаходу

Експериментальні способи локалізації протеїнів включають від імунолокалізації до мічення протеїнів, використовуючи зелений флуоресцентний протеїн (GFP) або бета-глюкуронідазу (GUS). Наприклад, GRF поліпептид гібридизований з GUS репортерним геном, використовували для недовготривалого трансформування епідермальних клітин луку (van der Knapp et al. (2000) Plant Phys 122: 695-704). Ядро розглядали як внутрішньоклітинний компартмент GRF поліпептиду. Такі способи компартменталізації GRF поліпептидів є добре відомими у галузі.

Сигнал прогнозованої ядерної локалізації (NLS) виявляли багаторазовим вирівнюванням послідовності, після чого перевіряли наочно, у WRC домені (CRRTDGKKWRC) GRF поліпептиду Таблиці А. NLS є однією з найкоротших послідовностей позитивно заряджених лізину або аргініну.

Здійснювали комп'ютерне передбачення локалізації протеїну на основі даних послідовності. Серед добре відомих у галузі алгоритмів використовували ExPASy Proteomics tools, які є власністю Swiss Institute for Bioinformatics, наприклад, PSort, TargetP, ChloroP, LocTree, Predotar, LipoP, MITOPROT, PATS, PTS1, SignalP та ін.

LOCtree є алгоритмом, що передбачає внутрішньоклітинну локалізацію та схильність до зв'язування ДНК немембранними протеїнами у рослинних та нерослинних еукаріот, а також прокаріот. LOCtree класифікує еукаріотичні тваринні протеїни у п'ять субклітинних класів, у той час як рослинні протеїни класифікують як шість класів та прокаріотичні протеїни класифікують як один з трьох класів. Таблиця D нижче показує результат розрахунків LOCtree, використовуючи інформацію поліпептидної послідовності SEQ ID NO: 2. Висока достовірність прогнозу має значення індексу достовірності більше ніж 5.

Таблиця D:

Результати розрахунків LOCtree, використовуючи інформацію поліпептидної послідовності SEQ ID NO: 2

Прогнозована локалізація	Індекс надійності	Проміжне прогнозування локалізації (результати різних SVM у ієрархічному дереві)	Індекс надійності
ДНК зв'язування	6	Не секретована, ядерна, ДНК-зв'язування	8, 6, 9

Прогнозованим внутрішньоклітинним компартментом GRF поліпептиду, представленого SEQ ID NO: 2, використовуючи алгоритм LOCTree, є ядро.

Приклад 6: Аналіз поліпептидних послідовностей, придатних для здійснення способів винаходу

GRF поліпептиди та SYT поліпептиди, придатні у способах даного винаходу (щонайменше у їх нативній формі), зазвичай, проте необов'язково, мають активність регулювання транскрипції та здатність взаємодіяти з іншими протеїнами. ДНК-зв'язувальну активність та взаємодію протеїн-протеїн визначають *in vitro* або *in vivo*, використовуючи добре відомі у галузі технології (наприклад, у *Current Protocols in Molecular Biology*, Volumes 1 and 2, Ausubel et al. (1994), *Current Protocols*). GRF поліпептиди здатні активувати транскрипцію репортерних генів у клітинах дріжджів (Kim & Kende (2004) *Proc Natl Acad Sci* 101(36): 13374-13379). GRF поліпептиди також здатні взаємодіяти з SYT поліпептидами (що також називають GRF взаємодіючий фактор або GIF) *in vivo* у дріжджових клітинах, використовуючи аналіз взаємодії протеїн-протеїн у дво-гібридних дріжджах (Kim & Kende, *supra*). *In vitro* зв'язувальні дослідження також застосовують щоб показати, що GRF поліпептиди та SYT поліпептиди є взаємодіючими партнерами (Kim & Kende, *supra*). Експерименти, описані у даному документі, є корисними для характеризовання GRF поліпептидів та SYT поліпептидів, та є добре відомими у галузі.

Приклад 7: Клонування послідовностей нуклеїнових кислот, придатних для здійснення способів винаходу.

Доки не вказано протилежне, технології рекомбінації ДНК здійснюють за стандартними методиками, описаними у (Sambrook (2001) *Molecular Cloning: a laboratory manual*, 3rd Edition Cold Spring Harbor Laboratory Press, CSH, New York) or in Volumes 1 and 2 °F Ausubel et al. (1994), *Current Protocols in Molecular Biology*, *Current Protocols*. Стандартні матеріали та способи для роботи з рослинами на рівні молекул описані у *Plant Molecular Biology Labfax* (1993) by R.D.D. Croy, опублікованій BIOS Scientific Publications Ltd (UK) та Blackwell Scientific Publications (UK).

Клонування послідовності нуклеїнової кислоти, представленої SEQ ID NO: 1

кДНК *Arabidopsis thaliana*, яка кодує GRF поліпептидну послідовність, представлену SEQ ID NO: 2, ампліфікували за допомогою ПЛР, використовуючи як зразок банк даних кДНК *Arabidopsis* синтезованих з мРНК, екстрагованих з перемішаних рослинних тканин. Праймер prm08136 SEQIDNO:42,;: 5'- ggggaccactttgtacaagaaagctgggttaaaaaccattttaacgcacg). Наступні праймери, які включають сайти AttB для Gateway рекомбінації, використовували для ПЛР ампліфікації:

1) Prm 10010 (SEQ ID NO: 118, смислова):
5'-GGGGACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTTAAACAATGATGAGTCTAAGTGGAAGTAG-3'

2) Prm 10011 (SEQ ID NO: 119, зворотня, комплементарна):
5'-GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGTAGCTCTACTTAATTAGCTACCAAG-3'

Клонування послідовності нуклеїнової кислоти, представленої SEQ ID NO: 120
кДНК *Arabidopsis thaliana*, яка кодує SYT поліпептидну послідовність, представлену SEQ ID NO: 121, ампліфікували за допомогою ПЛР, використовуючи як зразок банк даних кДНК *Arabidopsis* синтезованих з мРНК, екстрагованих з перемішаних рослинних тканин. Наступні праймери, які включають сайти AttB для Gateway рекомбінації, використовували для ПЛР ампліфікації:

1) Prm06681 (SEQ ID NO: 265, смислова):
5'-GGGGACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTTAAACAATGCAACAGCACCTGATG-3'

2) Prm 06682 (SEQ ID NO: 266, зворотня, комплементарна):
5'- GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGTCATCATTAAGATTCCTTGTGC-3'

ПЛР реакції здійснювали незалежно для SEQ ID NO: 1 та SEQ ID NO: 120, використовуючи Hifi Taq ДНК полімер азу у стандартних умовах. ПЛР фрагмент потрібної довжини (включаючи attB сайти) ампліфікували та очищали також використовуючи стандартні технології. Після цього здійснювали першу стадію процедури Gateway, реакцію BP, протягом якої ПЛР фрагмент рекомбінували *in vivo* з рDONR201 плазмідом для отримання, згідно з терманологією Gateway, "вхідного клону". Використовували плазмиду рDONR201 Invitrogen, як частину технології Gateway®.

Приклад 8: Конструювання вектору експресії, використовуючи послідовності нуклеїнових кислот, представлені SEQ ID NO: 1 та SEQ ID NO: 120

Вхідні клони, які незалежно містили SEQ ID NO: 1 та SEQ ID NO: 120, після цього використовували незалежно у реакції LR з вектором призначення, використаним для трансформації *Oryza sativa*. Цей вектор містив функціональні елементи в межах Т-ДНК:

рослинний селективний маркер; експресійна касета селективного маркеру; та Gateway касету, потрібну для LR *in vivo* рекомбінації з бажаною послідовністю нуклеїнової кислоти вже клонованої у вхідному клоні. Промотор GOS2 рису (SEQ ID NO: 117) для конститутивної експресії розташований вище над Gateway касетою.

Після стадії LR рекомбінації, отримані вектори експресії pGOS2:GRF та pGOS2: SYT (Фіг. 9) були незалежно трансформовані штамом *Agrobacterium* LBA4044 згідно з відомими у галузі способами.

Приклад 9: Трансформація рослини

Трансформація рису

Штам *Agrobacterium*, який містить вектор експресії pGOS2: SYT, використовували для трансформації рослин *Oryza sativa*. Зріле сухе насіння рису *japonica* cultivar Nipponbare відлущували. Стерилізацію здійснювали шляхом інкубації протягом однієї хвилини у 70 % етанолі, після чого 30 хв. у 0,2 %HgCl₂, після чого 6 разів по 15 хв. промивали стерильною дистильованою водою. Стерильне насіння після цього проростало на середовищі, яке містило 2,4-D (калусне середовище). Після інкубації в темноті протягом чотирьох тижнів, вибирали ембріогенні, щиток-похідні калуси та вирощували у тому ж середовищі. Через два тижні збільшували кількість калусів або розмножували субкультурами на тому ж середовищі протягом ще двох тижнів. Частини ембріогенного калусу субкультивували на свіжому середовищі протягом 3 днів перед спів-культивацією (для підтримки активності клітинного поділу).

Штам *Agrobacterium* LBA4404, який містить кожен індивідуальний вектор експресії, використовували незалежно для спів-культивації. *Agrobacterium* інокулювали на АВ середовищі відповідними антибіотиками та культивували протягом 3 днів при 28 °C. Після цього бактерії збирали та суспендували у рідкому середовищі спів-культивування до щільності (OD₆₀₀) приблизно 1. Суспензію потім переміщали у чашку Петрі та калусі з'являлись у суспензії протягом 15 хв. Тканину калусів висушували на фільтрувальному папері та переміщали на застигле спів-культивоване середовище та інкубували протягом 3 днів у темноті при 25 °C. Спів-культивовані калуси вирощували у середовищі, яке містить 2,4-D, протягом 4 тижнів у темноті при 28 °C у присутності селективного агента. Протягом цього періоду розвились швидко зростаючі резистентні островки калусу. Після перенесення цього матеріалу на регенеруюче середовище та інкубування при світлі, вивільнявся ембріогенний потенціал та пагін розвивався протягом наступних чотирьох - п'яти тижнів. Пагони відділяли від калусу та інкубували протягом 2-3 тижнів на середовищі, які містило ауксин, з якого їх переміщали у ґрунт. Пагони, що зміцніли, вирощували в умовах сильної вологості та скорочених днів у теплицях.

Для кожного конструктору отримували приблизно 35 незалежних T0 трансформантів рису. Первинні трансформанти переміщали з камери для культури тканин до теплиці. Після кількісного ПЛР аналізу для кількості копій вставок Т-ДНК, для вирощування насіння T1 брали тільки трансгенні рослини з однією копією, які проявляли толерантність до селективного агента. Насіння після цього вирощували протягом 3-5 місяців після трансплантування. При застосування способу отримують однолокусні трансформанти з рівнем приблизно 50 % (Aldemita and Hodges1996, Chan et al. 1993, Hiei et al. 1994).

Пере-трансформація рису

Під пере-трансформацією рису у даному документі розуміють трансформацію рослин рису, вже трансгенних за іншим конструктором.

Зокрема, насіння, зібране з трансгенних гомозиготних рослин, які експресували послідовність нуклеїнової кислоти, що кодує SYT поліпептид, пере-трансформували вектором експресії Прикладу 7. Окрім цієї різниці в вихідному рослинному матеріалі, та застосуванні іншого селективного маркеру для пере-трансформації у порівнянні з селективним маркером для первинної трансформації, все інше у процедурі було таким як описано вище.

Приклад 10: Процедура оцінки фенотипу

10.1 Процедура оцінки

Отримували приблизно 35 незалежних T0 пере-трансформантів рису. Ці рослини потім переміщали з камери для культури тканин до теплиці для вирощування та збирання насіння T1. Тепличні умови включали скорочені дні (12 годин світла), 28 °C на світлі та 22 °C у темноті, та відносна вологість біля 70 %.

ПЛР здійснювали на наявність (i) трансфетованої ізольованої нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид, представлений SEQ ID NO: 2; та (ii) трансфетованої ізольованої нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, представлений SEQ ID NO: 121. ПЛР також здійснювали на наявність та кількість копій промоторів, термінаторів селективних маркерів рослин. Вибрані трансгенні рослини вирощували до гомозигот по обом трансгенним локусам.

10.2 Статистичний аналіз: F-тест

Двофакторний ANOVA (аналіз варіантів) використовували як статистичну модель для загальної оцінки характеристик рослинного фенотипу. F-тест по всім параметрам, які вимірювали для всіх рослин для всіх випадків трансформування геном даного винаходу. F-тест здійснювали для перевірки результату трансформування геном у всіх випадках та перевірити глобальний вплив гену, також відомий як глобальний генний вплив. Предел значущості для глобального генного впливу встановили на 5 % очікуваного рівня для F-тесту. Значне значення F-тесту щодо впливу генів означає, що різниця у фенотипах залежить не тільки від наявності або положення гену.

10.3 Виміряні параметри

Вимірювання параметрів насіння

Індивідуальні параметри насіння (включаючи ширину, довжину, площу) вимірювали, використовуючи виготовлений на замовлення пристрій, який складається з двох компонентів, зважувального та зображувального пристроїв, приєднаних до комп'ютеру для виведення зображення на екран.

Приклад 11: Результати вимірювання розмірів насіння пере-трансформованих рослин рису

Гомозиготні трансгенні рослини рису, які експресують послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, представлений SEQ ID NO: 121, під контролем конститутивного промотера, пере-трансформували вектором експресії Прикладу 7, наведеного вище, містять послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид SEQ ID NO: 2, також під контролем конститутивного промотера. Пере-трансформовані рослини рису потім вирощували до гомозигот по обом локусам.

На Фіг. 7 зліва показано волоть рису (*Oryza sativa* ssp. *Japonica* cv. *Nipponbare*) трансформовану контрольним вектором, та справа показано волоть рису (*Oryza sativa* ssp. *Japonica* cv. *Nipponbare*), трансформовану двома конструктами: (1) послідовністю нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид під контролем GOS2 промотера (pGOS2) рису; та (2) послідовністю нуклеїнових кислот, яка кодує SYT поліпептид під контролем GOS2 промотера (pGOS2) рису. Рослини рису, трансформовані обома конструктами, є гомозиготами по обом локусам. Рослинна біомаса, кількість волотей, розмір волоті, кількість насіння та розмір насіння є значно підвищеними у пере-трансформованих рослин рису, у порівнянні з тими ж параметрами рослин рису, трансформованих контрольним вектором.

Садити насіння, зібране з пере-трансформованих рослин рису, та гомозигот по обом локусам, та зразки 30 насін'я фотографували. На Фіг. 8 у верхньому рядку зліва на право показано 30 одиниць зрілого насіння рису (*Oryza sativa* ssp. *Japonica* cv. *Nipponbare*):

(а) Рослин, трансформованих одним конструктом, який містить послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, представлений SEQ ID NO: 120, під контролем GOS2 промотера (pGOS2) рису;

(b) Рослин, трансформованих двома конструктами: (1) послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид, представлений SEQ ID NO: 2, під контролем GOS2 промотера (pGOS2) рису; та (2) послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, представлений SEQ ID NO: 120, під контролем GOS2 промотера (pGOS2) рису;

(с) Рослин, трансформованих одним конструктом, який містить послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид, представлений SEQ ID NO: 2, під контролем GOS2 промотера (pGOS2) рису;

(d) Нульових зигот (контрольні рослини) з а;

(е) Нульових зигот (контрольні рослини) з с;

Збільшення розміру насіння було видно наочно.

Гомозиготне насіння 6 трансгенних випадків зображували для оцінки середньої площі насіння, середньої довжини насіння та середньої ширини насіння та потім порівнювали з такими ж параметрами, виміряними у (i) гомозиготного насіння рослин, трансформованих одним конструктом, який містить послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид; та (ii) насіння контрольних рослин (нульових зигот) з (i). Результатів показаних на Таблиці Е нижче.

Таблиця Е:

Оцінки середньої площі насіння, середньої довжини насіння та середньої ширини насіння, зібраного з гомозиготних пере-трансформованих рослин рису у порівнянні з придатним контрольним насінням.

	У порівнянні з гомозиготним насінням рослин, трансформованих одним конструктом, який містить послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид	У порівнянні з насінням контрольних рослин (нульові зиготи)
Площа насіння	Щонайменше 11 % збільшення	Щонайменше 26 % збільшення
Довжина насіння	Щонайменше 8 % збільшення	Щонайменше 21 % збільшення
Ширина насіння	Щонайменше 3 % збільшення	Щонайменше 6 % збільшення

Приклад 12: Приклади трансформації інших зернових
Трансформація кукурудзи

- 5 Трансформацію кукурудзи (*Zea mays*) здійснювали з модифікацією способу, описаного Ishida et al. (1996) Nature Biotech 14(6): 745-50. Трансформація зерна залежить від генотипу та тільки специфічні генотипи піддаються трансформуванню та регенерації. Інбредна лінія A188 (University of Minnesota) або гібриди з A188 як батьківські рослини є добрим джерелом матеріалу для трансформації, проте інші генотипи також можна вдало використовувати.
- 10 Колоски збирають з зернових через приблизно 11 днів після опилення (DAP), коли довжина незрілого ембріону дорівнює приблизно 1-1,2 мм. Незрілий ембріон співкультивують з *Agrobacterium tumefaciens*, який містить вектор експресії, та отримують трансгенні рослини шляхом органогенезу. Видалені ембріони вирощували на калусному середовищі, яке містило селективний агент (наприклад, імідазоліон, проте можна використовувати різноманітні селективні маркери). Чашки Петрі інкубували на світлі при 25 °C протягом 2-3 тижнів, або до розвитку пагону. Зелений пагін переносили з кожного ембріону середовище для укорінення кукурудзи та інкубували при 25 °C протягом 2-3 тижнів, до розвитку коріння. Закоренілий пагін трансплантували у ґрунт у теплиці. T1 насіння отримували з рослин, які проявляли толерантність до селективного агента та містили одну копію вставки T-ДНК.

- 20 Трансформація пшениці
- Трансформацію пшениці здійснювали за способом, описаним Ishida et al. (1996) Nature Biotech 14(6): 745-50. Культивар Bobwhite (available from CIMMYT, Mexico) зазвичай застосовують для трансформації. Незрілий ембріон співкультивують з *Agrobacterium tumefaciens*, який містить вектор експресії, та отримують трансгенні рослини шляхом органогенезу. Після інкубації з *Agrobacterium*, ембріон вирощували *in vitro* на казусному середовищі, потім на відновлюючому середовищі, яке містило селективний агент (наприклад, імідазоліон, проте можна використовувати різноманітні селективні маркери). Чашки Петрі інкубували на світлі при 25 °C протягом 2-3 тижнів, або до розвитку пагону. Зелений пагін переносили з кожного ембріону до середовища для укорінення кукурудзи та інкубували при 25 °C протягом 2-3 тижнів, до розвитку коріння. Закоренілий пагін трансплантували у ґрунт у теплиці. T1 насіння отримували з рослин, які проявляли толерантність до селективного агента та містили одну копію вставки T-ДНК.

Трансформація сої

- 35 Трансформацію сої здійснювали з модифікацією способу, описаного у Texas A&M патенті US 5,164,310. Декілька комерційних сортів сої піддавали трансформації за цим способом. Культивар Jack (наявний від Illinois Seed foundation) зазвичай використовують для трансформації. Насіння сої стерилізували для сіяння *in vitro*. Гіпокотиль, корінець та одну сім'ядолю видаляли з семиденних молодих саджанців. Епикотиль та іншу сім'ядолю вирощували до розвитку пазушних бруньок. Ці пазушні бруньки видаляли та інкубували з *Agrobacterium tumefaciens*, який містив вектор експресії. Після співкультивування, експлантати промивали та переносили на селективне середовище. Відновлений пагін видаляли та переносили на середовище для подовження пагону. Пагони розміром не більше 1 см поміщали на середовище для розвитку коріння до розвитку коріння. Закоренілий пагін трансплантували у ґрунт у теплиці. T1 насіння отримували з рослин, які проявляли толерантність до селективного агента та містили одну копію вставки T-ДНК.
- 45

Трансформація рапсу/каноли

Сім'ядольні черешки та гіпокотили 5-6 денних саджанців використовували як експлантати для культури тканин та трансформували згідно з Babic et al. (1998, Plant Cell Rep 17: 183-188). Комерційний культивар Westar (Agriculture Canada) є звичайним сортом, який використовують для трансформації, проте можна застосовувати і інші сорти. Поверхню насіння каноли стерилізували для сіяння *in vitro*. Експлантати черешку сім'ядолі з приєднаною сім'ядолею видаляли з *in vitro* саджанців, та інокулювали *Agrobacterium* (який містив вектор експресії) шляхом занурення відрізаного кінця експлантату черешку у бактеріальну суспензію. Після цього експлантати культивували протягом 2 днів на середовищі MSBAP-3, яке містить 3 мг/л BAP, 3 % цукрозу, 0,7 % Phytagar при 23 °C, при 16 год. світла. Через 2 дні спів культивування з *Agrobacterium*, експлантати черешку переносили на середовище MSBAP-3, яке містило 3 мг/л BAP, цефотаксим, карбеніцилін, або тиментин (300 мг/л) протягом 7 днів, та потім культивували на середовищі MSBAP-3 з цефотаксимом, карбеніциліном або тиментином та селективним агентом до утворення пагону. Коли довжина пагонів становила 5-10 мм, їх відрізали та переносили на середовище для подовження пагону (MSBAP-0,5, яке містило 0,5 мг/л BAP). Пагони довжиною 2 см переносили на середовище для укорінення (MS0) для утворення коренів. Закоренілий пагін трансплантували у ґрунт у теплиці. Т1 насіння отримували з рослин, які проявляли толерантність до селективного агента та містили одну копію вставки Т-ДНК.

Трансформація люцерни

Регенований клон люцерни (*Medicago sativa*) трансформували, використовуючи спосіб (McKersie et al., 1999 Plant Physiol 119: 839-847). Регенерація та трансформація люцерни залежать від генотипу та тому потрібна регенована рослина. Способи отримання рослин були описані раніше. Наприклад, рослини вибирають з культивуру Rangelander (Agriculture Canada) або будь-якого іншого комерційно наявного сорту люцерни, як описано Brown DCW та A Atanassov (1985, Plant Cell Tissue Organ Culture 4: 111-112). Альтернативно, сорт RA3 (University of Wisconsin) вибрали для отримання культури тканин (Walker et al., 1978 Am J Bot 65:654-659). Експлантати черешку співкультивували з культурою *Agrobacterium tumefaciens* C58C1 pMP90 (McKersie et al., 1999 Plant Physiol 119: 839-847), отриманою ввечері, або LBA4404, яка містила вектор експресії. Експлантати співкультивували протягом 3 днів у темноті на SH середовищі, яке містило 288 мг/л Pro, 53 мг/л тіопроліну, 4,35 г/л K₂SO₄, та 100 мкм ацетосирінгіону. Експлантати промивали в два рази розведеним середовищем Murashige-Skoog (Murashige and Skoog, 1962) та садили на те саме SH середовище без ацетосирінгіону, проте з придатним селективним агентом та придатним антибіотиком щоб пригнічувати ріст *Agrobacterium*. Через декілька тижнів, соматичний ембріон переносили на середовище BOi2Y, яке не містило регуляторів росту, антибіотиків та містило 50 г/л цукрози. Соматичний ембріон пророщували на середовищі Murashige-Skoog, розведеному в 2 рази. Закоренілі пагони трансплантували у ґрунт у теплиці. Т1 насіння отримували з рослин, які проявляли толерантність до селективного агента та містили одну копію вставки Т-ДНК.

Трансформація бавовни

Трансформацію бавовни (*Gossypium hirsutum* L.) здійснювали, використовуючи *Agrobacterium tumefaciens*, на експлантатах сім'ядолі. Комерційні культиви, такі як Coker 130 або Coker 312 (SeedCo, Lubbock, TX) є стандартними сортами, які використовують для трансформації, проте інші сорти також можна використовувати. Поверхню насіння стерилізували та пророщували в темноті. Експлантати сім'ядолі відрізали від пророщеного насіння довжиною приблизно 1-1,5 см. Експлантат сім'ядолі занурювали у інокулят *Agrobacterium tumefaciens*, який містив вектор експресії, протягом 5 хв., потім співкультивували протягом 48 годин на MS+1,8 мг/л KNO₃+2 % глюкоза при 24° C, у темноті. Експлантати переносили АН таке ж саме середовище, яке містило відповідні бактеріальні та рослинні селективні маркери (які поновлювали декілька раз), доки не з'являлись ембріонні калуси. Калуси відділяли та співкультивували до появи соматичного ембріону. Паростки, що з'явились з соматичного ембріону, дозрівали на середовищі для укорінення до розвитку коріння. Закоренілі пагони трансплантували у ґрунт у теплиці. Т1 насіння отримували з рослин, які проявляли толерантність до селективного агента та містили одну копію вставки Т-ДНК.

ФОРМУЛА ВИНАХОДУ

1. Спосіб підвищення показників врожайності рослин, який включає збільшення експресії у рослині: (i) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує поліпептид Фактора Регулювання Росту (GRF); та (ii) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує поліпептид транслокації синовіальної саркоми (SYT), де вказані показники врожайності є підвищеними відносно до рослин з

підвищеною експресією однієї з: (i) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид, або (ii) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, причому вказаний GRF поліпептид містить:

(i) домен, амінокислотна послідовність якого на щонайменше 50 % ідентична до QLQ домену, представленого SEQ ID NO:115; та

(ii) домен, амінокислотна послідовність якого на щонайменше 50 % ідентична до WRC домену, представленого SEQ ID NO:116, і

причому вказаний SYT поліпептид містить між N-кінцем та C-кінцем:

(i) SNH домен, ідентичність послідовності якого збільшується на щонайменше 20 % до SNH домену SEQ ID NO:262; та

(ii) Met-збагачений домен; та

(iii) QG-збагачений домен.

2. Спосіб за п. 1, де вказаний GRF поліпептид містить: (i) домен, амінокислотна послідовність якого на щонайменше 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % або більше ідентична до QLQ домену, представленого SEQ ID NO:115; та (ii) домен, амінокислотна послідовність якого на щонайменше 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % або більше ідентична до WRC домену, представленого SEQ ID NO:116.

3. Спосіб за пп. 1 або 2, де вказаний GRF поліпептид містить: (i) QLQ домен з InterPro повтором IPR014978 (PFAM повтор PF08880); (ii) WRC домен з InterPro повтором IPR014977 (PFAM повтор PF08879); та (iii) домен ефектора транскрипції (ET), який містить три Cys та один His залишки у консервативному регіоні (CX9CX10CX2H).

4. Спосіб за будь-яким з попередніх пунктів, де ідентичність амінокислотної послідовності вказаного GRF поліпептиду збільшується у порядку переважності на щонайменше 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % або більше до GRF поліпептиду, представленого SEQ ID NO:2 або до будь-яких поліпептидних послідовностей, наведених у Таблиці A.1.

5. Спосіб за будь-яким з попередніх пунктів, де вказана послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид, представлена будь-якою послідовністю нуклеїнової кислоти SEQ ID NO, наведеною у Таблиці A.1 або її частиною, або послідовністю, здатною до гібридизації з будь-якою послідовністю нуклеїнової кислоти SEQ ID NO, наведеної у Таблиці A.1.

6. Спосіб за будь-яким з попередніх пунктів, де вказана послідовність нуклеїнової кислоти кодує ортолог або паролог будь-якої GRF поліпептидної послідовності SEQ ID NO, наведеної у Таблиці A.1.

7. Спосіб за будь-яким з попередніх пунктів, де вказана послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид, є операбельно зв'язаною з конститутивним промотером, більш бажано з GOS2 промотером, найбільш бажано з GOS2 промотором рису, представленим SEQ ID NO:117.

8. Спосіб за будь-яким з попередніх пунктів, де вказана послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид має рослинне походження, бажано походить від дводольної рослини, більш бажано з родини Brassicaceae, найбільш бажано з *Arabidopsis thaliana*.

9. Спосіб за п. 1, де вказана послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, де вказаний SYT поліпептид містить між N-кінцем та C-кінцем: (i) SNH домен, ідентичність послідовності якого збільшується у порядку переважності на щонайменше 25 %, 30 %, 35 %, 40 %, 45 %, 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % до SNH домену SEQ ID NO:262; та (ii) Met-збагачений домен; та (iii) QG-збагачений домен.

10. Спосіб за будь-яким з пп. 1-9, де вказаний SYT поліпептид додатково містить найбільш консервативні залишки SNH домену, представленого SEQ ID NO:263 та показаного на Фіг. 5.

11. Спосіб за будь-яким з пп. 1-10, де вказаний SYT поліпептид містить домен, ідентичність послідовності якого збільшується у порядку переважності на щонайменше 20 %, 25 %, 30 %, 35 %, 40 %, 45 %, 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % до SSXT домену з InterPro повтором IPR007726 SEQ ID NO: 264.

12. Спосіб за будь-яким з пп. 1-10, де ідентичність амінокислотної послідовності вказаного SYT поліпептиду збільшується у порядку переважності на щонайменше 20 %, 25 %, 30 %, 35 %, 40 %, 45 %, 50 %, 55 %, 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 %, 98 %, 99 % або більше до SYT поліпептиду, представленого SEQ ID NO:121 або до будь-яких послідовностей непроцесованих поліпептидів, наведених у Таблиці A.2.

13. Спосіб за будь-яким з пп. 1-12, де вказана послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, представлена будь-якою послідовністю нуклеїнової кислоти SEQ ID NO, наведеною у Таблиці A.2, або її частиною, або послідовністю, здатною до гібридизації з будь-якими послідовностями нуклеїнових кислот SEQ ID NO, наведеними у Таблиці A.2.

14. Спосіб за будь-яким з пп. 1-13, де вказана послідовність нуклеїнової кислоти кодує ортолог або паролог будь-якої послідовності SYT поліпептиду SEQ ID NO, наведеної у Таблиці A.2.
15. Спосіб за будь-яким з пп. 1-14, де вказана послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, є операбельно зв'язаною з конститутивним промотором, більш бажано з GOS2 промотором, найбільш бажано з GOS2 промотором рису, представленого SEQ ID NO:117.
16. Спосіб за будь-яким з пп. 1-15, де вказана послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, має рослинне походження, бажано походить від дводольної рослини, більш бажано з родини Brassicaceae, найбільш бажано з *Arabidopsis thaliana*.
17. Спосіб за будь-яким з пп. 1-16, де вказану підвищену експресію отримують шляхом введення та експресії у рослині: (i) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид; та (ii) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид.
18. Спосіб за п. 17, де вказані послідовності нуклеїнових кислот (i) та (ii) послідовно вводять та експресуються у рослині, бажано шляхом схрещування, більш бажано шляхом перетрансформації.
19. Спосіб за п. 18, де вказане схрещування здійснюють між батьківською рослиною жіночої статі, яка містить введену та експресовану ізольовану послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид, та батьківською рослиною чоловічої статі, яка містить введену та експресовану ізольовану послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, або реципрокно, та шляхом відбору потомства на наявність та експресію обох трансгенів, де вказана рослина має підвищені показники врожайності відносно до кожної батьківської рослини.
20. Спосіб за п. 18, де вказану перетрансформацію здійснюють шляхом введення та експресування послідовності нуклеїнових кислот, яка кодує GRF поліпептид у рослині, частині рослини або рослинній клітині, яка містить введену та експресовану послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, або реципрокно.
21. Спосіб за п. 17, де вказані послідовності нуклеїнових кислот (i) та (ii) одночасно вводять та експресуються у рослині.
22. Спосіб за п. 21, де вказані послідовності нуклеїнових кислот (i) та (ii) входять до однієї або кількох молекул нуклеїнової кислоти.
23. Спосіб за будь-яким з попередніх пунктів, де вказаним підвищеним показником врожайності є одна або кілька з наступних: (i) підвищена рання сила; (ii) підвищена біомаса надземної частини рослини; (iii) підвищений загальний вихід насіння на рослину; (iv) підвищений показник наповнення насіння; (v) підвищена кількість (наповненого) насіння; (vi) підвищений індекс врожайності; або (vii) підвищена маса тисячі зерен (TKW).
24. Спосіб за будь-яким з попередніх пунктів, де вказана послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид, та вказана послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, є операбельно та послідовно зв'язаними з конститутивним промотором, бажано рослинним конститутивним промотором, більш бажано з GOS2 промотором, найбільш бажано з GOS2 промотором рису, представленим SEQ ID NO:117.
25. Конструкт, який містить:
- (a) послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид, визначений в будь-якому з пп. 1-6 та 8;
- (b) послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, визначений в будь-якому з пп. 1, 9-14 та 16;
- (c) одну або кілька контрольних послідовностей, здатних керувати експресією послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує (a) та (b); та необов'язково
- (d) послідовність термінації транскрипції.
26. Конструкт за п. 25, де вказаною контрольною послідовністю є щонайменше один промотор, бажано GOS2 промотор, більш бажано GOS2 промотор, представлений SEQ ID NO:117.
27. Суміш конструктів, де щонайменше один конструкт містить:
- (a) послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид, визначений в будь-якому з пп. 1-6 та 8;
- (b) одну або кілька контрольних послідовностей, здатних керувати експресією послідовності нуклеїнової кислоти (a); та необов'язково
- (c) послідовність термінації транскрипції,
- та, де щонайменше один інший конструкт містить:
- (d) послідовність нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, визначений в будь-якому з пп. 1, 9-14 та 16;
- (e) одну або кілька контрольних послідовностей, здатних керувати експресією послідовності нуклеїнової кислоти (d); та, необов'язково,
- (f) послідовність термінації транскрипції.

28. Суміш за п. 27, де вказана контрольна послідовність (b) та/або (e) є щонайменше одним конститутивним промотором, бажано GOS2 промотором, більш бажано GOS2 промотором, представленим SEQ ID NO:117.

29. Застосування конструкту за п. 25 або 26, або суміші конструктів за п. 27, у способі отримання рослин з підвищеними показниками врожайності у порівнянні з рослинами з підвищеною експресією однієї з: (a) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид, або (b) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, підвищеними показниками врожайності якої є один або кілька з наступних: (i) підвищена рання сила; (ii) підвищена біомаса надземної частини рослини; (iii) підвищений загальний вихід насіння на рослину; (iv) підвищений показник наповнення насіння; (v) підвищена кількість (наповненого) насіння; (vi) підвищений індекс врожайності; або (vii) підвищена маса тисячі зерен (TKW).

30. Спосіб отримання трансгенних рослин з підвищеними показниками врожайності у порівнянні з рослинами з підвищеною експресією однієї з: (i) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид, або (ii) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, який включає:

a) введення та експресію у рослині, частині рослини або рослинній клітині, послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид, визначений в будь-якому з пп. 1-6 та 8, під контролем конститутивного промотора; та

b) введення та експресію у рослині, частині рослини або рослинній клітині послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, визначений в будь-якому з пп. 1, 9-14 та 16, під контролем конститутивного промотора; та

c) культивування рослинної клітини, частини рослини або рослини в умовах, які стимулюють ріст та розвиток рослини.

31. Трансгенна рослина з підвищеними показниками врожайності у порівнянні з рослинами з підвищеною експресією однієї з: (i) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид; або (ii) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, отриманими завдяки підвищеній експресії: (i) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид, визначений в будь-якому з пп. 1-6 та 8; та (ii) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, визначений в будь-якому з пп. 1, 9-14 та 16.

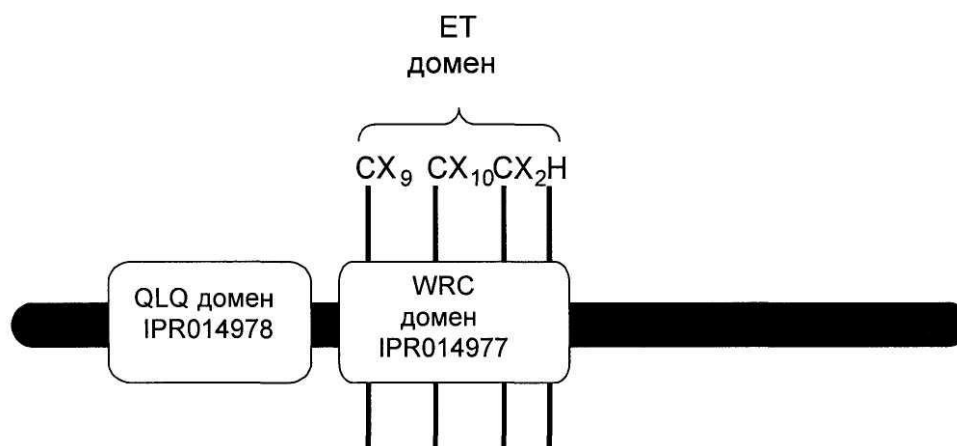
32. Трансгенна рослина за п. 31, де вказана рослина є злаком або однодольною, або зерною рослиною, такою як рис, кукурудза, пшениця, ячмінь, просо, жито, тритикале, сорго та овес, або трансгенна рослинна клітина, отримана з вказаної трансгенної рослини.

33. Трансгенна рослинна клітина з підвищеними показниками врожайності у порівнянні з рослинами з підвищеною експресією однієї з: (i) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид; або (ii) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, отриманими завдяки підвищеній експресії: (i) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид, визначений в будь-якому з пп. 1-6 та 8; та (ii) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, визначений в будь-якому з пп. 1, 9-14 та 16.

34. Трансгенна рослинна клітина за п. 33, де вказана рослина є злаком або однодольною, або зерною рослиною, такою як рис, кукурудза, пшениця, ячмінь, просо, жито, тритикале, сорго та овес, або трансгенна рослинна клітина, отримана з вказаної трансгенної рослини.

35. Застосування (i) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид, визначений в будь-якому з пп. 1-6 та 8; та (ii) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, визначений в будь-якому з пп. 1, 9-14 та 16, для підвищення показників врожайності у рослинах у порівнянні з рослинами з підвищеною експресією однієї з: (i) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує GRF поліпептид, або (ii) послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує SYT поліпептид, чиї підвищені показники врожайності є однією з наступних: (i) підвищена рання сила; (ii) підвищена біомаса надземної частини рослини; (iii) підвищений загальний вихід насіння на рослину; (iv) підвищений показник наповнення насіння; (v) підвищена кількість (наповненого) насіння; (vi) підвищений індекс врожайності; або (vii) підвищена маса тисячі зерен (TKW).

Фиг. 1



Фир. 2

		Q	L	Q
Aqufo_GRF	(8)	RNPFTVTQWCELEHQALITYKYMASGMEIPDILIFTKRS		
Poptr_GRF_scaff_28.10	(8)	RPFPTASQWCELEHQALITYKYMVSGETIPDILFTIKRS		
Poptr_GRF_scaff_I.1018	(10)	RPFPTATQWCELEHQALITYKYMVSQVPVPPELLIYSVKRS		
Vitvi_GRF	(8)	RSPFTASQWCELEHQALITYKVIIVSGVEIPADICTVKRS		
Medtr_GRF	(9)	RSIFTPNQWCELEHQALITYKYMVTGTIPDILIYSIKRS		
Arath_GRF_AT3G13960.1	(14)	RPFPTPTQWCELEHQALITYKYMVSQVPVPPELLIFSIRRS		
Branu_GRF	(14)	RPFPTPTQWCELEHQALITYKYMVSQVPVPPELLIFSIRRS		
Orysa_GRF_Os02g53690.1	(16)	RYPFTASQWCELEHQALITYKYMVSGETIPDILILIRRS		
Zeama_GRF3_EF515842.1	(17)	RYPFTASQWCELEHQALITYKYLCLASGKPIPSYIMPELRRI		
Zeama_GRF9_EF515848.1	(13)	RYPFTASQWCELEHQALITYKYLCLASGKPIPSYIMPELRRI		
Zeama_GRF11_EF515850.1	(10)	RRLFTASQWCELEHQALITYKYMVSQVPVPPELLIYSIRRS		
Zeama_GRF7_EF515846.1	(10)	RRLFTASQWCELEHQALITYKYMVSQVPVPPELLIYSIRRS		
Arath_GRF_AT2G06200.1	(4)	RIPFTESQWCELEHQALITYKYLAAANVPVPHILFLIKRP		
Horvu_GRF	(61)	PAPFTAAQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRG		
Orysa_GRF_NM_001060298.1	(49)	PPFTTAAQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRG		
Orysa_GRF_Os04g51190.1	(51)	PPFTTAAQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRG		
Zeama_GRF5_EF515844.1	(51)	PALFTAAQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILILIRRG		
Zeama_GRF6_EF515845.1	(57)	PALFTAAQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILILIRRG		
Orysa_GRF_Os02g47280.2	(62)	LPFTTAAQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRG		
Zeama_GRF1_EF515840.1	(57)	VVPFTPAQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRG		
Poptr_GRF_scaff_III.741	(16)	PPGFTMSQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Poptr_GRF_scaff_XIII.769	(14)	RSPFTVSQWCELEHQALITYKYMVSQVPVPPELLIYSIRRS		
Poptr_GRF_scaff_XIX.480	(4)	RSPFTVSQWCELEHQALITYKYMVSQVPVPPELLIYSIRRS		
Orysa_GRF_Os06g02560.1	(22)	AAVFTAAQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRH		
Zeama_GRF12_EF515851.1	(32)	AAVFTAAQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRH		
Zeama_GRF14_EF515853.1	(28)	RAVFTAAQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRG		
Arath_GRF_AT2G22840.1	(131)	KGPFSLTQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Arath_GRF_AT4G37740.1	(162)	KGPFSLTQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Poptr_GRF_scaff_II.1070	(146)	RWPFTQSQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRKA		
Poptr_GRF_scaff_XIV.51	(68)	RWPFTQSQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRKA		
Poptr_GRF_scaff_VII.1274	(104)	RGFTTQSQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Poptr_GRF_lcl_scaff_XIV.39	(161)	RGFTTQSQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Orysa_GRF_Os03g51970.1	(9)	RGFTTQSQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Orysa_GRF_Os11g35030.1	(105)	RGFTTQSQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Zeama_GRF2_EF515841.1	(66)	RPFPTPTQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Orysa_GRF_Os12g29980.1	(55)	RGFTTQSQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Orysa_GRF_Os03g47140.1	(90)	KRPFTQSQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Sacof_GRF	(96)	KRPFTQSQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Zeama_GRF8_EF515847.1	(97)	KMPFTQSQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Zeama_GRF13_EF515852.1	(100)	KRPFTQSQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Arath_GRF_AT2G45480.1	(20)	WPWMKAAQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Poptr_GRF_scaff_I.995	(37)	PYGFTILQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Orysa_GRF_NM_001054270.1	(66)	ATALTQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Orysa_GRF_Os04g48510.1	(72)	PSALTQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Poptr_GRF_scaff_XIV.174	(35)	FPQLTQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Arath_GRF_AT2G36400.1	(74)	GSFTSWAQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Arath_GRF_AT3G52910.1	(80)	GNFTSWAQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Poptr_GRF_scaff_28.309	(78)	GNFTSWAQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Lyces_GRF	(79)	GGYFSLAQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Arath_GRF_AT4G24150.1	(147)	GAAFTSEAQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Poptr_GRF_scaff_I.688	(132)	RVLFTAAQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Medtr_GRF подібна	(52)	KPLITEAQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Orysa_GRF_NM_001066126.1	(112)	GAAFTAMQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Zeama_GRF10_EF515849.1	(111)	GAAFTAMQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Zeama_GRF4_EF515843.1	(115)	GAAFTAMQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Arath_GRF_AT5G53660.1	(57)	YYFTTAAQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Poptr_GRF_scaff_XII.277	(131)	GPFPTNTQWCELEHQALITYKYLAVAGVPVPDILIPTRRS		
Consensus	(166)	R PFT SQW ELEHQALITYKYM AGVPVP DLLLPIRRS		

Фиг. 3

Aquifo_GRF	(71)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAYPDSKYCE	EFHMHRGRN	--RSRKPVE
Poptr_GRF_scaff_28.10	(78)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAYPDSKYCE	EFHMHRGRN	--RSRKPVE
Poptr_GRF_scaff_I.1018	(76)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAYPDSKYCE	EFHMHRGRS	--RSRKPVE
Vitvi_GRF	(74)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAYPDSKYCE	EFHMHRGRN	--RSRKPVE
Medtr_GRF	(75)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAYPDSKYCE	EFHMHRGRN	--RSRKPVE
Arath_GRF_AT3G13960.1	(80)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAYPDSKYCE	EFHMHRGRN	--RSRKPVE
Brana_GRF	(80)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAYPDSKYCE	EFHMHRGRN	--RSRKPVE
Orysa_GRF_Os02g53690	(89)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAYPDSKYCE	EFHMHRGRN	--RSRKPVE
Zeama_GRF3_EF515842.1	(89)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAYPDSKYCE	EFHMHRGRN	--RSRKPVE
Zeama_GRF9_EF515848.1	(88)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAYPDSKYCE	EFHMHRGRN	--RSRKPVE
Zeama_GRF11_EF515850.1	(84)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAHGDSKYCE	EFHMHRGRS	--RSRKPVE
Zeama_GRF7_EF515846.1	(86)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAHGDSKYCE	EFHMHRGRS	--RSRKPVE
Arath_GRF_AT2G06200.1	(79)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAYPDSKYCE	EFHMHRGRN	--RSRKPVE
Horvu_GRF	(123)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Orysa_GRF_NM_001060298.1	(111)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Orysa_GRF_Os04g51190.1	(113)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Zeama_GRF5_EF515844.1	(108)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Zeama_GRF6_EF515845.1	(113)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Orysa_GRF_Os02g47280.2	(124)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Zeama_GRF1_EF515840.1	(119)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Poptr_GRF_scaff_III.741	(78)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Poptr_GRF_scaff_XIII.769	(76)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Poptr_GRF_scaff_XIX.480	(66)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Orysa_GRF_Os06g02560.1	(96)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Zeama_GRF12_EF515851.1	(103)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Zeama_GRF14_EF515853.1	(100)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Arath_GRF_AT2G22840.1	(195)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Arath_GRF_AT4G37740.1	(226)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Poptr_GRF_scaff_II.1070	(216)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Poptr_GRF_scaff_XIV.51	(138)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Poptr_GRF_scaff_VII.1274	(175)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Poptr_GRF_scaff_XIV.39	(232)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Orysa_GRF_Os03g51970.1	(75)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Orysa_GRF_Os11g35030.1	(157)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Zeama_GRF2_EF515841.1	(126)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Orysa_GRF_Os12g29980.1	(126)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Orysa_GRF_Os03g47140.1	(150)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Sacof_GRF	(155)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Zeama_GRF8_EF515847.1	(156)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Zeama_GRF13_EF515852.1	(159)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Arath_GRF_AT2G45480.1	(86)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Poptr_GRF_scaff_I.995	(110)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Orysa_GRF_NM_001054270.1	(134)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Orysa_GRF_Os04g48510.1	(139)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Poptr_GRF_scaff_XIV.174	(108)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Arath_GRF_AT2G36400.1	(143)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Arath_GRF_AT3G52910.1	(150)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Poptr_GRF_scaff_28.309	(149)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Lyces_GRF	(155)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Arath_GRF_AT4G24150.1	(242)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Poptr_GRF_scaff_I.688	(193)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Medtr_GRF подібна	(104)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Orysa_GRF_NM_001066126.1	(179)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Zeama_GRF10_EF515849.1	(178)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Zeama_GRF4_EF515843.1	(182)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Arath_GRF_AT5G53660.1	(106)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Poptr_GRF_scaff_XII.277	(180)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
Consensus	(261)	DPEPGFCRRTDGKKWFC	SKEAAPS	SKYCE	EFHMHRGRN--RSRKPVE
CX ₉ CX ₁₀ CX ₂ H					

Фіг. 4

SYT-подібна поліпептидна структура рослини



InterPro SSXT родина
IPR007726

SYT-подібна поліпептидна структура ссавців



InterPro SSXT родина
IPR007726

Φir. 5

Allce_SYT2 ITTEQIQRYLDENKQILAILDNQNLRLNECAQYQAOLOKNLLYLAATADAQP
 Poptr_SYT1.2 ITTEQIQKYLEENKQILMAILNQNKNVSECASYQAOLOKNLMYLARIADAQP
 Aqufo_SYT2 ITTEQIQKYLDENKTLAILDNQNLKLAECAQYQAOLOKNLMYLAATADAQP
 Vitvi_SYT2.2 ITTEQIQKYLDENKQILAILNQTLEKLAECAQYQAOLOKNLLYLAATADAQP
 Citsi_SYT2 ITTEQIQKYLDENKKLAILDNQNLKITECAHYQAOLOKNLMYLAATADAQP
 Vitvi_SYT2.1 ITTEQIQKYLDENKKLAILDNQNLKLAECAQYQAOLOKNLMYLAATADAQP
 Glyma_SYT2.1 ITTEQIQKYLDENKKLAILDNQNLKLAECAQYQAOLOKNLMYLAATADAQP
 Glyma_SYT2.2 ITTEQIQKYLDENKKLAILDNQNLKLAECAQYQAOLOKNLMYLAATADAQP
 Glyso_SYT2 ITTEQIQKYLDENKKLAILDNQNLKLAECAQYQAOLOKNLMYLAATADAQP
 Medtr_SYT2 ITTEQIQKYLDENKKLAILDNQNLKLAECAQYQAOLOKNLMYLAATADAQP
 Poptr_SYT2 ITTEQIQKYLDENKKLAILDNQNLKLAECAQYQAOLOKNLMYLAATADAQP
 Gosvi_SYT2 ITTEQIQKYLDENKKLAILDNQNLKLAECAQYQAOLOKNLMYLAATADAQP
 Eupes_SYT2 ITTEQIQKYLDENKKLAILDNQNLKLAECAQYQAOLOKNLMYLAATADAQP
 Frava_SYT2 ITTEQIQKCLDENKKLAILDNQNLKLAECAQYQAOLOKNLMYLAATADAQP
 Maldo_SYT2 ITTEQIQKYLDENKKLAILDNQNLKLAECAQYQAOLOKNLMYLAATADAQP
 Prupe_SYT2 ITTEQIQKYLDENKKLAILDNQNLKLAECAQYQAOLOKNLMYLAATADAQP
 Soltu_SYT3 ITTEQIQKYLDENKTLAILDHQNLKLAECAQYQAOLOKNLMYLAATADAQP
 Arath_SYT2 ITTEQIQKYLDENKKLIMAIMENQNLKLAECAQYQAOLOKNLMYLAATADAQP
 Brana_SYT2 ITTEQIQKYLEENKKLIMAIMENQNLKLAECAQYQAOLOKNLMYLAATADAQP
 Arath_SYT3 ITTEQIQKYLDENKKLIMAILNQNLEKLAECAQYQAOLOKNLMYLAATADAQP
 Lacse_SYT2 ITTDQIQKFLDENKQILIAIMSNLNLKLAECAQYQAOLOKNLMYLAATADAQP
 Tarof_SYT2 ITTDQIQKFLDENKQILIAIMNNQNLKLAECAQYQAOLOKNLMYLAATADAQP
 Betvu_SYT2 ITTEQIQKYLDENKQILIAIMESQNSKMNNECAQYQAOLOKNLMYLAATADAQP
 Tarof_SYT3 ITSDQIQKCLDDNENLILAILNQNLEKFQECAQYQAOLOKNLMYLAATADAQP
 Bradi_SYT3 ITTEQIQKYLDENKQILAILNQNLEKITECAQYQAOLOKNLLYLAATADAQP
 Triae_SYT3 ITTEQIQKYLDENKQILAILNQNLEKLAECAQYQAOLOKNLLYLAATADAQP
 Triae_SYT3.2 ITTEQIQKYLDENKQILAILNQNLEKLAECAQYQAOLOKNLLYLAATADAQP
 Orysa_SYT3 ITTEQIQKYLDENKQILAILNQNLEKLAECAQYQAOLOKNLLYLAATADAQP
 Panvi_SYT3 ITTEQIQKYLDENKQILAILNQNLEKLAECAQYQAOLOKNLLYLAATADAQP
 Sacof_SYT3 ITTEQIQKYLDENKQILAILNQNLEKLAECAQYQAOLOKNLLYLAATADAQP
 Sorbi_SYT3 ITTEQIQKYLDENKQILAILNQNLEKLAECAQYQAOLOKNLLYLAATADAQP
 Horvu_SYT2 LSTEQIQKYLDENKQILAILNQNLEKLAECAQYQAOLOKNLLYLAATADTQP
 Triae_SYT2 LSTEQIQKYLDENKQILAILNQNLEKLAECAQYQAOLOKNLLYLAATADTQP
 Orysa_SYT2 ITTEQIQKYLDENKQILAILNQNLEKLAECAQYQAOLOKNLLYLAATADTQP
 Sacof_SYT2 ITTEQIQKYLDENKQILAILNQNLEKLAECAQYQAOLOKNLLYLAATADAQP
 Sorbi_SYT2 ITTEQIQKYLDENKQILAILNQNLEKLAECAQYQAOLOKNLLYLAATADAQP

Фіг. 5 (продовження)

Zeama_SYT2	ISTEQIQKYLDENKQILAILLENQNLGKLAECAQYCSQLOKNLLYLAAIADAQP
Curlo_SYT2	ITTEQIQKYLDENKQILAILLENQNLGKLAECAQYCAQLQKNLLYLAAIADAQP
Cerri_SYT	VTTTELQKYLDENKQILSILDNQNVGNLNECAVYQKQLQSNLMFLAAVADAQT
Aqufo_SYT1	VTTDHIQYLDENKQILKILENQNSCKVSECAENCARLQRLNMYLAAIADAQT
Arath_SYT1	VTSDDHIQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENCARLQRLNMYLAAIADAQT
Branas_SYT1	VTSDDHIQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENCARLQRLNMYLAAIADAQT
Lyces_SYT1	VTTDHIQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENCARLQRLNMYLAAIADAQT
Soltu_SYT1.1	VTTDHIQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENCARLQRLNMYLAAIADAQT
Soltu_SYT1.2	VTTDHIQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENCARLQRLNMYLAAIADAQT
Helan_SYT1	VTTDHIQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENCARLQRLNMYLAAIADAQT
Citsi_SYT1	VTTDHIQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENCARLQRLNMYLAAIADAQP
Goshi_SYT1	VTTDHIQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENCARLQRLNMYLAAIADSQP
Poptr_SYT1	VTTDHIQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENCARLQRLNMYLAAIADCQP
Vitvi_SYT1.1	VTTDHIQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENCARLQRLNMYLAAIADSQP
Glyma_SYT1.1	VTTDHIQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENCARLQRLNMYLAAIADSQP
Medtr_SYT1	VTTDHIQYLDENKSLILKIVESQNTGKLSECAENCARLQRLNMYLAAIADSQP
Glyma_SYT1.2	VTTDHIQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENCARLQRLNMYLAAIADSQP
Vitvi_SYT1.2	ITTDHIQYLDENKSLILKILESQNSGKLSECAENCARLQRLNMYLAAIADCQP
Aspof_SYT1	VTTDLIQYLDENKQILAILLENQNSGKLADECAENCARLQRLNMYLAAIADSQP
Orysa_SYT1	VTTDLIQYLDENKQILAILDNQNGKVEECARNCAKLQRLNMYLAAIADSQP
Sacof_SYT1	VTTDLIQYLDENKQILAILDNQNGKVEECERHCAKLQRLNMYLAAIADSQP
Sorbi_SYT1	VTTDLIQYLDENKQILAILDNQNGKVEECERHCAKLQRLNMYLAAIADSQP
Zeama_SYT1	VTTDLIQYLDENKQILAILDNQNGKVEECERHCAKLQRLNMYLAAIADSQP
Triae_SYT1	VTTDLIQYLDENKQILAILDNQNGKVEECARNCAKLQRLNMYLAAIADSQP
Cryja_SYT1	ITTDHIQKYLDENKQILAILMDNQNLGKLNCAQYCAKLQRLNMYLAAIADSQP
Picsi_SYT1	ITTDHIQKYLDENKQILAILDNQNLGKLNCAQYCAKLQRLNMYLAAIADSQP
Pinta_SYT1	ITTDHIQKYLDENKQILAILDNQNLGKLNCAQYCAKLQRLNMYLAAIADSQP
Welmi_SYT1	ITTDHIQKYLDENKQILAILDNQNLGKLNCAQYCAKLQRLNMYLAAIADSQP
Phypa_SYT1.1	ITTELIQKYLDENKQILAILDNQNLGKLNCAQYCAKLQRLNMYLAAIADAQP
Phypa_SYT1.2	ITTELIQKYLDENKQILAILDNQNLGKLNCAQYCAKLQRLNMYLAAIADAQP
Phypa_SYT1.3	ITTELIQKYLDENKQILAILDNQNLGKLNCAQYCAKLQRLNMYLAAIADAQP
Phypa_SYT1.4	ITTELIQKYLDENKQILAILDNQNLGKLNCAQYCAKLQRLNMYLAAIADAQP
Homsa_SNH	ITPAATQKMLDDNNHLQCIMDSQNGKTSQCSQYQMLHTNLVYLAITADSQ
Chlre_SYT	MTTDKIQDMLEENFKFKATAEQQLGRVQEVHQYQKQLQRLNMLAAVADTYS
Volca_SYT	MTTERIQEMLEENFKFKALAEQQNLGRMQDVHQYQKQLQRLNMLAAVADTYS
Consensus	ITTEQIQKYLDENKQILAILLENQNLGKLAECAQYQA LQKNLMYLAAIADAQP

Fig. 6

N-термінальний Met-збагачений домен		SNH домен	
Sorbi_SYT2	(1)	-----MQQPMR-----	MQQAPAM--TPAAGITTEQKQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Zeama_SYT2	(1)	-----MQQPMH-----	MQQAPAI--TPAAGITTEQKQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Curlo_SYT2	(1)	-----MQQSPHS-----	LAP--MS-AAPVAMITTEQKQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Aqufo_SYT1	(1)	-----MQHMQ-----	-----VTTDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Arath_SYT1	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Brana_SYT1	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Lyces_SYT1	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Soltu_SYT1.1	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Soltu_SYT1.2	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Helan_SYT1	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Citsi_SYT1	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Goshi_SYT1	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Poptir_SYT1	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Vitvi_SYT1.1	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Glyma_SYT1.1	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Medtr_SYT1	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Glyma_SYT1.2	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Vitvi_SYT1.2	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Aspof_SYT1	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Orysa_SYT1	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Sacof_SYT1	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Sorbi_SYT1	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Zeama_SYT1	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Triae_SYT1	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Cryja_SYT1	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Picsi_SYT1	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Pinta_SYT1	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Welmi_SYT1	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Phypa_SYT1.1	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Phypa_SYT1.2	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Phypa_SYT1.3	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Phypa_SYT1.4	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Chlre_SYT	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Volca_SYT	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL
Consensus	(1)	-----MQQHLMQ-----	-----VTSDHQQYLDENKQILAILLENQNLGKLAESCAQYQSQLOKNILYL

Фіг. 6 (продовження)

71

Met-збагачений / QG-збагачений домен

Sorbi_SYT2	(66)	AAIADAQF	QTA	VSRRPQMAPPGALPGVG	QVMSQVPMFPFR	---
Zeama_SYT2	(66)	AAIADAQF	QTA	VSRRPQMAPPGSGPGVG	QVMSQVPMFPFR	---
Curlo_SYT2	(65)	AAIADAQF	NAP	AVRPQQIMPHGTIPQGS	PFMQQSPIFPGRG	---
Aqufo_SYT1	(64)	AAIADSQF	PPNM	HAQYSN-A-GIPGA	HYLHQQAQ	---
Arath_SYT1	(66)	AAIADSQF	PPSV	HSQYGSAGGMIQEGGS	HYLQQAATQQ	---
Brana_SYT1	(66)	AAIADSQF	PPSV	HSQYGSAGGLIQEGAS	HYLQQAATQQ	---
Lyces_SYT1	(66)	AAIADSQF	PSSM	HSQFSS-GGMMQPGTHS	YLOQQQQQQAQ	---
Soltu_SYT1.1	(66)	AAIADSQF	PSSM	HSQFSS-GGMMQPGTHS	YLOQQQQQQAQ	---
Soltu_SYT1.2	(67)	AAIADSQF	PSSM	HSQLAS-GGMMQGAHY	MQQQ	---
Helan_SYT1	(67)	AAIADSQF	APSL	HSQYP-QGGMMQQAGS	HYMQHQQAQ	---
Citsi_SYT1	(66)	AAIADSQF	PPSV	HAQFSS-GGIMQPGA	HYMQHQQAQ	---
Goshi_SYT1	(66)	AAIADSQF	PPTV	HAQFSS-GGIMQPGA	HYMQHQQAQ	---
Poptr_SYT1	(66)	AAIADSQF	PPTM	HAQFSS-GGIMQPGA	HYMQHQQAQ	---
Vitvi_SYT1.1	(66)	AAIADSQF	PPTM	HAQFPP-SGIVPGA	HYMQHQQAQ	---
Glyma_SYT1.1	(66)	AAIADSQF	PSPL	AGQYPS-SGLVQGA	HYMQAQQAQ	---
Medtr_SYT1	(66)	AAIADSQF	PPTM	PGQYPS-SGMMQQGG	HYMQAQQAQ	---
Glyma_SYT1.2	(66)	AAIADSQF	PPTM	SGQYPP-SGMMQQGAQ	YMQAQQAQ	---
Vitvi_SYT1.2	(67)	AAIADSQF	PPSL	QAQFSP-NMVMQPGVN	YMQHQQAQ	---
Aspof_SYT1	(67)	AAIADSQF	QVPT	IAQYPPNAVAAMQSSA	RYMQHQQAQ	---
Orysa_SYT1	(69)	AAIADSQF	QTAA	MSQYPSN-LMMQSGA	RYMPQ-QSAQ	---
Sacof_SYT1	(69)	AAIADSQF	QTAP	LSQYPSN-LMMQPGP	RYMPP-QSGQ	---
Sorbi_SYT1	(69)	AAIADSQF	QTAP	LSQYPSN-LMMQPGP	RYMPP-QSGQ	---
Zeama_SYT1	(69)	AAIADSQF	QTAP	LSQYPSN-LMMQPGP	RYMPP-QSGQ	---
Triae_SYT1	(69)	AAIADSQF	QTAS	LSQYPSN-LMMQSGP	RYMQQ-QSAQ	---
Cryja_SYT1	(67)	AAIADSQF	VPAA	HAQIPP-NAVQSGG	LFMQHQQAQ	---
Picsi_SYT1	(66)	AAIADSQF	AQTA	HAQIPP-NAVQSGG	HYMQHQQAQ	---
Pinta_SYT1	(66)	AAIADSQF	AQTA	HAQIPP-NAVQSGG	HYMQHQQAQ	---
Welmi_SYT1	(62)	AAIADSQF	TPAA	HAQIAS-NAMLQAGG	HYMQHQQT	---
Phypa_SYT1.1	(58)	AAIADAQF	VSON	STQVS-SGQSMQPSQ	QYIQQQQQQM	---
Phypa_SYT1.2	(58)	AAIADAQF	VP	AAQPMQPSQ	QYIQQQQQ	---
Phypa_SYT1.3	(59)	AAIADAQF	GPSS	QMPAPA-PAPTMQPAQ	QYMQQQQLR	---
Phypa_SYT1.4	(59)	AAIADAQF	GPS	QMPA-PAPTMQPAQ	QYMQQQQLR	---
Chlre_SYT	(56)	AAVADTYS	NSAAAQF	GGEAGAAAPAAATAPPTAPG	APLGAQAPPPAAP	---
Volca_SYT	(59)	AAVADTYS	SASATGAA	AQATAAPGMAQAARPPAAALPGTAVATAALPLGLPQQQQPQQQQPQQPQQPSPPLMMVM	YMQQ Q	---
Consensus	(81)	AAIADAQF		MQ	YMQQ Q	---

Фіг. 6 (продовження)

161		Met-збагачений / QG-збагачений домен (продовження)		240
(104)	Allee_SYT2	-----FPPKTCMQFT---PQQVQELQQQ-----QLQHQHMMMP-----PFGQGMGRPMNG-----	-----FPPKTCMQFT---PQQVQELQQQ-----QLQHQHMMMP-----PFGQGMGRPMNG-----	
(105)	Aqufo_SYT2	-----PSGFPPKSP-----MQFNQOMQEQRLL-QLQQHQHQ-----ALQGHMGIIRPGVNNGLQ-----	-----PSGFPPKSP-----MQFNQOMQEQRLL-QLQQHQHQ-----ALQGHMGIIRPGVNNGLQ-----	
	Vitvi_SYT2.2	-----PGMFGAKLP-----FQSDQQQQ-QQHN-FLHLQQQQ-----PQGLMGRPIINNGMH-----	-----PGMFGAKLP-----FQSDQQQQ-QQHN-FLHLQQQQ-----PQGLMGRPIINNGMH-----	
(105)	Citsi_SYT2	-----QQGIFPQKMP-LQ-----FNNPHQLQDPQQ-----QLHQHQ-----AMQAQMGMRPGATNNGM-----	-----QQGIFPQKMP-LQ-----FNNPHQLQDPQQ-----QLHQHQ-----AMQAQMGMRPGATNNGM-----	
(106)	Vitvi_SYT2.1	-----QPGIFPPKMP-LQ-----FGNPHQLQEQAAQL-----QQLQQQ-----AMQGMGRPGGANNNGM-----	-----QPGIFPPKMP-LQ-----FGNPHQLQEQAAQL-----QQLQQQ-----AMQGMGRPGGANNNGM-----	
(108)	Glyma_SYT2.1	-----Q-GMFPQKMP-LQ-----FGNPHQMEQQQQ-----LHQQ-----AQGGOMGLRPGDINNNGM-----	-----Q-GMFPQKMP-LQ-----FGNPHQMEQQQQ-----LHQQ-----AQGGOMGLRPGDINNNGM-----	
(108)	Glyma_SYT2.2	-----QQGMFPQKMP-LQ-----FGNPHQMEQQQQ-----LHQQ-----AQGGOMGLRPGGINNNGM-----	-----QQGMFPQKMP-LQ-----FGNPHQMEQQQQ-----LHQQ-----AQGGOMGLRPGGINNNGM-----	
(108)	Glyso_SYT2	-----QGMFPQKMP-LQ-----FGNPHQMEQQQQ-----LHQQ-----AQGGOMGLRPGGINNNGM-----	-----QGMFPQKMP-LQ-----FGNPHQMEQQQQ-----LHQQ-----AQGGOMGLRPGGINNNGM-----	
(107)	Medtr_SYT2	-----QGVFPQKML-LQ-----FNAGHQMQDPQQ-----LH-QQ-----AMQGGIIRPIIGANNNGM-----	-----QGVFPQKML-LQ-----FNAGHQMQDPQQ-----LH-QQ-----AMQGGIIRPIIGANNNGM-----	
(105)	Poptir_SYT2	-----QPGMYPQKVP-LQ-----FNSPHQMQDPQHLL-Y-QQHQQ-----AMQGMGIIRPGGPNNSM-----	-----QPGMYPQKVP-LQ-----FNSPHQMQDPQHLL-Y-QQHQQ-----AMQGMGIIRPGGPNNSM-----	
(106)	Goshi_SYT2	-----QSGIFPPKMSPLQ-----FNNPHQIQDPQQ-----LH-QA-----ALQGMGRPMGPNNGM-----	-----QSGIFPPKMSPLQ-----FNNPHQIQDPQQ-----LH-QA-----ALQGMGRPMGPNNGM-----	
(107)	Eupes_SYT2	-----GLFPQKMQ-MQ-----FNSPQOMHEMQ-----QLHQQ-----AMHGQMGMRPGGANGMP-----	-----GLFPQKMQ-MQ-----FNSPQOMHEMQ-----QLHQQ-----AMHGQMGMRPGGANGMP-----	
(114)	Frava_SYT2	-----GIFSPKMP-MQ-----FNNMHQMHDP-----QQHQQ-----AMQGMGRPMGPNNGM-----	-----GIFSPKMP-MQ-----FNNMHQMHDP-----QQHQQ-----AMQGMGRPMGPNNGM-----	
(107)	Maldo_SYT2	-----GIFPPKMP-LQ-----FNNPHQMHDAQQL-H-QQHQQ-----AMQGMGRPMGPNNGM-----	-----GIFPPKMP-LQ-----FNNPHQMHDAQQL-H-QQHQQ-----AMQGMGRPMGPNNGM-----	
(108)	Prupe_SYT2	-----GMFTSKMP-LQ-----FNNPQQLHDQQLQ-H-QQHQQ-----LQRQQQQLGGANGSM-----	-----GMFTSKMP-LQ-----FNNPQQLHDQQLQ-H-QQHQQ-----LQRQQQQLGGANGSM-----	
(107)	Soltu_SYT3	-----PAGIFAPRGP-LQ-----FGSPQLQFDPQQQ-----QIHQQ-----AMQGHMGIIRPMGMTNN-----	-----PAGIFAPRGP-LQ-----FGSPQLQFDPQQQ-----QIHQQ-----AMQGHMGIIRPMGMTNN-----	
(113)	Brana_SYT2	-----PAGIFPPRGP-LQ-----FGSPHQQLQDPQQ-----HMHQQ-----AMQGHMGIIRPMGLNNGM-----	-----PAGIFPPRGP-LQ-----FGSPHQQLQDPQQ-----HMHQQ-----AMQGHMGIIRPMGLNNGM-----	
(124)	Arath_SYT2	-----PSGFPPQMPG-MQ-----FNSP-----Q-----AQGGOMGRSGGPPSS-----	-----PSGFPPQMPG-MQ-----FNSP-----Q-----AQGGOMGRSGGPPSS-----	
(119)	Arath_SYT3	-----PSGFPPQMPG-MQ-----FNTF-----Q-----AQGGOMGRSGGPPSS-----	-----PSGFPPQMPG-MQ-----FNTF-----Q-----AQGGOMGRSGGPPSS-----	
(117)	Lacse_SYT2	-----AVTPQQTGPRLPALQSFQ-QSP-----HMQMYYQQS-----NAQSMGRMNGNN-----	-----AVTPQQTGPRLPALQSFQ-QSP-----HMQMYYQQS-----NAQSMGRMNGNN-----	
(116)	Tarof_SYT2	-----GGIGGGGVKLPFLNALRTQDQQQ-----LLQFQQQ-----QLQAQMGMRPSSQDGLG-----	-----GGIGGGGVKLPFLNALRTQDQQQ-----LLQFQQQ-----QLQAQMGMRPSSQDGLG-----	
(105)	Betvu_SYT2	-----TFLTPQQMQEQQ-----HQQ-LQQQ-----AQAL-----AFPSQVMVRPGTVNGMQ-----	-----TFLTPQQMQEQQ-----HQQ-LQQQ-----AQAL-----AFPSQVMVRPGTVNGMQ-----	
(118)	Tarof_SYT3	-----TFLTPQQMQEQQ-----HQQ-LQQQ-----AQAL-----SPPAQVVMVRPGTVNGMQ-----	-----TFLTPQQMQEQQ-----HQQ-LQQQ-----AQAL-----SPPAQVVMVRPGTVNGMQ-----	
(107)	Bradi_SYT3	-----TFLTPQQMQEQQ-----QQQ-LQQQ-----AQAL-----AFPGQMLMRPGTVNGMQ-----	-----TFLTPQQMQEQQ-----QQQ-LQQQ-----AQAL-----AFPGQMLMRPGTVNGMQ-----	
(107)	Triae_SYT3	-----TFLTPQQMQEQQ-----QQQ-LQQQ-----AQAL-----AFPGQVMVRPGTVNGMQ-----	-----TFLTPQQMQEQQ-----QQQ-LQQQ-----AQAL-----AFPGQVMVRPGTVNGMQ-----	
	Triae_SYT3.2	-----TFLTPQQMQEQQ-----QQQ-LQQQ-----AQAL-----AFPGQMLMRPGTVNGMQ-----	-----TFLTPQQMQEQQ-----QQQ-LQQQ-----AQAL-----AFPGQMLMRPGTVNGMQ-----	
(108)	Orysa_SYT3	-----TFLTPQQMQEQQ-----QQQ-LQQQ-----AQAL-----AFPGQVMVRPGTVNGMQ-----	-----TFLTPQQMQEQQ-----QQQ-LQQQ-----AQAL-----AFPGQVMVRPGTVNGMQ-----	
(104)	Panvi_SYT3	-----TFLTPQQMQEQQ-----QQQ-LQQQ-----AQAL-----AFPGQVMVRPGTVNGMQ-----	-----TFLTPQQMQEQQ-----QQQ-LQQQ-----AQAL-----AFPGQVMVRPGTVNGMQ-----	
(110)	Sacof_SYT3	-----TFLTPQQMQEQQ-----QQQ-LQQQ-----AQAL-----AFPGQVMVRPGTVNGMQ-----	-----TFLTPQQMQEQQ-----QQQ-LQQQ-----AQAL-----AFPGQVMVRPGTVNGMQ-----	
(112)	Sorbi_SYT3	-----TFLTPQQMQEQQ-----LQQ-QQ-----AQML-----PFAGQVMVRPGTVNGMQ-----	-----TFLTPQQMQEQQ-----LQQ-QQ-----AQML-----PFAGQVMVRPGTVNGMQ-----	
(107)	Horvu_SYT2	-----TFLTPQQMQEQQ-----LQQ-QQ-----AQML-----PFAGQVMVRPGTVNGMQ-----	-----TFLTPQQMQEQQ-----LQQ-QQ-----AQML-----PFAGQVMVRPGTVNGMQ-----	
(107)	Triae_SYT2	-----TFLTPQQMQEQQ-----LQQ-QQ-----AQML-----PFAGQVMVRPGTVNGMQ-----	-----TFLTPQQMQEQQ-----LQQ-QQ-----AQML-----PFAGQVMVRPGTVNGMQ-----	
(104)	Orysa_SYT2	-----TFLTPQQMQEQQ-----LQQ-QQ-----AQML-----PFAGQVMVRPGTVNGMQ-----	-----TFLTPQQMQEQQ-----LQQ-QQ-----AQML-----PFAGQVMVRPGTVNGMQ-----	
(105)	Sacof_SYT2	-----TFLTPQQMQEQQ-----LQQ-QQ-----AQML-----PFAGQVMVRPGTVNGMQ-----	-----TFLTPQQMQEQQ-----LQQ-QQ-----AQML-----PFAGQVMVRPGTVNGMQ-----	

Fig. 6 (продовження)

		Met-збагачений / QG-збагачений домен (продовження)	
		241	320
Alice_SYT2	(147)	-----MQAAMHADSSLAYNTN-----	-----NKQDAGNAAYEN-----
Aqufo_SYT2	(153)	---MHGDGNVGGSSGGPSTGNLPDFSRGAGPGAGSSSLDAREG---	---KQDGVFEAG---
Vitvi_SYT2.2	(153)	---QAMQTCLG---	---ALSGFMDVRGS---
Citsi_SYT2	(152)	---HPMHAESSLGG---	---GSSGPPPSASGPGDIRGG---
Vitvi_SYT2.1	(155)	---HPMHPEATLGG---	---GSSGPPPSAGLSDARGG---
Glyma_SYT2.1	(153)	---HPMHSEAAALGG---	---GNSGPPPSATGPNDRGG---
Glyma_SYT2.2	(154)	---HPMHNE---G---	---GNSGPPPSATGPNDRGG---
Glyso_SYT2	(154)	---HPMHNE---G---	---GNSGPPPSATGPNDRGG---
Medtr_SYT2	(156)	---HPMHNEAALGG---	---SGSG---GPNDRGGG---
Poptri_SYT2	(150)	---HPMHAEIALG---	---SSGPPSASATGPNDRGG---
Goshi_SYT2	(155)	---HPMHSEASLGG---	---GSSGPPPSGPGSDGRAG---
Eupes_SYT2	(153)	---HPMHPEANLG---	---GNSGPPPSATGPNDRGG---
Frava_SYT2	(158)	---SMHHTENTHG---	---G---GNSDGRGG---
Maldo_SYT2	(149)	---SMLHTEATHGG---	---GSGGPNSS-AGDPNDRGG---
Prupe_SYT2	(155)	---SMHHTTEATLGG---	---GSGGPTSGGGPNDGRGG---
Soltu_SYT3	(155)	---HSTLGTSS---	---NVS---QLTTSAGDARGG---
Arath_SYT2	(160)	---GMOHAMQQ--P---	---ETGLGG--NVGLRG---
Brana_SYT2	(171)	---GMOHQWQQQP---	---ETSLGSAANVGLRG---
Arath_SYT3	(165)	---GLQHQHHHET---	---ALAANNAGPNDASGG---
Lacse_SYT2	(150)	---AASDVWR---	---G---SMQDGG---
Tarof_SYT2	(149)	---AGGDVWR---	---G---SMQDGG---
Betvu_SYT2	(150)	---VLRPSIQTG---	---YGAPTHFMDAR---
Tarof_SYT3	(171)	---MHQAMQSALAG---	---NPGSLMDGRGN---
Bradi_SYT3	(148)	---PMQADLQAAAAPGLADSR---	---GSKQ-DAAVAGAI---
Triae_SYT3	(148)	---PMQAAAGDLQPAAPG---	---GSKQ-DAAVAGAS---
Triae_SYT3.2	(148)	---PMQAAAGDLQPAAPG---	---GSKQ-DAAVAGAS---
Orysa_SYT3	(149)	---SIPVADPARAADLQTAAPGSV---	---DGRGNE---QD-AT---
Panvi_SYT3	(146)	---PMQADPAAAAASLQQAAPGPT---	---DGRGKQ-QDATAGVS---
Sacof_SYT3	(151)	---PMQADPARAAELQPPPIPA---	---DGRVSKQDATTAGVS---
Sorbi_SYT3	(153)	---PMQADPARAAELQPPASVPA---	---DGRVSK-QDTAAGVS---
Horvu_SYT2	(145)	-----QAPQVEQP-----	-----AYAAGAS-----
Triae_SYT2	(145)	-----QAPQVEP-----	-----AYAAGAS-----
Orysa_SYT2	(142)	-----QLLQGEHMR---G-----	-----AD---HQNAGGAT-----
Sacof_SYT2	(143)	-----QSIQVQQAQPPPA-----	-----GN---KQDAGGVA-----

Фіг. 6 (продовження)

Met-збагачений / QG-збагачений домен (продовження)	
Sorbi_SYT2	(143) -----QSIOQAQAPSPA-----LN---KQDAGVA-----SFPSTESHRS---
Zeama_SYT2	(143) -----QSMQAQLP---PG-----VN---KQDAGVA-----SFPSTESHRS---
Curlo_SYT2	(142) ---GSHTFPHGGGTANPLTTPSLG---FPTNSDGRGSKQAEGLA-----MVPAVAESHNR---
Aqufo_SYT1	(141) --LHMMHNEGS-----MGSGALGSYSYDVRG-----SGGG-----VTIASKQDGGSGS---
Arath_SYT1	(159) SGLHILQGE-----AGG-FHDFGRG-----KPEMGSG-----
Brana_SYT1	(155) SGLHILQGE-----AGG-FHEFGRG-----KPEMGSG-----
Lyces_SYT1	(155) GLHMLQGE-----SSPHGGGFSDHFR-----ANKQDIGSSM-----
Soltu_SYT1.1	(158) GLHMLQGE-----SSPHGGGFSDHFR-----ANKQDIGSSM-----
Soltu_SYT1.2	(158) SGLHMLQSENT-----HSASTGGGFPDFGRG-----LGSGNKHMGSSM-----
Helan_SYT1	(148) -GLHMLQTDNNSAG-----VSGTHLSG-FPDFGR-----KQDIGPTG-----
Citsi_SYT1	(145) --LHMLQSEGSTAG-----GSGSLGGG-FPDFGRG--SSGEGHLS-----RGMGSKHDIGSSG---
Goshi_SYT1	(148) --LHMLQTESSTAG-----GSGALGAG-FPDFGRG--SSGEGHLS-----RPMAGGSKQDIGSAG---
Poptr_SYT1	(146) --LHMQSEANTAG-----GSGALGAGR-FPDFGRG--ASSRGIAS-----G-SKQDIRSAG---
Vitvi_SYT1.1	(145) --LHMLQSEGSNPG-----GNTLTGTGG-FPDFGRG--TSGEGLQAAG--RGMAGGSKQDMNAE-----
Glyma_SYT1.1	(145) --LHMLQSEATNVG-----GNATIGTGGFPDFVR-----ICS-----GKQDIGISG-----
Medtr_SYT1	(141) --LHMLHSEGANVG-----GNSSLGAG--FPDFGRS--SAGDGLHGS-----GKQDIGST-----
Glyma_SYT1.2	(142) --LHMLQSE-----GSNVNVGG-FPDFVRGSGSSTGEGHLS-----G--GRGIIGSK-----
Vitvi_SYT1.2	(147) --LHMLQSEP-----NVGNGTGAFSGLGRS--MTGEGLSAVS--RGLGSASKQDVGSVG-----
Aspof_SYT1	(153) GGFTHLHGEASIGG-----NGSMNSGGVFGDFGRSSGG-----
Orysa_SYT1	(152) SGFSLHGEASMGSGGGG--G--AGNSMMNAGVFSDFRGGGG-----GKEGSTLSL-----
Sacof_SYT1	(150) SGFNILHGEASMGG-AGGA--C--AGNMNMNAGMFSGFRSGSG-----AKEGSTLSL-----
Sorbi_SYT1	(150) SGFSLHGEASMGG-AAGA--G--TGNSMMNAGMFSGFRSGSG-----AKEGSTLSL-----
Zeama_SYT1	(151) SGFSLHGEASMGSGGAGA--G--AGNMNMNAGMFSGFRSGSG-----AKEGSTLSL-----
Triae_SYT1	(152) TGFNLLHGEASMGSGGGG-----A--SGNSMMNAGVFSDYRRGGSG-----AKEGSTLSL-----
Cryja_SYT1	(153) --LHMLHGEANMG-----GNGPLSSGG-FPDFGRGTGASGEGIOANRGMCIDRGANKHKGAGTENAHPG
Picsi_SYT1	(158) --LHMLHGETNMG-----CNGPLSSGG-FPEFGRGSAATSAEGMQANRGFTIDRGSNKQDGVGSENAHPG
Pinta_SYT1	(154) --LHMLHGETNMG-----CNGPLSSGG-FPEFGRGSAATSAEGMQANRGFTIDRGSNKQDGVGSENAHAG
Welmi_SYT1	(145) --LHMLHGETSMG-----SNGLPTTGG-FPDFGRG-SVNCDLLQGNRSLTIDRGSNKQDGLGTEHPV
Phypa_SYT1.1	(142) --MHLVKNSTGG-----NGNQTGGSVSEYKPEESR-----EGTPTSLSTRNDGPQAGA
Phypa_SYT1.2	(130) --MHMVNSMGG-----NGNQTGGSVSEYKPEESR-----EGTPTSLSTRNDGPQAGA
Phypa_SYT1.3	(134) --LHMMSTDGRIGG-----NGSQASPGYSDDGRDQSQMG-----LAMQGMHGGNGTDLGCS
Phypa_SYT1.4	(132) --LHMMSTDGRMGG-----NGSQASPGYSDDGRDQSQMG-----MTMQGMHGGNGTDLGCS
Chlire_SYT	(152) -----AGLPIPGWAP-----
Volca_SYT	(201) -----LGQQPVLSA-----MGALGFLAGQGTAA-----
Consensus	(241) H E D G K

Фіг. 6 (продовження)

Мет-збагачений / QG-збагачений домен (продовження)

	321		358
Allce_SYT2	(175)	TAANTDGSIQKKTANDDLPSAANPRSEDAKSS	---
Aqufo_SYT2	(204)	---AGDQGQ---	NSAARNNGSNGDT---
Vitvi_SYT2.2	(180)	---FGDQGQ---	KFASGHGSGNRDS---
Citsi_SYT2	(192)	---GADQGQ---	SSAGHGGGDEEAK---
Vitvi_SYT2.1	(195)	---GGDQGQ---	SSAAGHGGDGESPYLKGSEDGK
Glyma_SYT2.1	(193)	---GGDQGQ---	SSAAAHNSGDG-EEAK---
Glyma_SYT2.2	(190)	---GGDQGQ---	SSAAAHNSGDG-EEAK---
Glyso_SYT2	(190)	---GGDQGQ---	SSAAAHNSGDG-EEAK---
Medtr_SYT2	(191)	---GGDQGQ---	SSAAAHNSGDG-EEAK---
Popttr_SYT2	(187)	---GADGLG---	GSAAGHNGADGSEDAK---
Goshi_SYT2	(193)	---GNGQGQ---	STTCGHGGGCGADEAK---
Eupes_SYT2	(182)	---GGDQGQ---	NSGGDGAEDGK---
Frava_SYT2	(179)	---GGDQGQ---	TSAGGRGTGDGEDGK---
Maldo_SYT2	(187)	---GGDQGQ---	NSAGHRSGDGEDGK---
Prupe_SYT2	(194)	---GGDQGQ---	SSAGHNGDGEDGK---
Soltu_SYT3	(188)	---ADQQAS---	SVTAQVSEERK---
Arath_SYT2	(185)	---GADQGQ---	---KDDGK---
Brana_SYT2	(201)	---GADQGQ---	---KDDGK---
Arath_SYT3	(202)	---GADQGQ---	SAARHGGGDAKTEGK---
Lacse_SYT2	(174)	---GHAGGQP---	---EEAK---
Tarof_SYT2	(172)	---GHAGGQP---	P-----EEGK---
Betvu_SYT2	(179)	---LGDDHKG---	---
Tarof_SYT3	(203)	---GGGGNR---	ES-----
Bradi_SYT3	(190)	---TGADHEAG---	GDVAEQS---
Triae_SYT3	(187)	---AGAEVVG---	ADVAEQS---
Triae_SYT3.2	(187)	---AGAEVVG---	ADVAEQS---
Orysa_SYT3	(191)	---AGADNDAG---	GDIAEKS---
Panvi_SYT3	(193)	---TAADHDVG---	TDVAEKS---
Sacof_SYT3	(199)	---TGADSEAG---	GDVAEKS---
Sorbi_SYT3	(200)	---TGADSEAG---	GDVAEKS---
Horvu_SYT2	(172)	---TGADNDGG---	SGLADQS---
Triae_SYT2	(171)	---TGADNDGG---	SGWADQS---
Orysa_SYT2	(171)	---TGENDGG---	SDFGDQS---
Sacof_SYT2	(177)	---TGGDNDGG---	SD-----

Фіг. 6 (продовження)

Met-збагачений / QG-збагачений домен (продовження)

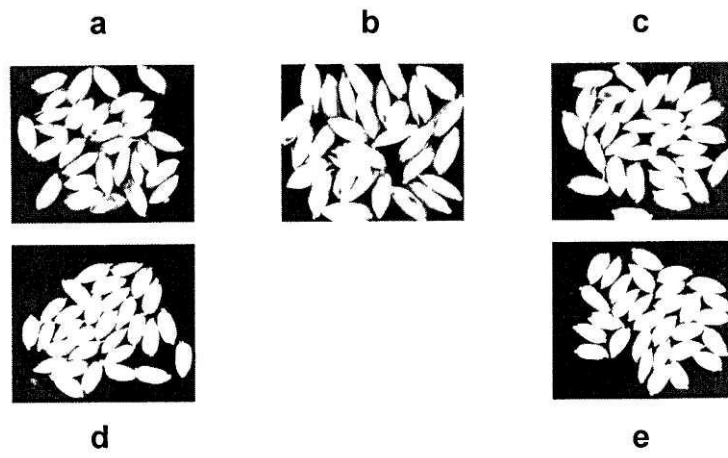
Sorbi_SYT2	(177)	--TGDNDGG-----SD-----
Zeama_SYT2	(174)	--TGGD-DGG-----SD-----
Curlo_SYT2	(193)	--SGSEFVSG-----DADQSHAKRPEDTKTP-----
Aqufo_SYT1	(183)	G-EGRGNSG--GQ-SADGGESLYLKNSDEGN-----
Arath_SYT1	(186)	GGEGRGSS-----GDGETLYLKSSDDGN-----
Biana_SYT1	(181)	--EGRGSS-----GDGETLYLKSSDDGN-----
Lycles_SYT1	(188)	SAEGRGSS-----G-----GENLYLKASED-----
Soltu_SYT1.1	(191)	SAEGRGSS-----GGDGENLYLKASED-----
Soltu_SYT1.2	(198)	SDQGRGSS--GH-GDGENLYLKSSDDGN-----
Helan_SYT1	(184)	--EGRGSS--GG--GDGETLYLKSPKGN-----
Citsi_SYT1	(194)	SAEGRGSSG--SQ--DGGETLYLKADDGN-----
Goshi_SYT1	(200)	SAEGRGSSG--QGGGDDGETLYLKADDGN-----
Poptir_SYT1	(192)	SSEGRGSSG--GQGG-DGGETLYLKADDGN-----
Vitvi_SYT1.1	(198)	--GRGNSG--GQGG-DGGETLYLKAAEDGN-----
Glyma_SYT1.1	(185)	--EGRGNS--GHSDDGETLYLKAAEDGN-----
Medtr_SYT1	(185)	--DGRGSS--GHSDDGETLYLKSSDDGN-----
Glyma_SYT1.2	(185)	--QEMGSS--GRG--EGGENLYLKVADDGN-----
Vitvi_SYT1.2	(196)	SAEGRRGYL--GQ-GADKGETLYFKSAERKD-----
Aspof_SYT1	(186)	--KQETG--S--EGHGTETPMYLG--SEEGN-----
Orysa_SYT1	(202)	--VDVRG--AN--SGAQSGDGEYLG--TEEGS-----
Sacof_SYT1	(198)	--VDVRGTS--SGAQSGDGEYLGKAGTEEGS-----
Sorbi_SYT1	(198)	--VDVRGTS--SGAQSGDGEYLGKAGTEEGS-----
Zeama_SYT1	(200)	--VDVRGTS--SGAQSGDGEYLGKAGTEEGS-----
Triae_SYT1	(200)	--ADARG--AN--SGAHSDDGEYLG--TEEGS-----
Cryja_SYT1	(214)	PGDGRSSTG--GQ-NTDSEQSYLKASEE--GN-----
Picsi_SYT1	(219)	AGDGRSSTG--GQ-NADESEPSYLKASEEGN-----
Pinta_SYT1	(215)	AGDGRSSTG--GQ-NADESEPSYLKASEEGN-----
Welmi_SYT1	(205)	E--GRGASV--GQ-NTEGAPSYLKASEDEGS-----
Phypa_SYT1.1	(189)	SPLGQAREG--NGAAGEDSEASYLKSSD-----
Phypa_SYT1.2	(177)	SPLGQAREG--NGAPGEDSEASYLKSS-----
Phypa_SYT1.3	(184)	SPLGHRDGGNGHGGQGTDDSEASYLKSGDSSLN-----
Phypa_SYT1.4	(182)	SPLGHRDGGGGHGGQGTDDSEASYLKSGDSSLN-----
Chlre_SYT	(163)	---GQAGPG-----FTLPAPPLNLAGQ-----
Volca_SYT	(225)	---GQAGAGG-----FQLPAAPPLNLGL-----
Consensus	(321)	G G

Фіг. 6 (продовження)

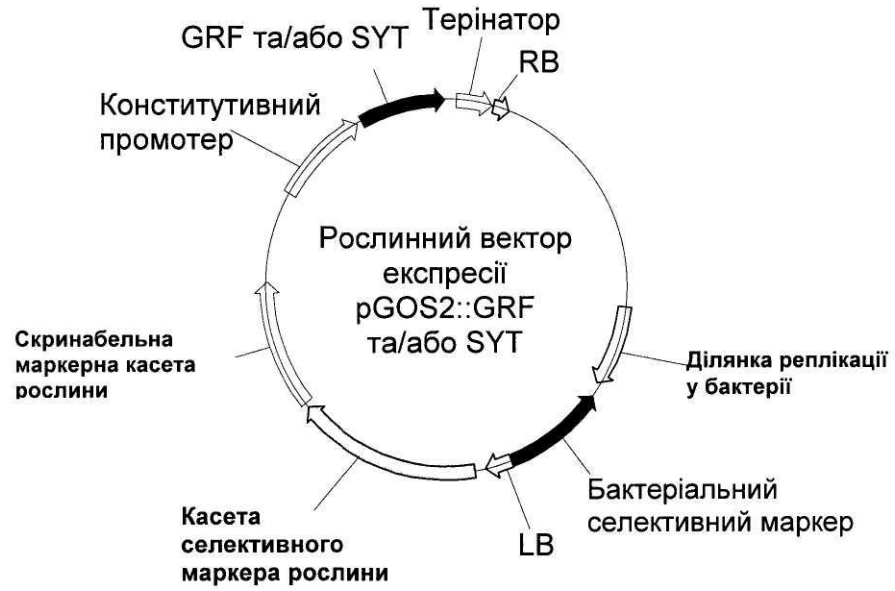
Fig. 7



Fig. 8



Фіг. 9



SEQ ID NO: 1 *Arabidopsis thaliana* Arath_GRF_AT3G13960.1
 послідовність нуклеїнової кислоти

ATGATGAGTCTAAGTGAAGTAGCGGAGAACAATAGGAAGGCCTCCATTTACACCAACACAAT
 GGAAGAAGTGAACATCAAGCCCTAATCTACAAGTACATGGTCTCTGGTGTTCCTGTCCACC
 TGAGCTCATCTTCTCCATTAGAAGAAGCTTGGACACTTCCTTGGTCTCTAGACTCCTTCTCAC
 CAATCCCTTGGATGGGGGTGTTACCAGATGGGATTTGGGAGAAAACCAGATCCAGAGCCAGGAA
 GATGCAGAAGAACAGATGGTAAGAAATGGAGATGCTCAAGAGAAGCTTACCCAGATTCTGAAGTA
 CTGTGAAAAACACATGCACAGAGGAAGAAACCGTGCCAGAAAATCTTTGATCAGAATCAGACA
 ACAACAACCTCCTTTAACATCACCATCTCTCTCATTCACCAACAACAACAACCCAGTCCCACCT
 TGTCTTCTTCTTCTTCTCTAATTCCTCTTCTACTACTTATTCTGCTTCTTCTTCTCAATGGA
 TGCCTACAGTAACAGTAATAGGTTTGGGCTTGGTGAAGTAGTAGTAACACTAGAGGTATTTTC
 AACAGCCATTCTCTTGATTATCCTTATCCTTCTACTTCACCCAAACAACAACAACACTCTTC
 ATCATGCTTCCGCTTTGTCACTTCATCAAAATACTAATTCTACTTCTCAGTTCAATGTCTTAGC
 CTCTGCTACTGACCACAAAGACTTCAGGTACTTTCAAGGGATTGGGGAGAGAGTTGGAGGAGTT
 GGGGAGAGAACGTCTTTTCCAGAAGCATCTAGAAGCTTTCAAGATTCTCCATACCATCATCACC
 AACAACCGTTAGCAACAGTGATGAATGATCCGTACCACTGTTAGTACTGATCATAATAAGAT
 TGATCATCATCACATACTCATCTCATCATCTCAACATCTTCATCATGATCATGATCAT
 AGACAGCAACAGTGTTTTGTTTTGGGCGCCGACATGTTCAACAACCTACAAGAAGTGTCTTGG
 CAAACTCATCAAGACAAGATCAAAATCAAGAAGAAGATGAGAAAGATTTCATCAGAGTCGTCCAA
 GAAGTCTCTACATCACTTCTTTGGTGAGGACTGGGCACAGAACAAGAACAGTTCAGATTCTTGG
 CTTGACCTTTCTCCCACTCAAGACTCGACACTGGTAGCTAA

SEQ ID NO: 2 *Arabidopsis thaliana* Arath_GRF_AT3G13960.1
 транслювана поліпептидна послідовність

MMSLSGSSGRITGRPPFTPTQWEELEHQALIYKVMVSGVPVPPELIFSIRSLDTSLSVSRLLPH
 QSLGWGQYQMGFRKPDPEPGRCRRTDGKKWRCREAYPDSKYCEKMHRRNRNRARSLDQNT
 TTTPLTSPSLSFTNNNNPSPTLSSSSSSNSSSTTYSASSSSMDAYSNSNRFLGGSSSNTRGYF
 NSHSLDYPYPSTSPKQQQTLHHASALSLHQNTNSTSQFNVLASATDHKDFRYFQIGIGERVGGV
 GERTFFPEASRSFQDSPYHHHQPLATVMNDPYHHCSTDHMKIDHHHTYSSSSSQHLHHDH
 RQQQCFVLGADMFNKPTRSVLANSSRQDQNEEDEKDSSESSKSLHHFFGEDWQNKNSSDSW
 LDLSSHRLDTGS

SEQ ID NO: 3 *Arabidopsis thaliana* Arath_GRF_At2G06200
 послідовність нуклеїнової кислоти

ATGGCTACAAGGATTCCATTCACAGAATCACAATGGGAAGAACTTGAAAACCAAGCTCTTGTGT
 TCAAGTACTTAGCTGCAAATATGCCTGTTCCACCTCATCTTCTCTTCTCATCAAAAGACCCCTT
 TCTCTTCTCTTCTTCTTCTTCTCATCTTCTTCTTCAAGCTTCTTCTCTCCACTCTTCTCCA
 CACTTTGGGTGGAATGTGTATGAGATGGGAATGGGAAGAAAGATAGATGCAGAGCCAGGAAGAT
 GTAGAAGAACTGATGGCAAGAAATGGAGATGCTCTAAAGAAGCTTACCCTGACTCTAAGTACTG
 TGAGAGACATATGCATAGAGGCAAGAACCGTTCTTCTCAAGAAAGCCTCCTCCTACTCAATTC
 ACTCCAAATCTCTTCTCGACTCTTCTTCCAGAAGAAGAAGTGGATACATGGATGATTTCT
 TCTCCATAGAACCTTCCGGGTCAATCAAAAGCTGCTCTGGCTCAGCAATGGAAGATAATGATGA
 TGGCTCATGTAGAGGCATCAACAACGAGGAGAAGCAGCCGGATCGACATTGCTTCATCCTTGGT
 ACTGACTTGAGGACACGTGAGAGGCCATTGATGTTAGAGGAGAAGCTGAAACAAAGAGATCATG
 ATAATGAAGAAGAGCAAGGAAGCAAGAGGTTTTATAGGTTTCTTGATGAATGGCCTTCTTCTAA
 ATCTTCTGTTTCTACTTCACTCTTCATTTGA

ФІГ. 10

SEQ ID NO: 4 *Arabidopsis thaliana* Arath_GRF_At2G06200
 транслювана поліпептидна послідовність
 MATRIPFTESQWEELNQALVFKYLAANMPVPPHLLFLIKRPFLFSSSSSSSSSSSSFFSPTLSP
 HFGWNVYEMGMGRKIDAEPGRCRRTDGKKWRCSKEAYPDSKYCERHMRGKNRSSSRKPPPTQF
 TPNLFLDSSSRRRRSYMDDFFSIEPSGSIKSCSGSAMEDNDDGSCRGINNEEKQPDHRHCFILG
 TDLRTRERPLMLEEKLQRDHDNEEEQGSKRFRFLDEWPSSKSSVSTSLFI

SEQ ID NO: 5 *Arabidopsis thaliana* Arath_GRF_At2G22840
 послідовність нуклеїнової кислоти
 ATGGATCTTGGAGTTCTGTCTTCTGGTCATGAAACCGTTTCTTCTCCGGGTCAAACCTGAACCTCG
 GATCTGGTTTCAGTAACAAGCAAGAAAGATCCGGTTTCGATGGTGAAGATTGCTGGAGAAGTTC
 AAAGCTCTCACGAACATCAACTGATGGATTCTCTTCTTCCCTGCCTCTGCTAAACCGCTGTCTG
 TTTTCATCAAGGCATCCCTTTACTGAGATCTACCACTATTAATGATCCTCGTAAAGGACAAGAAC
 ACATGCTTAGCTTCTCTCTGCTTCAGGCAAATCAGATGTCTCACCTTATCTTCAGTACTGTAG
 AAACCTCAGGATATGGTTTAGGAGGAATGATGAACACAAGCAACATGCATGGAAACTTGTGACA
 GGAGTAAAGGACCTTTTTCATTGACTCAGTGGGCAGAGCTAGAGCAACAGGCGTTGATCTATA
 AGTATATCACAGCCAATGTCCCTGTTCATCTAGTTTACTTCTCTCTCTCAAGAAATCTTTTTT
 CCCTTATGGTTCCTTGCTCCTAATTCTTTGGATGGGGCTCTTTTCATCTGGGCTTTTCCGGT
 GGTAACATGGATCCCGAGCCAGGGAGATGTCGCGGACAGATGGAAAGAAATGGCGGTGCTCGA
 GGGACGCTGTTCGGATCAAAAGTACTGTGAACGACATATTAACAGAGGCCGCCATCGTTCAAG
 AAAGCTGTGGAAGGCCAAAATGGCCACAATACTAATGCTGCGCGCTGTCTGTCTGCTGCTGCC
 GCTTCTACCGCTGCTGCTGTGTCCAAGCGCGCAGCGGGACTTCAGCTGTTGCGATGCGTGGAT
 CAGATAATAACAATAGCCTTGCCGCTGCTGTTGGAACACAACATCATAACCAATAATCAATCTAC
 AGATTCTTTGGCTAACAGAGTTCAAAATTCTCGAGGGGCTTCGGTTTTTCTGCCACGATGAAC
 TTACAGTCGAAGGAAACTCATCCGAAACAAAGCAATAATCCCTTTGAATTCGGAATCATCTCTT
 CTGATTCGTTACTTAATCCGTCGCATAAAACAAGCCTCGTATGCAACCTCTTCCAAAGGCTTTGG
 ATCGTATCTTGACTTCGGCAACCAAGCCAAGCAGCGGGGAATCACAACATGTGATTCTTGG
 CCCGAAGAGCTGAAATCGGATTGGACTCAGCTCTCAATGTCAATCCCTATGGCTCCATCTTCCC
 CTGTTCAAGATAAACTTGCACTCTCACCTTTAAGGTTATCGCGTGAGTTTGACCCCGCGATCCA
 CATGGGATTAGGCGTCAACACCGAGTTTCTTGACCCCGGAAAAAGACGAATAACTGGATACCA
 ATCTCCTGGGGTAATAACAACTCCATGGGAGGTCCACTCGGCGAGGTACTAAACAGCACGACCA
 ATAGTCCCAAGTTTGGTTCTCTCCAACAGCGCTCTTGCAAAAGTCGACATTGGTTCTCTTTC
 TAACAGCAGCTCGGCAAGCAGCACCATCATTTGGCGATAACAACAATAAGAACGGTGATGGAAAA
 GATCCGCTTGGCCCGACCACGCTGATGAATACTTCTGCTACTGCTCCTTCTCTGTGA

SEQ ID NO: 6 *Arabidopsis thaliana* Arath_GRF_At2G22840
 транслювана поліпептидна послідовність
 MDLGVRVSGHETVSSPGQTELGSGFSNKQERSGFDGEDCWRSSKLSRTSTDGFSSSPASAKTLS
 FHQGIPLLRSTTINDPRKQEHMLSFSSASGKSDVSPYLQYCRNSGYGLGMMNTSNMHGNLLT
 GVKGPFSLTQWAELEQQALIYKYITANVPVPSSLLLSLKKSFFPYGSLPPNSFGWGSFHLGFSG
 GNMDPEPGRRCRRTDGKKWRCSRDAVPDQKYCERHINRGRHRSRKPVEGQNGHNTNAAAAASAAA
 ASTAAAVSKAAAGTSAVAMRGSDNNNSLAAAVGTQHHTNNQSTDSLNRVQNSRGASVFPATMN
 LQSKETHPKQSNPFEFGLISSDSLNP SHKQASYATSSKGFGSYLDFGNQAKHAGNHNNDVSW
 PEELKSDWTQLSMSIPMAPSSPVQDKLALSPLRLSREFDPAIHMGLGVNTEFLDPGKKTNNWIP
 ISWGNNSMGGPLGEVLNSTNSPKFGSSPTGVLQKSTFGSLSNSSSASTIIGDNNNNKNGDGK
 DPLGPTTLMNTSATAPSL

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 7 Arabidopsis thaliana Arath_GRF_At2G36400
послідовність нуклеїнової кислоти

[illegible]

SEQ ID NO: 8 *Arabidopsis thaliana* Arath_GRF_At2G36400
трансльована поліпептидна послідовність

MDLQLKQWRSQQQQQHQTSEEEQPSAAKIPKHVFDQIHSHTATSTALPLFTPEPTSSKLSLSP
DSSSRFPKMGFFSWAQWQELELQALIYRYMLAGAAVPQELLLPIKKSLLHLSPSYFLHHPLQH
LPHYQPAWYLGRAAMDPEPGRCRRTDGGKKWCRSDVFAGHKY CERHMHGRNRSRKPVETPTTV
NATATSMASVAAAAATTTTATTTSTFAFGGGGGSEEVVGQGGFFFFSGSSNSSSELLHLSQSCS
EMKQESNNMNNKRPYESHIGFSNNRSDGGHILRPFFDDWPRSSLQEADNSSSPMSSATCLSISM
PGNSSDQVSLKSTGNEEGARSNNNGRDQQNMSSWWSGGGSNNHHHHNMGGPLAEALRSSSSSPT
SVLHDLGVSTQAFH

SEQ ID NO: 9 Arabidopsis thaliana Arath_GRF_At2G45480
послідовність нуклеїнової кислоти

ATGCAGAGCCCTAAAAATGGAGCAGGAGGAGGTTGAGGAGGAGAGGATGAGGAATAAGTGGCCGT
GGATGAAGGCGGCGCAGTTAATGGAGTTTCGGATGCAAGCTTTGGTGTATAGATACATAGAGGC
TGGTCTCCGTGTGCCCTCATCATCTCGTGGTGCCTATTTTGAAACAGTCTTGCTCTCTCTCTTC
TCCAATTACAACACTCATCTCTTCTCTGTTAGTAACAAGGAGTAAACCATATCGACACGT
TGGAAACTGAACCACTAGGTGCAAGGAAACAGATGGGAAGAAATGGCGCTGTAGCAACACGGT
CCTTCTATTTCGAGAAGTACTGTGAACGGCACATGCATAGAGGTCGTAAACGTTCAAGAAAGCTT
GTGGAATCTTCTTCTGAGGTTGCTTCAATCAACCAAATACGACAACACTTATGGTTTGATA
GGTATAACGAGAGTCAGAGTCATCTTTCATGGGACAATCTCGGGTTCTAGTAATGCGCAGGTAGT
TACCATTGCTTCTACTGCCTAGTGCCAGATCCGTGTAAATGTCATTGTCGCTTTTAGTGATC
TCTGAATTCACAAACAAAGGTGTGAGTCACGGTGAAGAAGAACATGGAGATGAGTTATGATGACT
TTATTAATGAAAAAGAGGCGAGTATGTGTGTTGGAGTTGTTCTCTTCAAGGTGATGAGAGCAA
ACCTTCGGTTCAAAGTTCCTCCCTGAGGTATCTGATAAATGCTTAGAAGCTGCAAATTCCTCA
AGCAACAGGAAGAATGATATAAATGCAAGAAGCAGAGAATGGAAGAATATGAATGTTAATGGTG
GTTTGTTTCAATGGTATCCACTTTTCTCCGACACTGTTCTTCAAGAACGTGGTTGTTTTCTGTT
ACAAGGAGTTGAAACAGACAATGAACCA

ФІГ. 10 (продовження)

GGAAGGTGCCGAAGAACAGATGGGAAGAAGTGGAGATGCAGCAAAGATGTTTTGTCTGGTCAGA
 AGTACTGCGATAAGCACATGCATAGAGGTATGAAGAAGAAGCATCCAGTTGATACTACTAATCTC
 ACATGAGAATGCCGGGTTAGCCCGTTAACCGTGGAAACAGCTGTTAGATCGGTTGTGCCCTTGC
 AAAGATGGAGATGACCAGAAGCATTCTGTTTCAGTCATGGGAATTACACTGCCCCGAGTTTCTG
 ATGAGAAGAGCACTAGCAGTTGCAGTACCGACACTACCATTAAGGAGTGAACACAGCTTTAAGGGGTGA
 AGACGACGATGAGGAGTACTTGTCTTTGTTTTCACCAGGTGTTTAG

SEQ ID NO: 10 Arabidopsis thaliana Arath_GRF_At2G45480
 транслювана поліпептидна послідовність

MQSPKMEQEEVEEERMRNKWPWMKAAQLMEFRMQALVYRYIEAGLRVPHHLVVPPIWNSLALSSS
 SNYNHSSSLLSNKGVTHIDTLETEPTRCRRTDGKKWRCSNTVLLFEKYCERHMRGRKRSRKL
 VESSSEVASSSTKYDNTYGLDRYNESQSHLHGTHISGSSNAQVVTIASLPSARSCENVIRPSLVI
 SEFTNKSVMHGRKNMEMSYDDFINEKEASMCVGVVPLQGDSEKPSVQKFFPEVSDKCLEAAKFS
 SNRKNDIARSREWKNMNVNGGLFHGIHFSPTVLQERGCFLQGVETDNEPGRCRRTDGKKWR
 CSKDLVSGQKYCDKHMHRGMKKKHPVDTNNSHENAGFSLTVETAVRSVVPCKDGDQKHSVSV
 MGITLPRVSDEKSTSSCSTDTTITDTALRGEDDDEEYLSLFSPGV

SEQ ID NO: 11 Arabidopsis thaliana Arath_GRF_AT3G52910.1
 послідовність нуклеїнової кислоти

ATGGACTTGCAACTGAAACAATGGAGAAGTCAGCAGCAGAATGAGTCAGAAGAACAAGGCTCTG
 CTGCAACTAAGATATCAAACTTTTCTTTGATCAGATTTCAGTCCCAACTGCTACTTCTGCTGC
 TCGGCTCCTCTTCTCTTGTCCCTGAACCCACTTCTTCTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCT
 CCTGACTCTTCTAATCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCTTCT
 CACAGTGGCAAGAAGCTTGAAGCTACAAGCACTGATCTATAGATACATGTTGGCTGGTGTCTTCTGT
 TCCTCAAGAGCTTCTTCTTACCTATTAAGAAAAGTCTCCTCCATCAATCTCCTATGCATTTCTTCT
 CACCATCTCTTCTTCAACATAGTTTTCTTCTATCACCACCTTCTTGGTATTGGGGAAGAGGAGCAA
 TGGATCCTGAGCCAGGAGGTGTAAGAGAAGTACGCGCAAGAAATGGAGATGTTCAAGGGATGT
 TGTAGCGGGCCACAAGTATTGTGACCGCCACATTACCGTGGAAGAAACCGTTCAAGAAAGCCT
 GTGGAACCGGCCACAACCAACCATCACACGACAGCCACAACAACCGCATCTTCTTTTGTCTTAG
 GTGAGGAGCTTGGTCATGGACCAACAACAACCACTTCTTCTCTCTGTTTCATCTCAACCTCT
 CCACCTTAGTCATCAACAAAGTTGTTCTTCTCAGAGATGAAAACAAGAAAGCAACAACAAGAGG
 CCATATGAAGCTAACAGTGGATTTCAGCAATGGAAGATCAGACGATGGTCATCTTGAAGCATT
 TCTTTGACGATTGGCCACGATCATCAGACTCTACCTCCAGTCCAATGAGCTCATCCACTTGTCA
 TCTTTCAATCTCCATGCCCGGTAACAACACGTCCTCAGATGTTTCTCTAAAACTTTCCACAGGC
 AATGAAGAAGAAGAAGAGAACATGAGAAATAACAACAATGAGAGGGAGCAAATGAATTGGTGGA
 GCAATGGAGGGAATCACCACAACAATATGGGAGGACCATTAGCTGAGGCTTTGAGGTGAGCTTCT
 TTCGACGTCAAGTGTCTTCTCATCAGATGGGAATCTCTACTCAAGAAATGAAGTATGTGAAGCCA
 TTGAGCTTATTGGGTAATGCGCTGAAGACCAAGTGTGAGTCCCTGGTCGGTTTCTGGGTTTAG
 ATGTTGGTGATAAGTATGTTGGATTAGCTATCTCAGATCCTTCAAATATGGTTGCTTCTCCATT
 GAGTGTCTTGTCTCAGAAAGAAATCAAACATTGACCTGATGGCTACAGATTTCCAGAACCTGGTC
 AAAGCATTTTCTGTGTCGGGATTAGTCGTTGGTTATCCATTTGGCAAACTGAACAATGTAGAGG
 ATGTTGTCACTGTGAATCTTTTCATTGAGGAACCTCGTAAGACCGAAAACTCAAGGATGTGAA
 ATACACATATTGGGACGAGCGATTATCATCAAAGACCGTTGAAGTGTGTTGAAGCCCTTGAAT
 TTGCATCTGTTCAAGAGAAGACAATGTTGGACAAGTTAGCCGAGTAGTTATACTTCAGGAGT
 ATTTAGATTACGCGAACAGGTATGTAAACACTGAGCCAGCAGAGTAA

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 12 *Arabidopsis thaliana* Arath_GRF_AT3G52910
трансльована поліпептидна послідовність

MDLQLKQWRSQQNESEEQGSAAATKISNFFFDQIQSQTATSAAPLPLFVPEPTSSSSSFSCFS
PDSSNSSSSSRFLKMGNFFSWAQWQLELQALIYRYMLAGASVPQELLLPIKKSLLHQSPMHFL
HHPLQHSFPHHQPSWYWGGRGAMDPEPGRCKRTDGKKWRCSDVAVAGHKYCDRHIHRGRNRSRKP
VETATTTITTTATTTASSFVLGEELGHGPNNNHFFSSGSSQPLHLSHQQSCSSEMKSNNKR
PYEANSFGFSNGRSDDGILRHFFDDWPRSSDSTSSPMSSSTCHLSISMPGNNTSSDVSLKLSGT
NEEEENMRNNNNEREQMNWWSNGGNHNNMGGPLAEALRSASSTSSVLHQMGISTQEMKYVKP
LSLLGNALKTKVSVPGRFLGLDVGDYVGLAISDPNMVASPLSVLLRKKSNIDLMATDFQNLV
KAFSVSGLVVGYPFGKLNVEDVTVNLFIEELRKTCLKDVKYTYWDERLSSKTVELMLKPLN
LHPVQEKTMCLKAAVVILQEYLDYANRYVNTPEAE

SEQ ID NO: 13 *Arabidopsis thaliana* Arath_GRF_AT4G24150.1
послідовність нуклеїнової кислоти

ATGAGGATGCTTCTTGGGATTCCTTACGTAGACAAGTCGGTTCTTTCCAACCTCTGTTCTTGAGA
GAGGCAAGCAGGATAAAAGCAAACCTATTGTTAGTCGACAAATGCCATTATGAGCTTGATGTTGA
AGAACGCAAGGAAGATTTTGTGGTGGGTTTGGATTGTTGTAGAAAATTCGCATAAAGAC
GTTATGGTGCTACCTCATCATCACTATTATCCATCATATTTCATCACCTTCCTCTTCTTCTTGT
GTTACTGTTCTGCTGGTGTAGCGATCCCATGTTCTCTGTTTCTAGCAATCAGGCTTACACTTC
TTCTCACAGTGGTATGTTTACACCCGCCGCTTCTGGTCTGCTGCTGTGACTGTAGCAGATCCT
TTTTTCTCCTTGAGCTCTTCAGGGGAAATGAGAAGAAGTATGAACGAAGATGCTGGTGACGCTT
TCAGCGAAGCTCAATGGCATGAGCTTGAGAGGCAGAGGAATATATACAAGTACATGATGGCTTC
TGTTCTGTTCTCTCCAGAGCTTCTCACACCCTTTCCCAAGAACCACCAATCAAACACTAACCCG
GATGTGGATACATATAGGAGTGGAATGTTTAGTATTTATGCTGATTACAAGAATCTGCCGTTGT
CTATGTGGATGACAGTAACGTGGCAGTGGCGACAGGAGGCTCATTGCAGCTGGGGATTGCTTC
AAGCGCAAGCAATAACACGGCTGATCTGGAGCCATGGAGGTGCAAGAGAACAGATGGGAAGAAA
TGGAGGTGCTCTAGAAACGTGATTCCTGATCAGAAATACTGTGAGAGACACACACAAGAGCC
GTCTCGTTCAAGAAAGCATGTGGAATCATCTCACCATCATCTCACCACAATGACATTTCGTAC
GGCTAAGAATGATACTAGCCAGCTTGTGAGAACTTATCCTCAGTTTTACGGACAACCTATAAGC
CAGATCCCTGTGCTTTCTACTCTTCCGTCTGCCTCCTCTCCATATGATCACCACAGAGGACTGA
GGTGGTTTTACGAAAGAAGATGATGCCATTGGAACCTTAAACCCGGAGACTCAAGAAGCTGTCCA
GCTGAAAGTTGGATCAAGCAGAGAGCTCAAACGGGGATTTCGATTATGATCTGAATTTTCAGGCAG
AAAGAGCCAATAGTAGACCAGAGCTTTGGAGCATTCGAGGGTCTATTAAGTCTAAACCAGACAC
CACAACATAACCAAGAAACAAGACAGTTTGTGTAGAAAGCAAGATGAAGCGATGGGAAG
CTCTCTGACACTCTCAATGGCTGGAGGAGGCATGGAGGAAACAGAGGGAACAAACCAGCATCAG
TGGGTAGCCATGAAGGTCCATCATGGCTCTATTCAACAACACCAGGTGGACCATTTGGCTGAAG
CACTGTGTCTCGGTGTCTCCAACAACCCAAGTTCTAGTACTACTAGTAGCTGCAGCAGAAG
CTCAAGCTAA

SEQ ID NO: 14 *Arabidopsis thaliana* Arath_GRF_ AT4G24150.1
трансльована поліпептидна послідовність

MRMLLGIPYVDKSVLSNSVLERGKQDKSKLLLVCKHYELDVEERKEDFVGGFGFGVVENSHKD
VMVLPHHHYPSYSSPSSSSLCYCSAGVSDPMFVSNNQAYTSSHSGMFTPAGSGSAAVTVADP
FFSLSSSGEMRRSMNEDAGAAFSEAQWHELERQRNIYKYMMAVSVPPPELLTPFPKNHQSNTP
DVDTYRSGMFSIYADYKNLPLSMWMTVTAVATGGSLLQLGIASSASNNADLEPWRCKRTDGKK
WRCSRNVIPDQKYCERHTRKSRPRSRKHVESHSQSSHNDIRTAKNDSQLVRYTPQFYGPIS
QIPVLSTLPSASSPYDHRGLRWFTKEDDAIGTLNPETQEAVALKVGSSRELKRGFDYDLNFRQ
KEPIVDQSFQALQGLLSLNQTPQHNQETRQFVVEGKQDEAMGSSLTLSMAGGGMEETEGTNQHQ
WVSHEGPSWLYSTTPGGPLAEALCLGVSNPNSSSTTTSSCSRSSS

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 15 *Arabidopsis thaliana* Arath_GRF_AT4G37740.1
 послідовність нуклеїнової кислоти

ATGGATATTGGTGTTCATGTTCTTGGGTCGGTTACTAGTAATGAAAATGAGTCACTTGGTCTAA
 AAGAGCTTATAGGAACATAAACAAGATAGATCCGGATTATCGGTGAGGATTGCTTGCAACGAAG
 CTTGAAGCTAGCAAGAACGACAACCTAGAGCGGAAGAAGAACTTGTCTTCTTCTGTTGCA
 GCTGCTTATTGCAAAACGATGTCGTTTCACCAAGGCATTCTCTCATGAGATCTGCTTCTCCTC
 TTTCCCTCGATTCTCGCCGTCAAGAACAATGCTTAGCTTCTCAGATAAACACAGACGCTCTTGA
 TTTCAGTAAATATGTCGGTTTGGATAATAGCAGTAATAACAAGAACTCTCTCTCGCCGTTTCTT
 CACCAGATTCTCCACCTTCTTACTTTAGAAGCTCAGGAGGATATGGTTCTGGTGGAATGATGA
 TGAACATGAGCATGCAAGGGAACCTTACAGGTGTTAAAGACCTTTTACATTGACTCAATGGGC
 TGAGTTAGAGCAACAGGCGTTGATCTATAAGTACATCAGCCCAATGTCCCTGTTCTTCTAGT
 TTGCTCATCTCTATCAAGAAGTCTTTTATCCTTACGGATCTTTGCCTCCTAGTTCTTCTCGGAT
 GGGGAACCTTCCATCTCGGTTTTCGAGGCGGTAAACATGGACCTTGAGCCAGGGAGATGCCGCGAG
 AACAGATGGGAAGAATAAGCGGTGCTCAAGAGACGCCGTTCTTGATCAGAAATCTGTGAAAGA
 CACATCAACAGAGGCCGTCATCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAGTCCAATCTGGCCAAAACCAAA
 CCGCCGCTGCTGCATCCAAAGCGTTACTACACCACAACAGCCTGTTGTCGCTGGTAATACTAA
 CAGAAGCAATGCCCGTGCATCAAGCAACCGCAGCCTCGCCATTGGAAGTCAATATATCAATCCT
 TCTACAGAATCTTTACCTAACAACAGAGGAGTTTCGATATATCCTTCCACCGTCAACTTACAAC
 CCAAGGAATCTCCGTTATTATCATCAGAAACACAGAAACAACAACCCCTTTTGGAGTTTGGACA
 CATATCCTCTGATTCTTACTCAACCCGAATACCGCAAAGACCTATGGATCATCGTTCTTGGAT
 TTCAGCAGCAACCAAGAGAAGCATTCAGGGAATCACAATCACAATTCTTGCCTGAAGAGCTGA
 CATCAGATTGGACACAGCTCTCAATGTCAATTCCAATAGCATCATCATCCCTTCTCCACACA
 CAACAACAACAATGCTCAAGAAAAACAACACTCTCGCCTCTCAGGCTATCCCGCGAGCTTGAC
 CTATCGATCCAAACCGATGAAACAACAATCGAGCCTACTGTGAAAAAGGTGAATACTTGGATAC
 CAATCTCATGGGGAACTCCTTAGGAGTCTCTAGGTGAAGTACTAAACAGTACAACGAATAG
 TCCAACATTTGGATCTTCTCCTACAGGGGTTTTGCAAAAGTCCACATTTTGTCTACTCTTAAC
 AACAGCTCCGTGAGCAGCCCCATTGCAGAGAACAACAGACACAATGGCGATTACTTTTATTACA
 CAACCTGA

SEQ ID NO: 16 *Arabidopsis thaliana* Arath_GRF_AT4G37740.1
 транслювана поліпептидна послідовність

MDIGVHVLGSVTSNENESLGLKELIGTKQDRSGFIGEDCLQRSLKLARTTTTRAEEEEENLSSSVA
 AAYCKTMSFHQGIPLMRSASPLSSDSRRQEQMLSFSDKPDALDFSKYVGLDNSSNNKNSLSPFL
 HQIPPSYFRSSGGYSGGMMMNMSMQNFTGVKGPFTLTQWAELEQQALIYKYITANVPVPSS
 LLISIKKSFYPYGLPSSFGWGTFFHLGFAGGNMDPEPGRCRRTDGKKWRCRDAVPDQKYCER
 HINRGRHRSRKPVEVQSGQNQTAAAASKAVTTPQQPVVAGNTNRSNARASSNRSLAIGSQYINP
 STESLPNNRGVSIYPSTVNLQPKESPVIHQKRNNNNPFEGHISDSSLNPNNTAKTYGSSFLD
 FSSNQEKHSGNHNHNSWPEELTSDWTQLSMSIPIASSSPSSTHNNNNAQEKTTLSPLRLSRELD
 LSIQTDETTIEPTVKKVNTWIPISWGNLGGPLGEVLNSTNSPTFGSSPTGVLQKSTFCSLSN
 NSSVSSPIAENNRHNGDYFHYTT

SEQ ID NO: 17 *Arabidopsis thaliana* Arath_GRF_AT5G53660.1
 послідовність нуклеїнової кислоти

ATGGACTTTCTCAAAGTTTCAGACAAGACAACAATCCATATAGAAGTGATCTTTGTTTAGTT
 TGAATCAGCAACAATACAAAGAGTCTTCTTTTGGATTACAGACATGGAGATTATCCGCATCC
 TACTCCATATGCAGGAAATGGACTTTTGGGTTGTTATTACTATTACCTTTTCAAAACGCACAA
 TTGAAGGAGCTTGAGAGACAAGCAATGATCTACAAGTACATGATCGCATCTATTCTGTTCCTT
 TCGATCTACTTGTCTTCAACATCCTCTGCCTCTCCTTGTAACAATAAAAAACATCGCCGGAGA
 TTTAGAGCCGGGAAGATGCCGGAGAACAGACGGAAGAAATGGAGATGCGCGAAAGAAGTCGTC
 TCTAATCACAAA

ФІГ. 10 (продовження)

TACTGTGAGAAACACTTACACAGAGGTCGTCCTCGTTCAAGAAAGCATGTGGAACCTCCTTATT
 CTCGCCCTAACACAATGGTGGTTCTGTGAAAAACAGAGATCTCAAAAAGCTTCCTCAAAAGTT
 ATCTAGTAGTTCCATCAAAGACAAAACACTTGAGCCAATGGAGGTTTCATCATCAATCTCAAAC
 TATAGAGACTCCAGAGGAAGTGAGAAATTTACTGTATTGGCAACAACAGAGCAAGAGAACAAGT
 ATCTGAATTTTCATAGATGTATGGTCCGATGGAGTAAGATCATCTGAAAAACAGAGTACAACCTTC
 AACACCTGTTTCTTCTTCCAATGGCAATCTCTCTCTTTACTCGCTTGATCTCTCAATGGGAGGA
 AACAACTTAATGGGCCAAGACGAAATGGGCCTGATACAAATGGGCTTAGGTGTAATCGGGTCGG
 GTAGTGAGGATCATCACGGGTATGGTCCTTATGGTGTGACTTCTTCACTAGAGGAGATGTCAAG
 CTGGCTTGCTCCGATGTCTACCACACCTGGTGGACCATTAGCGGAGATACTGAGGCCGAGTACG
 AATTTGGCGATCTCTGGTGATATCGAATCGTATAGCTTGATGGAGACTCCCACTCCAAGCTCGT
 CCCCCTCTAGAGTGATGAAGAAGATGACTAGTTTCAGTGTCCGACGAAAGCAGCCAGGTTTAG

SEQ ID NO: 18 Arabidopsis thaliana Arath_GRF_AT5G53660.1
трансльована поліпептидна послідовність

MDFLKVS DKTTIPYRSDSLFSLNQYKES SFGRDMEIHPHPTPYAGNGLLG CYYYPFTNAQ
 LKELERQAMIYKYMIASIPVPFDLLVSSPSSASPCNNKNIAGDLEPGRCRRTDGKKWRC KEVV
 SNHKYCEKHLHRGRPRSRKHVEPPYSRPNNNGGSVKNRDLKKLPQKLSSSSIKDKTLEPMEVSS
 SISNYRDSRGSEKFTVLATTEQENKYLNFIDVWSDGVRSEKQSTTSTPVSSSNGNLSLYSLDL
 SMGGNNLMQDEMGLIQMGLGVIGSGSEDHGYGPYGVTS SLEEMSSWLAPMSTTPGGPLAEIL
 RPSTNLAISGDIESYSLMETPTPSSSPSRVMKMTSSVSDESSQV

SEQ ID NO: 19 Aquilegia formosa x Aquilegia pubescens Aqufo_GRF
послідовність нуклеїнової кислоти DT756681, DR946716

ACTTAAAGACCAGTCTTAGCTTTCTTCATTAATTCCTACTACTGTTCTCAGTGTTGCTCTTTG
 AGTTTATAGATATTTTCTTACAATGATGATGAGTGCTAGAAACAGAAATCCTTTCACTGTAAC
 TCAATGGCAAGAACCTGAACATCAAGCTCTCATTTATAAGTATATGGCTTCAGGAATGCCTATA
 CCACCTGATCTCATCTTCCCTATTAAGAGAAGTCTTGATCTTCAAGATTCTTTCCTCATCAAC
 CAATGGATTGGGGTTGTTTTCAGATGGGTTATGGCAGGAAAGTTGATCCAGAACCTGGGAAGGTG
 CAGAAGAACAGATGGAAAGAAGTGGAGATGCTCAAAGGAAGCATACCCAGACTCAAAGTACTGT
 GAGAGACACATGCACAGAGGCAGAAACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAGTTAATACTACATCAA
 ATTCTCTATTACCACTTTCATCTTTTACCTCTAGAACTCCTTCTAGTACCATTACTTCAAATAC
 CAACCTTCTTCTTATTCCTTTCTTTCATCTCTAACATCTGACAAATCTCAGCAAGAACATCAT
 CACCCTTATCATAACACCCCTCTTCATTCCTTTCTCAATCCTAGTAGAACTTCTTGTTCTTCTC
 CTAGAACTCATAATATTGATTTCTCACCTCATAGCAATAACAATGCCAATTTGGTATTAGACTC
 TGGGTCTTACTCTAACTCTTATGAAGATCACAGAAACAGGTATGTTTCATGGTCTAAAAGAAGAG
 GTAGATGAAAGAGCTTTCTTTTTCAGAAGCATCAGGAACATTAAGAAGTGTAACAGAATCAACTT
 TGAAAGATCCATGGCGTTTAAACACCATTAAGAATGAGTTCTTCAACTCATAACCAACAAAAGA
 TGGAAATTTTCTGATTACAAAGAGGGTATTCTCAGTTTCAACTCCAACATAAACAACAACAA
 CAGCAACAAGAAGAAGAACAGCATTTGTTTATTTTAGGTACTGATTTCAAATCTGACAGGTTTA
 TGAAAACTAGTACTACTACTACTGAGAAAGAAGATCACAACAACCACTTCGCCATTTCTTTGA
 TGAATGGCCACCTAAGAGTAAAGATTCTTGGTTGGGTTTAGAAGAAGATAGATCAGATCAAGGT
 TCACATTTCAACAACCTCAACTTTCAATATCTATTCCTATGTCTTCTCATGAGTTCTCAGTTTCAA
 ATTCCAGAACCTAACAATAAGATGATGGTTGATTTACTTAAAGTGGGATTATTATGGAAAGATT
 AATGACAACAAGGAGTTGATTCAAGGTTGGGTTTCAGTGTCTTTGTACTTGATTGTCTTTATTT
 AATTGATGATGAGAAGTTTAGGTAGAGAGTGCTATGTGTATTTTTTTTTTTGTTATGTGTGTG
 GAGTGATTGAAAAGTGTCTTTAAACAGTAAGATTCTGTCTTGTGTTTTCTTGATAGCTGTT
 AGAACTTTGTTTGAATGACTGATGAACAATAATTTGGGATTTGGGGATTTGTTTGTATCAATAT
 TAGGTGTTTTTTCTGTCTTTTGGCTTCTTCCATGATTGCCAAAGACCATTTGTTCAACCTAAA
 AATGATAATGAAGGGGGGCCAATTTGATATCATGAGCTTGGTTGTCAGTTAGGAAAG

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 20 *Aquilegia formosa* x *Aquilegia pubescens* Aqufo_GRF
трансльована поліпептидна послідовність
 MMSARNRNPFTVTQWQELHQALIKYMASGMPPIPDLIPIKRLDSSSRFFPHQPMDWGCFQ
 MGYGRKVDPEPGRRCRRTDGKKWRCSKEAYPDSKYCERHMRGRNRSRKPVEVNTTSNSSLPLSS
 FTSRTPSSSTITSNTPSSYSLSSSLTSDKSQQEHHHPYHNTPLHSFLNPSRTSCSSPRTHNIDF
 SPHSNNANLVLDSGSYSNSYEDHRNRYVHGLKEEVDERAFFSEASGTLRSVPESTLKDPPWRLT
 PLRMSSSTHNQPKDGNFSDLQRGYSQFQLQHKQQQQQQEEOHCFILGTFKSDRFMKSTTTT
 EKEESQQPLRHFFDEWPPKSKDSWLGLEEDRSDQGSHTTQLSISIPMSSHEFSVSN

SEQ ID NO: 21 *Brassica napus* Brana_GRF **послідовність нуклеїнової кислоти контигу CN730217.1, ES922527**

GAAGAAAGATGATGGGTCTAAGTGGAAATGGTGGGAGACAATAGAGAGGCCTCCATTTACACC
 AACACAATGGCAAGAACTGGAGAATCAAGCCCTAATTTACAAGTACATGGTCTCAGGAGTTCTCT
 GTCCCACTGAGCTCATCTTCTCATTAGAAGAAGCTTGGACTCTTCTTGGTCTCTAGACTCC
 TCCCTCACCAATCCATTGGGTGGGGATGCTATCAGATGGGGTTTGGTAGAAAACCAGATCCAGA
 ACCAGGAAGGTGCAGAAGAACAGATGGTAAGAAATGGAGATGCTCAAGAGAAGCATAACCTGAT
 TCAAAGTACTGTGAAAAACACATGCACAGAGGAAGGAACCGTGCCAGAAAATCTATTGATCAGA
 ATCAGACAACCTGCTCCTTAAACATCACCATCTCTCTCTTCCCCAACACAACAACCAAGCCC
 TACCTTGTCTTCTTCTCTCTACTTATTAGCTGCTTCTTCTCATCTCTTCCATTGATGCTTAC
 AGTAATATCAATAGGCTTGGTGTGGTAGTAGTAACAGTAGAGGTTACTTCAACAACCATTTCCC
 TTGACTATCCTTATCCTTTGTCTCACCTAAACAGCAACAACAACAGCAACAACCTTTAGTCA
 TGTTTTCTGCTTTGTCACTTCATCAAAACACATCTACACCTCAGCTCAATGTCTTTGCTCTGCA
 ACTGACCACAAAGACTTCAGATATTTTCAAGGGATTGGGGAGAGAGTTGGAGTTGGGGAAAGAA
 CTTTTTTTCCAGAAGCTTCTAGAAGCTTCAAGATTCTCCATACCATCACCACAACCGTTAGC
 AACGGTAGTGGATAATCCGTACGACTGTACTACTGATCATAAGTTTGATCATCATCATACATAC
 TCATCATCATCTCAACATCATCATCATGACCAAGATCATCGACAACAACAACATGTTTTGTTT
 TGGGCGCCGACATGTTCAACAACCCACAAGAATCTTGGAAAACACATCGAGACAAGATTA
 TCTTAATCAAGAAGAGGAAGAGAAAGATTATCGGACACGAAGAAGTCCCTTCATCATTTCTTT
 GGTGAAGAGTGGACACAGAACAAGAAGTTCAGATTCTTGGCTTGACCTTTCTTCCCAGTCAA
 GACTCGACACTGGTAGCTGATTGATGAGGCCAGATAGCATCAGTGATGGGTCTGCACCAACACA
 CACACAACACGTTTGAAGGGTCACATTTACATCTATTTCCTGGAACATTGAGACAGACAAG
 ACACCTG

SEQ ID NO: 22 *Brassica napus* Brana_GRF **трансльована поліпептидна послідовність**

MMGLSGNGGRTIERPPFTPTQWQELHQALIKYKVMVSGVPVPELIFSIRRLDSSLVSRLLPH
 QSIGWGCYQMGFGRKPDPEPGRRCRRTDGKKWRCSREAYPDSKYCEKHMHRGRNRARKSIDQNQT
 TAPLTPSLSPFNPNPNPPTLSSSSSTYSAASSSPSIDAYSNNRLGVGSSNSRGYFNNHSLDY
 PYPLSSPKQQQQQQQTLSHVSALSLHQNTSTPQLNVFASATDHKDFRYFQIGIGERVGVGERTFF
 PEASRSFQDSPYHHQQPLATVVDPYDCTTDHKFDHHTYSSSSQHNNHHDQDHRQQQQCFVLGA
 DMFNKPTRTILENTSRQDYLNQEEEEKSSDTKKSLHHFFGEEWTQNKNSSDSWLDLSSQSRLD
 TGS

SEQ ID NO: 23 *Hordeum vulgare* Horvu_GRF **послідовність нуклеїнової кислоти AK250947**

GGGCAGCCGAGCCGAGCCGAGCAGAGGAGAGAGAGGGAGGGAGAGCATATATGGCGAT
 GCCCTTTGCCTCCCTGTCGCCGGCAGCCGACCACCGCTCCTCCCCATCTTCCCCTTCTGC
 CGCTCCTCCCCTCTCTACTCGGTAGGGGAGGAGCGCGCATCAGCATCCTCATCCTCAGCAGC
 AGCAGCAGCAGCAGCGATGAGCGGCGCGCGGTGGGCGGCGAGGCCGGCGCCCTTACGGCGGC
 GCAGTACGAGGAGCTGGAGCAGCAGGCGCTCATCTACAAGTACCTCGTCGCCGGCTCCCCGTC
 CCGCAGGACC

ФІГ. 10 (продовження)

TCCTCCTCCCCATCCGCCGCGGCTTCGAGACCCTCGCCTCGCGCTTCTACCACCACCACGCCCT
 TGGGTACGGGTCTACTTTCGGGAAGAAGCTGGATCCGGAGCCGGGGCGGTGCCGGCGGACGGAC
 GGCAAGAAGTGGCGGTGCTCCAAGGAGGCCGCTCAGGACTCCAAGTACTGCGAGCGCCACATGC
 ACCGCGGCCGCAACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAACGCGAGCTCGTCGCCAGCTCCCACTCCCA
 GTCCCAGCAGCACGCCACCGCGCCTTCCACAACCACTCGCCGTATCCGGCGATCGCCACTGGC
 GGTGGCTCCTTCGCCCTGGGGTCTGCTCAGCTGCACATGGACACTGCTGCGCCTTACGCGACGA
 CCGCCGGTGTGCCGGAACAAAGATTTAGGTATTTGCTGCTATGGAGTGAGGACGTCCGCGAT
 CGAGGAGCACCAACAGTTTCATCACCGCGGCCATGGACACCGCCATGGACAACACTACTCGTGCGC
 CTGATGCCGTCCAGGCCTCGGCATTCTCGCTCTCCAGCTACCCCATGCTGGGCACGCTGAGCG
 ACCTGGACCAGAGCGCGATCTGCTCGCTGGCCAAGACTGAGAGGGAGCCACTGTCTTCTTCGG
 CGGCGGCGCGGACTTTCGACGACGACTCGGCTGCGGTGAAGCAGGAGAACCAGACGCTGCGGCCC
 TTCTTCGACGAGTGGCCCAAGGACAGGGACTCGTGGCCGGAGCTGCAAGACCACGACGCCAACA
 ACAACAGCAACGCCTTCTCAGCCACCAAGCTGTCCATCTCCATGCCGGTCACAGCTCCGACTT
 CTCTGGCACCACCGCGGCTCCCGCTCGCCCAACGGTATATACTCCCGGTGAACGGCGTCCGCC
 CGCCTGATCTCTGTGATTTGCCGTGGTCACGACGGGCGTCCTCAAATCATCACAGATGAGCGA
 ACCGGCCGACCCGATCGAATGTGTCTGTGAGCCGACTGCAGCTTGCTTGCTCATTTTGTATGGA
 TCGTCTGTGACGAGGAACGAAACACTACTCTTTAATTTCTTTCTTTAATTTTACAACGTTTT
 TTCTGGGTTTTGCCGTGTATCGCCGGAACGTGTAACCAAGTTTTCTATAGCCTCGATGGTCA
 TGCACGACATCGTTGACTGTTTCCCGCGCACTTACTGTTGAAATAATCTTCCATTTTGGCAAA
 AAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 24 *Hordeum vulgare* Horvu_GRF трансьована
 поліпептидна послідовність
 MAMPFASLSPAADHHRSSPIFFPCRSSPLYSVGEAAHQHPHPQQQQQHAMSGARWAARPAPF
 TAAQYEELEQQALIKYLVAGVPVPQDLLPIRRGFETLASRFYHHHALGYGSYFGKKLDPEPG
 RCRRTDGKKWRCSKEAAQDSKYCERHMRGRNRSRKPVETQLVASSHSQSQQHATAAFHNHSPY
 PAIATGGGSFALGSAQLHMDTAAPYATTAGAAGNKDFRYSAYGVRTSAIEHNOFITAMDTAM
 DNYSWRLMPSQASAFSLSSYPMLGTLSDLDQSAICSLAKTEREPLSFFGGGGDFDDDSAAVKQE
 NQTLRPFDEWPKDRDSWPELQDHDANNNSNAFSA TKLSISMPVTSSDFS GTTAGSRSPNGIYS
 R

SEQ ID NO: 25 *Lycopersicon esculentum* Lyces_GRF послідовність
 нуклеїнової кислоти BT013977
 GATGATAAGAAACACACAAATGACTTAACTTTGCAGGTTTCACCGCACTCGACACTGCAAAAAA
 GATACATATAAAAAAAGGTCCACTCAACTCTCTGCAAAAAATAAAAAAATTA AAAA ACTTTTG
 TCCAAGACTTAACTTTCTCTTCAGAAATAAATTTGCCTTCACATTAATATTTGTTGTTAGTAA
 CAAAAATCATTCTCAATCGAAACATGGACTTCAATATGAAGCAATGGAGTAATCAACATGAGTC
 AGAAAAATCAAGAATCACCAACAAAGTTACCAAGACTTCTTCTTGACTTCCACTCTGTTTCTTCT
 GATTCTGCTTCTGCTGCTGCTCTACCATGTGTTGTATCTGAACCAACAACATCAACAACAACCTT
 GTACCAAAATTAATGTCAGATTGAGCAACCACTGTCAACCAACAAATTTCCAAGGATTGGAAGTGG
 TGGTGGTACTTTCAGCTTGGCTCAATGGCAAGAACTTGAACACACAGTTTGATTTTATAGGCAT
 TTTGTAGCTGGTGCCCTGTTCTTCTGAACTACTTTCATCTTGTTAAGAAAAGTATTATTGCTT
 CTCCTCCTCCTCCTCCTCATATTACTTTGCTCATCCATATCAACAGTATCCTCATTATCAACA
 AGCTTTGATGCAGTCAGGGTACTGGGGTAGAGCCGCCATGGATCCAGAACAGGAAGGTGTAGG
 AGGACTGATGGCAAGAAATGGAGGTGCTCAAGGGATGTAGTGGCTGGCCAGAAATACTGCGAGC
 GCCACGTTTCATCGTGGCCGCGAGCCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAATTTCCACACCTGCCAACAA
 TGGCAGTAAAAACAACAACACTGTTTCTCATCATCAAGCCTTTGGA AAAATGACTGGACATGCT
 CATGCTGGTGGTGGTCTCCTCAGTTTCTCTTTCGGGACATTACCTTCCACTAATGCGCCTT
 TTCATCTCAATCAAAGGCCAATTAAGGGTCCACCACAAGAAGTACTTCAAAAAGATGTATCTAT
 TGGTGTAGGTAAATCATCTAGTGGCCAAATCCTACGCCATTTCTTCGACGATTGGCCTAGACAA
 CAACTTCAAGAAGGCGACAATGCTGCAACCAGCC

ФІГ. 10 (продовження)

TGTCATTTCGATGCCCGGTGTAGGGGGTAACCCCTCGTCAGACTTCTCGTTGAAGCTTTCAAC
TGGGAATTACTATGATT CAGGTACTCAAGTTAGTAATGTTGAACGGTCTACATGGGGGACGAGT
CACCACCACGTAGCCTCAATGGGTGGTCCACTTGCCGAGGCCTTAAGGTCATCAACAATACT
CGTCCCCTACTAGCGTGTTCATCAATTGGCACGAGGTAGCGGTCCGAGGCCAGCTATATTAG
CACTTGATTTCTGCAAGTGTTCTTGTTAAATGTTTTTTTCTTTTGGACTTTATTTGTTTTTAAAC
TTGGTTGTGTTGTTGTTCAATTGTTCTTTTATTGGTATTGATATACCTAACTGTCACCTGTACAAA
AAAAAAAAAAAAAAAA

SEQ ID NO: 26 Lycopersicon esculentum Lyces_GRF трансльована
поліпептидна послідовність

MDFNMKQWSNQHESENQESPTKLPRLLLDFHSVSSDSASAAALPLFVSEPTTSTTTCTKLMSDS
ATTVTTKFPRIGSGGGYFSLAQWQELELHSLIFRHFVAGAPVPSSELLHLVKKSIIASPPPPSY
YFAHPYQQYPHYQQALMQSGYWGRAAMDPEPGRCRRTDGKKWRCSDVAVAGQKYCERHVHGRS
RSRKPEIPTPANNGSKNNNTVSHHQAFGKMTGHAHAGGAPQFSLSGHSPSTNAPFHLNQRPI
KGPPQEV LQKDV SIGDGKSSSGQILRHFFDDWPRQQLQEGDNAATSLSISMPGVGGNPSSDFS
KLSTGNYDSTGTQVSNVERSTWGTSHHHVASMGGPLAEALRSSTTNSPTSVLHQLARGSASEA
SYST

SEQ ID NO: 27 *Medicago truncatula* Medtr_GRF послідовність
нуклеїнової кислоти AC144645.17

[illegible]

SEQ ID NO: 28 *Medicago truncatula* Medtr_GRF трансльована
поліпептидна послідовність

MMSASSRNRSLFTPNQWQEQALVFKYMTGTPIPPDLIYSIKRSLDTSISSRIFPHPPIGW
GCFEMGFGRKVDPEPGRCRRTDGKKWRCSEAYPDSKYCERHMRGRNRSRKPVELVVSSTTT
PTNNTNTASSYSNRNLSLNNNSSSINSFSPFPSTSSMACHDQSQSFSQSYQNSLNPYYYSQS
ITSTNPLDHSHFQTQDATTHHLFLDSTSYSQDDKDFRYVQVQGIRDGTVDERTFFPEATGSSRS
CYHDSYQQQLSMNPFKSYSSSQFQNIINDNDSRQQEQHCFLVGTDIKSTRTTNKDKESETTQKP
LHHFFGEWETPKNTDSWLDIASNSRITPTG

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 29 *Medicago truncatula* Medtr_GRF_подібна послідовність нуклеїнової кислоти AC174350.4

ATGCATATGTTGACAATGGAAGCTAAACCTCTTCAACTGTTCCCTCTTCACACAACAGCACA
CTGGTGGTGGACCCAGATGAAGATTGAGAATGGTGAAGTTGATGAAGAGAAAAGGGTTGTTGT
TGGAGTGAAGGAAGATATAGAAAACAAGCCTTTGATCACAGAAGCTCAAAGGCGTGAACCTGAT
CATCAAGTTTTTATTTTAAATCATTTTGCTTATAATCTTCTCTTCTTATTACCTTTTGCAAT
TTCCAAGTAATATGTCAGAGTACAGTCGTGCGTGGCTGATTATGTGACTATGGTGGATCAAGA
ACCACATAGGTGTAGAAGAACTGACGGAAGAAATGGAGGTGCGGCAAGGACACAGTACSTAAT
CAGAAGTATTGTGAACGTCACATGCACAGAGGTGAAATCGTTCAAGAAAGCTTGTGGAAACAT
CTCAACTTAACTCTCTTTGAAAACAAATCCTAGTGGTGGTGGCAAGTCACATGCAAACTAGT
CCCAACATTAATCTTCAGTTTCAAATCCAAACCTTTGATTATTATCACAATGGCAGATTC
TCATACAATCCGAGGACCTTCTGCGTTGTAGATACTTCTTCTGTTTGTGATCGGTGCGAGCATG
TCATAGATTATGGTGGCACTGCAGTGACAACCTTCGGAAGCACGACATCCGTTTCTTTGGATAA
CAGAGTTTGTCTTAACGTATGCAAGCAAGATGAGCAGATCAAGAGGTGTATCACCGACAACGTG
GGTATTAAAGTGGTGGAAAGGAAGCATATCTTGTGAAAGTATTGGCATCTCTACTGGAATAG
GCTTTTCCCAAAGAGTGTCTTCCAGTTTCTGGTTGCAATGATTACATACCTCAACAACAGAAA
CAATATATTAGAACCTGAACCCGGTAGATGCCGAAGAACAGATGGTAAGAAGTGGCGATGCAAG
AGTGCAGTTCTTCCAGGTGAGAAGTATTGTGCAACACATATGCATAGAGGTGCTAAAAGGCGTT
TTACAAACCTCGAATCTCTCTCTCTGCCACCACTGTTATTCTTAAACTACTGATATTAGTTC
AGCTGTACCATTGCTCAGTTGCCCGACCTTTCGGCTCCAATCGACATCCAGAAAGCGAATTGT
TGGTCTCCGAGCACTAAGCTTTCAATGTGCGTTCAAGAAAGTGCAGCTTCTGTTGATTGTAATG
AGAAAGTGTAGCAGCGGTGACACGGATGGTACTAGTACCACCATCATGACACCATGAATGA
GTGTAGCTATCTTTCTTTCTAA

SEQ ID NO: 30 *Medicago truncatula* Medtr_GRF_подібна трансльована поліпептидна послідовність

MHMLTMEAKPLQLVPSSHSTTGGGPQMKIENGVEDEEKRVVVGVKEDIENKPLITEAQRRRLD
HQVFIFNHFAYNLPLPYLLQFPSNMSEYSRRGSDYVTMVDQEPHRCRRTDGKKWRCGKDTVPN
QKYCERHMRGRNRSRKLIVETSQNLNPLKTNPSGGGKSHAKLVPNIKSSVSNPNPLIIHNGTF
SYNPRTFVVDTSVCDRSRHVIDYGATAVTTSGSTTSVSLDNRVCPNVCKQDEQIKRCITDNV
GIKSGRKGSISCESIGISTGIGFSPKSVLPVSGCNDSYLNNRNNILEPEPGRCRRTDGKKWRCK
SAVLPQQKYCATHMRGAKRRFTNLESPPPATTVIPTKTDISSAVTIAQLPDPSAPIDIQKANC
WSPSTKLSMSVQESAPFVDCNEKSVSSGDTDGTSTTTTDTMNECSYLSF

SEQ ID NO: 31 *Oryza sativa* Orysa_GRF_Os02g47280 послідовність нуклеїнової кислоти

ATGGCGATGCCGTATGCCTCCCTGTCTCCGGCGGTGGCCGACCACCGCTCGTCCCCGGCAGCCG
CGACCGCTCCCTCCTCCCTTCTGCGCTCCACCCGCTCTCCGCGGGCGGTGGTGGCGTCCG
GATGGGGGAGGACGCGCCGATGACCCGAGGTGGCCGCGGCGGCGGCGGCGAGGCTGCCGCCG
TTACCCGCGGCGCAGTACGAGGAGCTGGAGCAGCAGGCGCTCATATACAAGTACCTGGTGGCAG
GCGTGCCCGTCCCGCCGATCTCGTGCTCCCATCCGCGCGGACTCGACTCCCTCGCCGCCG
CTTCTACAACCATCCCGCCCTTGATATGGTCCGTACTTCGGCAAGAAGCTGGACCCAGAGCCA
GGGCGGTGCCGCGTACGGACGGCAAGAAATGGCGGTGCTCGAAGGAGGCCGCGCCGATTTCCA
AGTACTGCGAGCGCCACATGCACCGCGCCGCAACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAACGCAGCT
GGTCGCCCAGTCCCAACCGCCCTCATCTGTTGTGCGTTCTGCGGCGGCGCCCTTGCTGCTGCC
TCCAATGGCAGCAGCTTCCAAAACCACTCTCTTTACCTGCTATTGCCGCGCAGCAATGGCGGGG
GCGGGGGGAGGAACATGCCCAGCTCATTTGGCTCGCGCTTGGGTTCTCAGCTGCACATGGATAA
TGCTGCCCCCTTATGAGCTGTTGGTGGTGAACAGGCAAGATCTCAGGTATACTGCTTATGGC
ACAAGATCTTTGGCGGATGAGCAGAGTCAACTCATTAAGTATCAACACATCTATTGAAA
ATCCATGGCGGTGCTGCCATCTCAG

ФІГ. 10 (продовження)

AACTCGCCATTTCCCTTTCAAGCTATTCTCAGCTGGGGGCACTAAGTGACCTTGGTCAGAACA
 CCCCCAGCTCACTTTCAAAGGTTCAAGAGGCAGCCACTTTCTGTTCTTTGGGAACGACTATGCGGC
 TGTGATTCTGTGAAGCAAGAGAACCAGACGCTGCGTCCCTTCTTTGATGAGTGGCCAAAGGGA
 AGGGATTTCATGGTCAGACCTCGCTGATGAGAATGCTAATCTTTCTGTCATTCTCAGGCACCCAAC
 TGTGATCTCCATACCAATGGCATCCTCTGACTTCTCGGCGGCCAGTTCTCGATCAACTAATGG
 TGA CTGA

**SEQ ID NO: 32 Oryza sativa Orysa_GRF_Os02g47280.2 транскрибована
 поліпептидна послідовність**

MAMPYASLSPAVADHRSSPAAATASLLPFCRSTPLSAGGGGVAMGEDAPMTARWPPAAARLPP
 FTAAQYEELEQQALIYKYLVAQVPPDLVLPPIRRGLDSLAAAFYFNHPALGYGPYFGKKLDPEP
 GRCRRTDGKKWRCSEAAAPDSKYCERHMRGRNRSRKPVEQLVAQSQPPSSVVGSAAPLAAA
 SNGSSSQNHSLYPALAGSNGGGGGRNMPSSFGSALGSQLHMDNAAPYAAVGGGTGKDLRYTAYG
 TRSLADEQSQLITEAINTSIENPWRLPSQNSPFLSSYSQGLGALSDLGQNTPSLSKVQRQPL
 SFFGNDYAAVDSVKQENQTLRPFDEWPKGRDSWSDLADENANLSSFSGTQLSISIPMASSDFS
 AASSRSTNGD

**SEQ ID NO: 33 Oryza sativa Orysa_GRF_Os02g53690 послідовність
 нуклеїнової кислоти**

ATGATGATGATGAGCGGTGCGCCGAGCGGCGCGCGCGGAGGTGCGGTACCCGTTACGCGGT
 CGCAGTGGCAGGAGCTGGAGCACCAGGCGCTCATCTACAAGTACATGGCGTCCGGGACTCCCAT
 CCCCCTCGACCTCATCTCCCCCTCCGCGCAGCTTCTCTCTGACTCCGCCCCCTCGCCACCTCC
 CTTCCCTCGCCTTCTCTCCCCAACCTTCACTGGGGTGGGGTTGCTTTGGCATGGGGTTTGGGC
 GGAAGGCGGAGGACCCGAGCCAGGGCGATGCCGCGGTACGGACGGCAAGAAGTGGCGGTGCTC
 CAAGGAGGCGTACCCGACTCCAAGTACTGCGAGAAGCACATGCACCGTGGAAGAACCCTTCA
 AGAAAGCCTGTGGAATGTCTTGGCCACGCCCGCGCGCGCGTCTCTCTCCGCCACCTCCGCCG
 CGTCGAACACCTCCGCGCGGTGCGCCCCACCACCACCACCACCTCTCCCCGGCGCCCTCCTA
 CAGCCGCGCGCGCACGACGCGCGCGGTACCAGGCGCTCTACGGCGGGCCCTACGCCGCG
 GCCACCGCGCGCACCCCCGCGCGCGCGGTACCACGCGCAGGTGAGCCCGTTCCACCTCCAGC
 TCGACACCACCCACCCGACCCGCGCGGTCTACTACTCCATGGACCACAAGGAGTACGCGTA
 CGGGCACGCCACCAAGGAGGTGCACGCGGAGCACGCCTTCTTCTCCGATGGCACCGAGAGGGAG
 CACCACCACGCCCGCGCGGGCACGGCAGTGGCAGTTCAAGCAGCTCGGCATGGAGCCCAAGC
 AGAGCACACGCCTCTCTTCCCGGGCGCGGCTACGGCCACACCGCGCGGTGCGCGTACGCCAT
 TGATCTTTCAAAAGAGGACGACGATGAGAAAGAGAGCGGCAACAGCAGCAGCAGCAGCAGCAG
 CAGCACTGCTTCTCTTGGGCGCGACCTCCGTCTGGAGAAGCCGGCGGGCCACGACCACGCGG
 CGGCGCGCGAGAAACCTCTCCGCCACTTCTTTCGACGAGTGGCCGATGAGAAGAACAGCAAGGG
 CTCTGGATGGGGCTCGAAGGCGAGACGAGCTGTCCATGTCCATCCCCATGGCCGCCAACGAC
 CTCCCGATCACCACCACCTCCCGTACCACAATGATGATTAA

**SEQ ID NO: 34 Oryza sativa Orysa_GRF_Os02g53690 транскрибована
 поліпептидна послідовність**

MMMSGRPSGGAGGGRYPFTASQWQLEHQALIYKYMASGTPIPSDLILPLRRSFLDLSALATS
 PSLAFPPQPSLGWGCFCGMGFRKAEDPEPGRRCRRTDGKKWRCSEAYPDSKYCEKHMHRGKNRS
 RKPVEMSLATPPPPSSATSASNTSAGVAPTTTTSSPAPSYSRPAPHDAAPYQALYGGPYAA
 ATARTPAAAAAHQVSPFHLQLDTHPHPPPSYYSMDHKEYAYGHATKEVHGENHAFFSDGTERE
 HHHAAGHGQWQFKQLGMEPKQSTTLPFPAGYGHATAASPYAIDLSKEDDDEKERRQQQQQQQ
 QHCFLLGADLRLEKPAHGDHAAAAQKPLRHFFDEWPHEKNSKGSWMGLEGETQLSMSIPMAAND
 LPITTTSTRYHND

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 35 Oryza sativa Orysa_GRF_Os03g51970.1 послідовність нуклеїнової кислоти

ATGCAGGGTGCAATGGCCAGGGTGAGGGGTCCCTTCACGCCGTCTCAGTGGATCGAGCTGGAGC
 ACCAGGCGCTGATATACAAGTACTTGGCTGCGAATAGCCCTGTACCACACAGCCTCCTCATCCC
 CATCAGGAGGAGCCTCACATCGCCCTACTCACCTGCCTACTTTGGCTCAAGCACATTGGGATGG
 GGATCTTTCCAGCTGGGCTACTCCGGCAGCGCGGATCCGGAGCCCGGCCGGTGCCGCCGACGG
 ACGGCAAGAAATGGCGGTGCTCGAGGGATGCGGTGCGCGACAGAGAAGTACTGTGAGCGACACAT
 GAACCGGGGACGCCACCGTTCAAGAAAGCATGTGGAAGGCCAGCCTGGCCATGCCGCGAAAGCG
 ATGCCCCGGCGGGTGGCAGCAGCCGCTGCCTCTGCTACCCAGCCTAGTGCTCCGGCCGCCCACA
 GTGGCGGAGCTGTTGCTGGCCTCGCTATCAACCATCAGCACCAGCAAATGAAGAACTACGCTGC
 CAACACTGCCAATCCTTGCTCTCTGCAATATAGCAGGGATCTGGCAAACAAGCATAATGAGAGT
 GAACAAGTGCAAGACTCAGACAGTCTCTCGATGCTGACTTCCATTAGCACGAGAAATACGGGCA
 GCCTGTTTCCGTTTCTCAAAACAACATAATCCTTTTGAAGTGTCCAACCTCAAGGCCAGATTTTGG
 CCTAGTATCACCTGATTCACTGATGAGTTCTCCTCATAGCTCCTTGGAGAAGCTCAATTTGCTC
 ACTTCGCAGAGTCTGAATGAACAACAGAGTTTCACTTTCCCTTCAACACTTTGTGGACTGGCCAA
 GGACACCTGCACAAGGAGCTCTCGCATGGCCTGATGCTGAAGACATGCAAGCTCAGAGAAGCCA
 GCTCTCAATATCTGCTCAATGGCGTCTTCTGACCTGTATCAGCCTCAACATCTCCCATCCAT
 GAGAAGCTGATGTTGTCACCACTTAACTGAGCCGTGAATATAGTCCTATTGGTCTCGGTTTTG
 CAGCAAATAGAGATGAGGTTAACCAGGGAGAAGCAAACCTGGATGCCTATGTTCCGTGATTCTTT
 GATGGGCGGACCATTTGGAGAGGTTTAAACCAAGAATAACAACATGGAAGCAAGGAATTGCCCTA
 TCGGAGTCTCTGAATCTTTTAAATGATGGCTGGGATTCAAGCTCAGGGTTTGATTATCCCCAG
 TTGGTGTCTGTCAGAAGACCACCTTTGGATCAGTATCCAGTAGCACCGGAAGCAGTCTAGACT
 GGAGAATCATAGTGTATGATGGCAACAGTAACCTGCGGGATGATCTCGGTTCACTTGTGTGA
 AATCATCCGAGCATCCGCTGGTGTGA

SEQ ID NO: 36 Oryza sativa Orysa_GRF_Os03g51970.1 транскрибована поліпептидна послідовність

MQGAMARVRGPFPTSPQWIELEHQALYKYLAANSPVPHSLLIPIRRSLTSPYSPAYFGSSLTGW
 GSFQLGYSGSADPEPGRCRRTDGKKWRCRDAVADQKYCERHMNRGRHRSRKHVEGQPGHAAKA
 MPAAVAAAAASATQPSAPAAHSGGAVAGLAINHQHQMKNYAANTANPCSLQYSRDLANKHNES
 EQVQSDSLSMLTISITRNTGSLFFFSKQHNPFVSNRPDFGLVSPDSLMSSPHSSLENVNLL
 TSQSLNEQQSSVSLQHFVDWPRTPAQGALAWPDAEDMQAQRSQLSISAPMASSDLSSASTSPIH
 EKLMLSPKLKSREYSPIGLGFAANRDEVNQGEANWMPMFRDSLGMGGPLGEVLTKNNNMEARNCL
 SESLNLNDGWDSSSGFDSSPVGLQKTTFGSVSSSTGSSPRLENHVSVDGNSNLRDDLGSVVV
 NHPSIRLV

SEQ ID NO: 37 Oryza sativa Orysa_GRF_Os04g48510.1 послідовність нуклеїнової кислоти

ATGTTGGCCGAGGGAAGGCAAGTCTACTTGCCGCCGCCGCCGCCGTCCAAGCTTCCTCGTCTCT
 CCGGCACCGATCCAACCGACGGCGTGGTGACGATGGCAGCGCCGTCGCCGCTGGTTCTTGGGCT
 GGGTCTCGGTCTGGGCGGCAGCGGCAGCGACAGCAGTGGGAGCGACGCGGAAGCGTCTGCGGCC
 ACCGTGCGGGAGGCGCGGCCGCCGTGCGCGCTGACGTTTATGCAGCGGCAGGAGCTGGAGCAGC
 AGGTGCTCATCTACCGCTACTTCCGCCGCCGCCGCCGTGCGCGGTTACCTCGTGCTGCCCAT
 ATGGAAGAGCATCGCCGCCGCTCCTCGTTCGGCCCGCAAAGCTTTCCTCCCTGACGGGCCTG
 GGGAGCCTGTGCTTCGACTACAGGAGCAGCATGGAGCCGGAGCCGGGGCGGTGCCGGCGCACGG
 ACGGCAAGAAGTGGCGGTGCTCGCGCGACGTGGTGCCGGGGCACAAGTATTGCGAGCGGCACGT
 CCACCGTGGCCGCGGCCGTTCAAGAAAGCCTATGGAAGCCTCTGCAGCAGTCTGCTCCACATAT
 CTCCCGGTCCGGCCGGCACTCCACACCGTCGCCACCTCGCCACCAGCGGCCATCGCTGTGCGC
 ACCTCGGTTTCTCTCCGCCAGCAAAGTGCTCCTCGCCACACCACCACCGGCACCACGCGCGC
 TACTTGA

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 38 Oryza sativa Orysa_GRP_Os04g48510.1 трансьована поліпептидна послідовність

MLAEGRQVYLPPPPPSKLPRLSGTDPDGVVVTMAAPSPVLVGLGLGSGSDSSGSDAEASAA
TVREARPPSALTFMQRQELQVLIYRYFAAGAPVPVHLVLPWKSIAAASSFGPQSFPSLTGL
GSLCFDYRSSMEPEPGRCRRTDGKKWRCSDVVPGHKYCERHVRGRGRSRKPMESAAVAPTY
LPVRPALHTVATLATSAPSLSHLGFSSASKVLLAHTTTGTTRAT

SEQ ID NO: 39 Oryza sativa Orysa_GRP_Os04g51190.1 послідовність нуклеїнової кислоти

ATGGCGATGCCCTTTGCCTCCCTGTCCGCGGCAGCCGACCACCGGCCCTCCTTCATCTTCCCCT
TCTGCGCGCTCCTCCCCTCTCTCCGCGGTGCGGGAGGAGGCGCAGCAGCACATGATGGGCGCGAG
GTGGGCGGCGCGGTGGCCAGGCCGCCGCCCTTACGGCGGCGCAGTACGAGGAGCTGGAGCAG
CAGGCGCTCATATACAAGTACCTCGTCGCGCGGTGCCGTCCCGCGGATCTCCTCCTCCCA
TCCGCGGTGGCCTCGACTCACTCGCCTCGCGCTTCTACCACCACCCTGTCTTGATACGGTTC
CTACTTCGGCAAGAAGCTGGACCCGGAGCCCGACGGTGCCGGCGTACGGACGGCAAGAAGTGG
CGGTGCTCCAAGGAGGCCGCGCGGACTCCAAGTACTGTGAGCGACACATGCACCGCGGCCGA
ACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAGCGCAGCTCGTCGCCCCCACTCGAGCCCCCGCCACGGC
GCCGCGCGCGCGCTCACCTCCACCGCCTTCCAGAACCACTCGCTGTACCCGGCGATTGCTAAT
GGCGGCGCGCCAACGAGGCGGTGGTGGTGGTGGCGGTGGCGGCAGCGCGCCTGGCTCGTTCC
CCTTGGGGTCTAATACTCAGCTGCACATGGACAATGCTGCGTCTTACTCGACTGTTGCTGTGG
TGCCGGAACAAGATTTCAGGTATTCTGCTTATGGAGTGAGACCATTGGCAGATGAGCACAGC
CCACTCATCACTGGAGCTATGGATACCTCTATTGACAATTCTGTGGTGTCTGCTGCCTTCTCAGA
CCTCCACATTTTTCAGTTTCGAGCTACCTATGCTTGGAAATCTGAGTGAGCTGGACCAGAACAC
CATCTGCTCGCTGCCAAGGTGGAGAGGAGCCATTGTCTTCTCGGAGCGACTATGTGACC
GTCGACTCCGGAAGCAGGAGAACCAGACGCTGCGCCCTTTTTTCGACGAGTGGCCAAAGGCAA
GGGACTCCTGGCTGATCTAGCTGATGACAACAGCCTTGCCACCTTCTCTGCCACTCAGCTCTC
GATCTCCATTCCAATGGCAACCTCTGACTTCTCGACCACCAGCTCACGATCACACAACGGTATA
TACTCCCGATGA

SEQ ID NO: 40 Oryza sativa Orysa_GRP_Os04g51190.1 трансьована поліпептидна послідовність

MAMPFASLSPAADHRPSFIFPFCRSSPLSAVGEEAQQHMMGARWAAAVARPPPFATAQYEELEQ
QALIYKYLAVGVVPADLLLPIRRGLDSLASFYHHPVLGYGSYFGKKLDPEPGRCRRTDGKKW
RCSKEAAPDSKYCERHMRGRNRSRKPVEAQLVAPHSQPPATAPAAAVTSTAFQNHSLYPAIAN
GGGANGGGGGGGGGSAPGSFALGSNTQLHMDNAASYSTVAAGAGNKDFRYSAYGVRPLADEHS
PLITGAMDTSIDNSWCLLPSTSTFSVSSYPMLGNLSELDQNTICSLPKVEREPLSFFGSDYVT
VDSGKQENQTLRPFDEWPKARDSWPDLDADDNSLATFSATQLSISIPMATSDFTSSRSHNGI
YSR

SEQ ID NO: 41 Oryza sativa Orysa_GRP_LOC_Os06g02560.1 послідовність нуклеїнової кислоти

ATGCTGAGCTCGTCGCCCTCGGCGGCGGCGCGGGGATAGGAGGGTACCAGCCGCGAGCGCGGG
CGGCGGTCTTACGCGGCGCAGTGGGCGGAGCTGGAGCAGCAGGCGCTCATTTACAAGTACCT
CGTCGCGGGTGTCCCGTCCCGGGCGATCTCCTCCTCCCAATCCGCCCCACTCCTCCGCGCC
GCCACCTACTCCTTCGCAACCCCGCGCGCGCCCTTCTACCACCACCACCACCACCCCTCTC
TGAGCTATTATGCCTACTATGGCAAGAAGCTTGACCTGAGCCGTGGCGTTGCCGCCGACCGA
CGCAAGAAGTGGCGGTGCTCCAAGGAGGCGCACCCGACTCCAAGTACTGCGAGCGCCACATG
CACCGTGGCGCAACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAATCCAAGACCGCTGCCCCGTGCGCCCCAGT
CGCAGCCCCAGCTGTCCAATGTACGACCGCGACTCACGACACCGATGCGCCTCTCCCGTCACT
CACTGTGGGTGCTAAAACCCACGGTCTGTCCCTTGGTGGTGTGCTGGCTCGTCAGTTCCATGTC
GACGACCATCGTACGGC

ФІГ. 10 (продовження)

AGCAAGTACTCTCTTGGAGCTAAAGCTGATGTGGGTGAAGTCTGAGCTTCTTCTCAGGAGCATCAG
GAAACACCAGGGGCTTCACCATTGATTCTCCAACAGATAGCTCATGGCATTCACTGCCTTCCAG
TGTACCCCATACCCGATGTCAAAGCCAAGGGACTCTGGCCTCCTACCAGGTGCCTACTCCTAC
TCCACCTTGAACCTTCACAGGAACCTTGGCCAGGTCAACATCGCCTCGTGTCCCAAGAGCAGG
AGCGCCGCTCTTTTGGTGGTGGAGCGGGGGGGATGCTAGGAAATGTGAAGCACGAGAACCAGCC
GCTGAGGCCTTTCTTCGATGAGTGGCCTGGGAGGCCGAGACTCGTGGTCCGAGATGGATGAGGAG
AGGTCCAACCAGACCTCTTCTCGAACAACCAAGCTCTGATCTCCATCCCAGATGCCAGATGTG
GGTCCCCATTCCGGTCCGCGTCTACCTTGA

SEQ ID NO: 42 Oryza sativa Orysa_GRF_LOC_Os06g02560.1
трансльована поліпептидна послідовність

MLSSSPSAAAPGIGGYQPORGAAVFTAAQWAELEQQALIIYKYLVAGVPVPGDLLLPIRPHSSAA
ATYSFANPAAAPFYHHHHHPSLSYYAAYGKKLDPEPWRCRTDGKKWRCSKEAHPDSKYCERHM
HRGRNRSRKPVESKTAAPAPQSQPQLSNVTTATHTDTPAPLPSLTVGAKTHGLSLGGAGSSQFHV
DAPSYGSKYSLGAKADVGELSSFFSGASGNTRGFTIDSPDSSWHSLLPSSVPPYPMSKPRDSGLL
PGAYSYSHLEPSQELTQVTIASLSQEQRRSFGGGAGGMLGNVKHENQPLRPFDEWPGRRDSW
SEMDEERSNQTSFELQVLSISIPMRCQSPIGRPLP

SEQ ID NO: 43 *Oryza sativa* Orysa_GRP_Os11g35030.1 послідовність
нуклеїнової кислоти

ATGCTGAGCTCTTGTGGTGGCCATGGCCATGGAATCCAAGAAGCTTGAAGAAGAACACCATG
GCAGATGTGGTGAGCAGCAAGGTGGAGGAGGAGGAGGGCAAGAGCAAGAGCAAGATGGGT
CTTGGTGAGAGAGGCAAGGGCATCCCCACCATCTCCATCTTCTTCATATTTCTTGGATCCACA
AGCTCTTCTTGTCTGGAGGAGGAGGAGGAGGGCAGATGTTGAGCTTCTCCTCCCCAATGGA
CAGCAGGGTTGGGCTTGAGCTCAGGAGGAAGCATGCAGGGGGTCTTGGCAAGGGTCAGGGGGCC
GTTACCCCAACACAGTGGATGGAGCTGGAGCACCAGGCACTGATCTACAAGCACATTGCTGCA
AATGTTTCTGTCCCTTCAGCTTGCTCCTCCCCATCAGGAGAAGCCTCCATCCATGGGGATGGG
GATCATTCCTCTCGGTGTGCTGATGTAGAACCAGAAAGATGCCGCCGACACAGCGGCAAGAA
TGGCGGTGCTCCAGAGATGCTGTGGGAGTCAGAAGTATTCTGAGCGACATACAAACCGTGGT
CGCCATCGTTCAAGAAAGCATGTGGAAGGCCGAAAGGCCAGTCTACCATTGCGAAGCAATCCA
CGGTTATTGCTGCTGGTGTATCATCTCGCGGCCACACTGTGGCTCGGCAGAAGCAGGTGAAAGG
CTCAGCTGCTACTGTCTCTGATCCTTTCTCGAGACAATCCAACAGGAAATTTCTGGAGAAACAG
AACGTTGTGACCAATTGTCTCCCATGGATTCAATTTGATTTCTCATCCACACAATCTTCTCCAA
ACTATGACAATGTAGCATTGTCACTGAAGTTGCACCATGATCATGATGAATCTTACATCGG
GCATGGAGCAGGCAGTTCATCAGAAAAAGCAGTATGATGTACGAAAGTCGGTTAACAGTCTCT
AAGGAAACACTTGATGATGGACCTTTAGGTGAAGTTTCAAAAAGAAAGAAATGCCAATCAGCTT
CTACAGAAATCTTAACTGAAAAATGGACTGAGAACCCCAACTTACATTGCCCATCTGGAATCCT
ACAAATGGCTACTAAGTTCAATTCAATTTCCAGCGGCAACACAGTAAATAGTGGTGGCACCGCA
GTGGAGAACTTATCACTGATAATGGATATCTTACTGCAAGAATGATGAATCCTCATATTGTCC
CAACACTTCTCTAA

SEQ ID NO: 44 *Oryza sativa* Orysa_GRF_Os11g35030.1 трансьована
поліпептидна послідовність

MLSSCGGHGHGNPRSLQEEHHGRCGEQQGGGGGGGQEQEQDGLVREARASPPSPSSSSFLGST
SSSCSGGGGGGQMLSFSSPNGTAGLGLSSGSMQGVLARVRGPFPTPTQWMELEHQALIYKHIAA
NVSVPSLLLLPIRSLHPWGWGSFPPGCADVEPRRCRRTDGKKWRCSDAVGDQKYCERHINRG
RHRSRKHVEGRKATLTIAEPSTVIAAGVSSRGHTVARQKQVKGSAATVSDPFSRQSNRKFLEKQ
NVVDQLSPMDSFDFSSSTQSSPNDNVALSPLKLHHDHDESYIGHGAGSSSEKGSMMYESRLTVS
KETLDDGLPEVFKRKNQCSASTEILTEKWTENPNLHCPSGILQMATKFNSISSGNTVNSGGTA
VENLITDNGYLTAARMNPNHIVPTLL

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 45 *Oryza sativa* Orysa_GRF_LOC_Os12g29980.1
послідовність нуклеїнової кислоти

ATGGCAATGGCGACCCCTACGACCAACGGCAGCTTCCTTCTTGGATCAGGTGGCTATCCCGGTG
 CCCAGATTCTAAGCTTCTCCTCCTCAGGTCACAGCGGAATGGGTTGGATTGTGGAAGCTCAGA
 TGTGGCAAGAATGCAGGGGGTTTTAGCAAGGGTTAGGGGGCCATTACACCAACACAATGGATG
 GAGCTGGAGCACCAGGCTCTGATCTACAAGCACATTGTGGCGAATGCGCCGGTACCGGCCGGCT
 TGCTCCTCCCCATCAGGAGAAAGCCTCCATCCACAGTGTTCACACACTTCTCCTCTGGTGGCAT
 TCTTGGCTCCAGCTCCTTGGGATGGGGGTCATTTAGCTGGGCTATTCTGGGAGTGCTGACTCC
 GAGCCCCGGGAGATGCCGTCGAACCGATGGCAAGAAATGGCGGTGCTCGAGAGACGCAGTTGTCTG
 ACCAAAAGTACTGCGAGCGGCACATAAACCGGGGTCGCCACCGTTCAAGAAAGCATGTGGAAGG
 CCAATCTAGCCATGCCGCAAAAGCAACGGTTCCCGCCATAGCACAACCAACCCATTGGTGCTCT
 AATGGCAAATTGTGAGGAGCCATGGTGTGTCAAATGAGCTCACGAAAACCTTGGCTACTAACA
 GGATGATGTTGGATAAAGCAAATCTTATGAACGCTCCCAGGACTACACTAATCAGCAACACAA
 CATATCTCAGAACAAACACAAAGGTGATAATTGGTCTGAAGAGATGTCTTCAACAAGCAGACTAT
 GCAGTAATCCCTGCTGGCTCTCTCATGAACACACCGCAATCGGCGAATTTAAATCCAATTTCCC
 AGCAACAACGCTGTAAAGCAGTCACTCTTGGCAAAGGGATACAGCATGATGACATTCAGCTGTC
 GATATCCATTCCCGTGGATAACTCCGACTTACCCACTAACTACAACAAGGCTCAAATGGACCAT
 GTAGTAGGCGGTTTCATGAATGGCGGAAACAACACGCGAGCAAGTTGGATACCGGGCTCTGGG
 AAGCGTCCATAGGTGGACCTCTGGGTGAGTTCTTACCAACACACAGCAGCGCATCAGACGACAA
 AGGCAAAAGCCGCCACCCGCCATCTTTGAACCTCTTAGCTGATGGACATACTACAAGTCCACAG
 CTGCAATCGCCACCGGAGTCTGCGAGATGACTAGCTTCACTTCACTGAGTCCAGCAGCACTGTTA
 GTAGTCTGCGAGGAGCCTCTGCAATGGCTTGCTCACTTCAGGCCTGGTGAATGCCAGACTGT
 CCAAACTGTGA

SEQ ID NO: 46 *Oryza sativa* Orysa_GRF_LOC_Os12g29980.1
трансльована поліпептидна послідовність

MAMATPTTNGSFLLGSGGYPGAQILSFSSSGHSGNGLDCGSSDVARMQGVLARVRGPFTPTQWM
 ELEHQALIIYKHIVANAPVPAGLLLPPIRSLHPPVFPFHSSGGILGSSSLGWGSFQLGYSGSADS
 EPGRCRRTDGKKWRCRSDAVVDQKYCERHINRGRHRSRKHVEGQSSHAAKATVPAIAQPPIGAS
 NGKLSGSHGVSNELTKTLATNRMMLDKANLIERSQDYTNQHNILQNNKGDNDWSEEMSSQADY
 AVIPAGSLMNT PQSANLNP I PQQRCKQSLFGKGIQHDDIQLSISIPVDNSDLPTNYNKAQMDH
 VVGGSNGGNNTASWIPGSWEASIGGPLGEFFNTNTSSASDDKGSRHPPSLNLLADGHTTSPQ
 LQSPTVLQMTSFSSVPSSTVSSPAGSLCNGLLTSGLVNAQTQVQTL

SEQ ID NO: 47 *Oryza sativa* Orysa_GRF_Os03g47140.1 **послідовність нуклеїнової кислоти**

ATGTTTGCTGACTTCTCTGCTGCTGCCATGGAGCTTGGAGAGGTGTTGGGCTTGCAAGGACTCA
 CAGTGCCATCCACCAAGGAGGGTGATCTGAGCCTCATCAAGAGAGCTGCTGCTGGTAGCTTCAC
 CCAGGTGCTGCTGCATCATACCTTCCCCCTTTCTTGTATGAACAGAAGATGCTCAGATTCCGCC
 AAGGCTGCTCACACATTGCCATCAGGTTTGGATTTTGGGAGGGAAAATGAGCAGAGGTTCTTGT
 TGTCTAGGACCAAGAGGCTTTCACTCCCTCACAGTGGATGGAGCTGGAGCACCAGGCTCTCAT
 TTACAAGTATCTCAATGCAAAGGCCCTATACCTTCCAGCCTGCTCATTTCAATCAGCAAAAGC
 TTCAGATCATCAGCTAACAGAATGAGCTGGAGGCTCTCTATCAAGGCTTCCCAATGCAGACT
 CTGACCCAGAACCTGGAAGATGCCGTCGAACAGATGGCAAGAAATGGCGGTGTTCAAGGAGGC
 CATGGCCGACCACAAGTATTGTGAGAGGCACATCAACAGAAACCGCCACCGTTCAAGAAAGCCT
 GTGGAAAACCAAAGTAGAAAGACTGTGAAAGAGACACCGTGTGCTGGCTCATTGCCATCTTCTG
 TCGGCGAGGGCAGCTTCAAGAAGGCAAAAGTTAATGAAATGAAGCCACGCAGTATCAGCTATTG
 GACAGATAGTTTGAACAGGACAATGGCGAACAAGAGAAAGGAAACAAAGCTGCTGAAGAAAAC
 AATGGCCCACTGCTAAATTTAACGAATCAACAGCCAACATTGTCCCTGTTCTCTCAGTTGAAGC
 AACAGAACAACCGGAGAAGTTCAAT

ФІГ. 10 (продовження)

ACAGCAGGAGACAGTGAATCGATTTCTTCAAATACCATGTTGAAGCCTTGGGAGAGCAGCAACC
AGCAGAAACAACAAAAGCATTCTTTTACCAAGATGCATGATCGTGGATGCCTTCAGTCAGTCCT
TCAGAATTTTTCAGCTTGCCCTAAGGACGAGAAAATGGAGTTTCAGAAAAGCAAAGATTCCAATGTC
ATGACAGTTCCATCAACTTTCTATTCCTCGCCAGAGGACCCACGCGTCAGCTGCCATGCACCTA
ATATGGCACAAATGCAAGAGGATAGCATCTCAAGTCTTTGGGAGATGCCTCAAGGTGGACCTCT
AGGTGAGATCTTGACAACTCCAAAAATCTCGAGCATTCAATCATGAACCAAGCAAGGCCA
TAGTGGTTGGTTTACTGAACCTCGAGGATCATGCAATGTGA

SEQ ID NO: 48 *Oryza sativa* Orysa_GRF_Os03g47140.1 трансьована
поліпептидна послідовність

MFADFSAAAMELGEVIGLQGLTVPSTKEGDLSLIKRAAAGSFTQAAAASYPSPLFDEQKMLRFA
KAAHTLPSGLDFGRENEQRFLLSRTKRPFTPSQWMELEHQALYKYLNAPIPSSLLISIKS
FRSSANRMSWRPLYQGFPNADSDPEPGRCRTDGKKWRCSEAMADHKYCERHINRNRHRSRKP
VENQSRKTVKETPCAGSLPSSVVGQSFKKAKVNEMKPRSISYWTDSLNRMTANKEKGNAAEEN
NGPLNLNTNQPTLSLFSQLKQNKPEKFNATGDSESISNTMLKPWESSNQNNKSIPFTKM
DRGCLQSVLNGFLSLPKDEKMEFQKSKSDNMTVPSTFYSSPEDPRVSCHPNMAQMQEDSISS
WEMPOGGPLGEILNTSKNPDDSIKMPPEARPYGWLLNLEDHAM

SEQ ID NO: 49 Oryza sativa Oryza GRF gi_115447910 ref
NM_001054270.1 послідовність нуклеїнової кислоти

GACAAC TCACTG CCCCCA TCTTCT TTTCTT CATTCCT CTTCCCA CCAAGAAC CCCAAAC CTTTAC
CTCCATT GAGTTC GAAACCG AGGAGCG AGGAGTTACA AGCCGAG TTGTCA GAATGG ATGAGGAG
AAGGAAG CCGACT CGCCGC AGCCACCG TCCAAG CTGCCTCG CCTCTC CGGCGCTG ACCGAAT
CCGGAGT GGTGAC CATGGC AGCACCCC GCGCGCG CGTGGGTCT TGGGCTG GGGCTT GGA CTGG
CGGCGCA CAGCCG CGGCGAG CGCTGAC GTGGA AGCGT CGGCGCG CGCGCGCA CAAAGGCG CAGCGG
CTGACG TTTATG CAGCAG CAGGAG CTGGAG CACAGG TGCTCAT CTACCG CTACTT CGCCGCG
GCGCGCC GTGCGCG GTGCAC CTGCTGT CCCCCA CTGGA AGAGCG TCGCTCCT CTCTCT CGG
CCCGCA CCGCTT CCCC TTCCCT GGCAGT GATGGGG TTGGGGA ACCTGT GCTTCG ACTACCG GAGC
AGCATG GAGCCG GACCCAG GCGGTG CAGGCG CACGGAC GCGCA AGAAGT GGC GGTGCT CGCGG
ACGTGG TGCCGG GGCACA AGTACT GCGAG CGGCAC GTCCAC CGCGGAC GCGGCG GTTCA AGAAA
GCCTGT GGAAGC CTCG CGGCC CGCCAC CCGGCG AACAAC GCGCGG CGGCGGTGG CATCGT CTTT
TCCCCA CACAGC GTCTCT CTGCCC ACGGCAC GCGCGCG CGCCAC CTGAC CAGGTG ACCAGAC CGG
CGCCCG TTTG TTTG TTTCT GCTCGG CGCATG GGGAAAA CCAAAT CCGCAGG GTTATGT CATGT
CTGTAAC TCTTTTT TCTTCG CAACTTTT GAAGC CAAACAA TTCTCA CCGGTATTCG ATGGC

SEQ ID NO: 50 Oryza sativa Oryza GRF gi_115447910 ref
NM_001054270.1 транслювана поліпептидна послідовність

MD EEKEADSPQPPSKLPRLSGADPNAGVVTMAAPPPVGLGLGLGGDSRGERDVEASAAAAH
KATALTFMQQEELEHQVLIYRYFAAGAPVPVHLVLP IWKSVASSSFGPHRFP SLAVMGLGNLCF
DYRSSMEPDPGRCRRTDGKKWRCSRDPVPGHKYCERHVHRGRGRSRKPVEASAAATPANNGGGG
GIVFSPTSVLLAHGTARAT

SEQ ID NO: 51 Oryza sativa Oryza GRF gi_115460325 ref
NM_001060298.1 послідовність нуклеїнової кислоти

ATGCGCCCTTTGCGCTCCCTGTGCGCGGGCAGCCGACACCGGCCCTCCTTCATCTTCCCCTTCTGCGC
GCTCCTCCCCTCTCTCCGCGGTGCGGGAGGAGGCGCAGCAGCATGATGGGCGCGAGGTGGGC
GCGGCGCGTGGCCAGGCCGCCGCCCTTCACGGCGGCGCAGTACGAGGAGCTGGAGCAGCAGGCG
CTCATATCAAGTACCTCGTCGCCGGCGTGCCCGTCCCGGCGGATCTCCTCCTCCCATCCGCC
GTGGCCTC

ФІГ. 10 (продовження)

GACTCACTCGCCTCGCGCTTCTACCACCACCCTGTCCTTGGATACGGTTCCTACTTTCGGCAAGA
 AGCTGGACCCCGGAGCCCGGACGGTGCCGGCGTACGGACGGCAAGAAGTGGCGGTGCTCCAAGGA
 GGCCGCGCCGGACTCCAAGTACTGTGAGCGACACATGCACCGCGGCCCAACCGTTCAAGAAAG
 CCTGTGGAAGCGCAGCTCGTGCCTCCCACTCGCAGCCCCCGCCACGGCGCCGGCCGCGCGG
 TCACCTCCACCGCCTTCCAGAACCCTCGCTGTACCCGGCGATTGCTAATGGCGGGCGGCCAA
 CGGAGGCGGTGGTGGTGGTGGCGGTGGCGGCAGCGCCCTGGCTCGTTTCGCTTGGGGTCTAAT
 ACTCAGCTGCACATGGACAATGCTGCGTCTTACTCGACTGTTGCTGCTGGTGGCGGAAACAAAG
 ATTTTCAGGTATTCTGCTTATGGAGTGAGACCATTGGCAGATGAGCACAGCCCACTCATCACTGG
 AGCTATGGATACCTCTATTGACAATTCGTGGTGGTGGTGGCTTCTCAGACCTCCACATTTTCA
 GTTTTCGAGCTACCTTATGCTTGGAAATCTGAGTGAGCTGGACCAGAACACCATCTGCTCGCTGC
 CGAAGTGAGAGGGAGCCATTGTCAATTCCTCGGGAGCGACTATGTGACCGTCGACTCCGGGAA
 GCAGGAGAACAGACGCTGCGCCCCCTTTTCGACGAGTGGCCAAAGGCAAGGGACTCCTGGCCT
 GATCTAGCTGATGACAACAGCCTTGCCACCTTCTCTGCCACTCAGCTCTCGATCTCCATTCCAA
 TGGCAACCTCTGACTTCTCGACCACCAGCTCACGATCACACAACGATGAGTGA

SEQ ID NO: 52 *Oryza sativa* Oryza GRF gi_115460325 ref
 NM_001060298.1 транскрибована поліпептидна послідовність
 MPFASLSPAADHRPSFIFPFCSRSSPLSAVGEEAQQHMMGARWAAAVARPPPTAAQYEELEQQA
 LIYKYLAVGVVPADLLLPPIRRGLDSLARSFYHHPVLGYGSYFGKKLDPEPGRCRRTDGKKWRC
 SKEAAPDSKYCERHMRGRNRSRKPVEAQLVAPHSQPPATAPAAAVTSTAFQNHSLYPAIANGG
 GANGGGGGGGGGSAPGSFALGSNTQLHMDNAASYSTVAAGAGNKDFRYSAYGVRPLADEHSPL
 ITGAMDTSIDNSWCLLPSQTSTFSVSSYPMLGNLSELDQNTICSLPKVEREPLSFFGSDYVTVD
 SGKQENQTLRPFDEWPKARDSWPDLDADDNSLATFSATQLSISIPMATSDFFSTTSSRSHNDE

SEQ ID NO: 53 *Oryza sativa* Oryza GRF gi_115471984 ref
 NM_001066126.1 послідовність нуклеїнової кислоти
 GAGAGCTCCGTATCACCGGCCTCTTTCCTTCCCTTCCCTCCCGATCCAATCCCCCTTCTCCT
 CCTCGCGGCGCTCGCTGAGCATGGCGGCGGAGGGGGAGGCCAAGAAGGACAGCGCCAGCAACCC
 TCCCGGGGGAGGAGGCGCGGAGGTGGAGGGGAGGAGGAGGAGGATAGCAGCCTGGCTGTGGG
 GAGGCGGCGGTGGGGTGGGCGAGGCTGGTGGAGGAGGAGGAGGAGGGGAGAAGGCGGATCGAG
 AGGAGGAGGAGGGGAAGGAGGATGTGGAGGAGGGCGGCTGTGTAAGGATCTGGTGTCTGTGCGA
 GGACGCGCTCCCGTCCGAGGATCCGGAGGAAGCCGCGAGCAACTGCAGCACTTCAGGAAGAAATG
 AAAGCGCTCGTTGAATCCGTCCCAGTTGGTGTCTGGGCGGCATTACCGCGATGCAACTACAGG
 AGCTTGAGCAGCAATCTCGTGTCTACCAATATATGGCTGCCCCGTGTGCCTGTGCCTACTCATCT
 CGTCTTCCCAATATGGAAGAGTGTTACTGGTGCATCTTCTGAAGGCGCCAGAAAGTACCCGACA
 TTGATGGGGTTGGCAACACTCTGCTTGGACTTTGGAAAGAACCAGAACCAAGCTGGGAGGT
 GCCGGCGAACTGATGGAAGAAGTGGCGGTGCTGGAGAAATGCAATTGCAAAATGAGAAATATTG
 CGAAGCCCATATGCACCGTGGCCGCAAGCGTCCTGTACAGCTTGTTGTGCGAGGATGACGAGCCT
 GATTCTACCTCAGGGTCGAAACAGCATCTGGCAAGGCCACCGAAGGTGGCAAGAAGACTGATG
 ACAAGAGCTCAAGTAGCAAGAAGCTTGCACTGGCAGCACCAGCTGCTGTGGAGTCTACATGATT
 GATGCAGCATTTAGGAGCTGCATAAAGAGCATAACTGTGCTGGCAATTAGAGTTTCGCTTCTTAT
 TGTAATCCTGAAAAGACTGTAGTCTGGTCTAGCTATAACCTCATCAAGCAAGAAAAGTGTCTGT
 GGAAAGAAGCCACAAAACTTTTATTTAGCTGTCACTGAAATTTTCAGTTTAGGTGTATAGTTT
 GATTTAGCTTTGCCGTGCCCTCTGCCTTCAGGCAGATGAGCGGCATTATTGGATAAATCCTCTC
 TGACTGACAATATCGCATTTGTGACTCAAGAAGCCGATGGAAGGATCTGCGAGACTAGATACGAA
 GCTATTTGTTGTGTATCATTTTATATGGCCTGCACAATTGTGTGATTTTGTCACTTGCATAACA
 TGTGGAAGATCCATAATTTTATGCACTATGGAGATTCAATTACCTTCTGAATGTCTGAGCTTC
 GACATGTTATTGGTTATTGTAACCTTAAAGCAACCTGAGATTCAATGTGAAAGGGTTTTAGATT
 CCAGCTTC

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 54 *Oryza sativa* Orysa GRF gi_115471984 ref
 NM_001066126.1 **трансльована поліпептидна послідовність**
 MAAEGEAKKDSASNPPGGGGGGGGGGEEEDSSLAVGEAAVGVGEAGGGGGGGEKADREEEEGKE
 DVEEGGVCKDLVLVEDAVPVEDPEEAAAATAALQEEMKALVESVPVGAGAAFTAMQLQELEQQSR
 VYQYMAARVPVPTHLPFPIWKSVTGASSEGAQKYPTLMGLATLCLDFGKNPEPEPGRCRRTDGK
 KWRCWRNAIANEKYCERHMRGRKRPVQLVVEDDEPDSTSGSKPASGKATEGGKKTDDKSSSSK
 KLAVAAPAAVEST

SEQ ID NO: 55 *Populus tremuloides* Poptr_GRF_ lcl_scaff_XIV.39
послідовність нуклеїнової кислоти

TAGTGAAGCTCCTTCTCATGTCTCACCTCCTGAGACCAAACCAAAGATTCTTGGATCTGTGTTA
 AGTAAGCGAGAAAGATCAGCTTCGTCTGCTCAAGATGATTACTGGAGGACTTCAAAGATGCCAA
 AAAATGATGATTTTTCTGTCAACAAAACAATGTCTGTCACCAACCCACTTCTTTACTGAGATC
 TAATTACATGCTTTCTGATGATTCTCGCCAACAAGAGCACATGATGAGCTTCTCTTCTCCAAGA
 CCAGAAAACGACTCCATTTCTAAGCAAAGATGGTGAGTTAGTGGAGAGAAGCACACAAAACCACA
 CTGCCTTAAGCTTTCTGTACCATCAGAACACAGCTTCTTCTTATATTAGAAGTGCAGGTTATGA
 CACCGGAGGCTTGAATGCAGGCATGCACGGGCCTTCTACTGGGGTTAGAGGACCATTTACTCCA
 TCTCAGTGGATGGAGCTTGAACATCAGGCCTTGATCTACAAATACATCACTGCTCGTGTGCCTG
 TGCCTTCTAATTTGATCATTCTCTCAAGAAGTCTGTCTACCTTATAGCTTACCTGGCTCCTC
 TACTGGATCCTTCCCTCACAATTCATTGGGATGGAGCGCTTTCATCTTGGTTACCTGGCAAC
 AACACTGATCCGGAGCCTGGAAGGTGTCTCGGACTGATGGGAAGAAAATGGCGGTGCTCAAGGG
 ATGCTGTAGCTGACCAAAAAGTATTGTGAAAGGCACATAAACAGAGGCCGCCATCGTTCAAGAAA
 GCCTGTGGAAGGCCAGACTGGCCATGCTGCCACTGGGACTGCCAGTTCAAAGGTGGTGCCAATG
 TCGAACTCGATGTCAAATTTGGCAATAACCAAGTGGTGGTGCCTCCAACAGCATTGCGATGACCA
 CGCAACAACAGTTCAAATTTTGCAGCCGGCTGCTGCCAACACTTCTGCGATGTTGATGTCAA
 CAGAGCACAAGATGCACAGAGCATTTCTATGATGTCTTCCACCATCAACCGGAAATCTGATGAG
 TCCTCTTTCTTTGTTCTTAAACAAGATATCTTAATGGAGCAGTGCTCTCAAACAGAGTTTGAT
 TTGTCTCCTCTGACTCTCTCCTCAACCCATCGCAGAAGAGCTCTTACATTAACCTAAGCCCTA
 CGAGTCTTTTCTAACTTTAATGACGAAGAAAGCCAAGATCAGCATCCCTTTCGTCAATTCATT
 GATGAGTGGCCGAAGGATCAATCTAATTGTTCTGTCTATAGCTGGCCAGAAGAGTTGAAATCTG
 ACTGGACCCAGCTCTCCATGTCAATCCCAATGGCCTCATCAGACTTCTCATCATCATCCTC
 ACCCACACAAGAGAACTTGCCCTCTCACCATGAGTTTATCTTGCGAGTTTGACCTGTACAA
 ATGGGTTTAAGGGTGAGCGTTGACCATAATGAATCAAGCCAAAAGCAAACCAACTGGATACCTA
 TCTCCTGGGGGACTTCAATTGGTGGCCCTTTAGGAGAGGTCTTGACCACCAGCACTAGCCATGC
 GGATTCCTGCAAGAGCTCATCAGCCCTTAGCCTTTTGAGAGAAGGTTGTGATGGCAGCCACAG
 TTGGGATCTTCTCCGACGGGAGTCTTGCAAGAAATCAACTTTCTGTTCCCTTTCCAATAGCAGTT
 CTGGGAGCAGCCCAAGAGCTGAGAGCAAGAAAAACAATGACACTGCTAGTCTGTATGAGGATGT
 GGGTGGTTCGATAATTGCAAGTTCATCACCTATTCCACCCCTGTAATCAAGCGAACTGTAAGGA
 TGAAACCTGTCAAGGAAATGTGAAGAAGCTTGAGTTTCTATTTATCTGATAAATTCCTGTA

SEQ ID NO: 56 *Populus tremuloides* Poptr_GRF_ lcl_scaff_XIV.39
трансльована поліпептидна послідовність

MDFGVLGLEGLVGPETSSEAPSHVSPPETKPKILGSVLSKRERSASSAQDDYWRTSKMPKNDDF
 SVTKTMSLHQPTSLRSNYMLSDDSRQQEHMMSFSSRPETTPFLSKDGELVERSTQNHTALS
 RYHQNTASSYIRSAGYDTGGLNAGMHGPLTGVRGPFPTPSQWMELEHQALIYKYITARVPVPSNL
 IIPLKKSVPYPYSLPGSSTGSFPHNSLGWSAFHLGYPGNNTDPEPGRCRRTDGKKWRCRDAVAD
 QKYCERHINRGRHRSRKPVEGQTGHAATGTASSKVPMSNSMSKLAITSGGASNSIAMTTQQQF
 KILQPAAANTSADVDVNRAQDAQSISMMSSTINRKSESSFFVPKQDILMEQCSQTEFGFVSSD
 SLLNPSQKSSYI

ФІГ. 10 (продовження)

NSKPYESFLNFNDEESQDQHPLRQFIDEWPKDQSNCSVISWPEELKSDWTQLSMSIPMASSDFS
 SSSSSPTQEKALSPMSLSCEFPVQMLRVSVVDHNESSQKQTNWIPISWGTSSIGGPLGEVLTT
 STSHADSCSSSALSLLREGCDGSPQLGSSPTGVLQKSTFCSLSNSSSGSSPRAESKKNNDTAS
 LYEDVGGSI IASSSPIPL

SEQ ID NO: 57 Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_II.1070
послідовність нуклеїнової кислоти

AAGTAATAGTGGTTTCGCTTCTCTTGCTAGTTCAGATCCTGAAGCAAAGCAGAAGTACGGATCT
 GGGTTCCTGAAGCAAGAGAGATCTGCCGAGCCGATGACGATTGGAGGAACTCTAAATTGGCCA
 AAACCGAGTCAATGCTGCTTGACCAGAGAAACACTTTTCTTCTGAAATCTAGCAACAACCTCTCT
 CTTCAGTATGACAGCAGCAGCAGCAGATGCTCAGCTTCTCCTGTCCCAAATCAGCTTCTTCA
 GGGGAGAGAAGCTCCCCAAATGCCATGTTGCCATACTTTACCTCACATCTTCTGCTTGTAATA
 GAAATACAGGCTACAACCTCTGGAATCTTCAATGCTGCCAGCATGCATGGGGTTTGGACTGAGAC
 TAGATCGCCATTCACTCAATTACAATGGATGGAGCTTGAACATCAGGCCTTGATCTACAAATAC
 ATGACTGCAAATGTGCCTATACCATCTAATCTGCTCATCCCCATTAGGAAAGCTCTTGATTCTG
 CTGGGTTTTCTAGCTTTTCTGGTGGACTTTTCAAACCCAGTGCATTGCAATGGGGTACTTTCCA
 TATGGGTTTCTCCAGCAACACTGATCCGAGCCAGGACGGTGTGCAAGAACAGATGGGAAGAAA
 TGGCGGTGCTCAAGAGACGCAGTTGCTGATCAGAAGTATTTGTGAGCGGCACATGAACAGGGGTC
 GCCATCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAGGACAATCAGGCCATTCCGCTGCGGCCACCACACTTT
 AAAGCCAATGGCCAATGGCACTTCTCTTTTGCATCAGCATCAGTGGTGGGGCTTCGCAGCGCT
 GTGTCCGACAGCCACACTATTGTGCATAATCAGCAGCAACCTGCCAGTTCTTCTAATCTTTCTG
 CCACCAATACGCTCAGCAGGGTGTTCCTCGCTACAGAGAATGTAGGTGAGAGAATGCAAGATGC
 ATCGGGCTTATCCATGCTACCATCCAGCATTGACCTGAAATCCAAAGAACTCCATTCTTCATA
 TCAAAACAACAGAACTCTTACGGTGAATCCCTGCAAAATGAGTTTGCACCTGTGCACCTCCGACT
 CCCCTCTCAACCAATTACAGAAAAGCTCGTCTTGTGAGTTGCAGAAATTTTGGTTCGCTCA
 GGACCTTACTGACCAGGAATCTGTTTTCAGCACTCCCTCCGCCAATTTATGGATGATTGTCTCT
 AAAAGTCATTCTGATCGCTCTGCTGTTGCTTGGCCTGGACTTGATCTGCAATCTGAGAGAACCC
 AGCTATCAATTTCAATCCCATGGCTCCTGCAGACTTTGTGTCTCATCCACTTCATCTTCAAACAA
 TGAAAAGATCTCTCTCTCCCCGTGAGATTATCGCGTGAATTTGATCCAATAAAGATGGGGCTG
 GGAGTGGGAGCCGGTAGTGTGCGCAATGAACCAAAACCAAGGCAAGCGAATTGGATTCCCATTT
 CTTGGGAAACTTCAATGGGTGGTCCACTTGGGGAGGTTTTCACAAACACCAATAATAATGCAAC
 AGCAGAATGCAAGAATGAATCATCGCTCAACCTAATGACAGAGAGATGGGACAACAGTCTCGG
 GTAGGCTCATCTCTACCGGGGTCTTACAAAAGTCTGCCTTTGCTTCTCTTCAAATAGCAGTG
 CTGGAAGCAGCCCAAGAGCAGAGAACAAGACCAATTGAAGGTGGCAATCTCTGCAATGACCTTGG
 ATCTACTATCGTGCATTCTTCATCATTCCTGCCTTGTAACTCTCTGACCTGCCATTTAAGAAG
 TCTTCAGTGTATGCCAGATTATGAATAATTTGTTTTTAAAGTTCTCAATCAGTCT

SEQ ID NO: 58 Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_II.1070
трансльована поліпептидна послідовність

MDFGVQVGLDGLVGS DTSNSGFASLASSDPEAKQKYSGFLKQERSAAADDDWRNSKLAKTESM
 LLDQRNTFLLKSSNNSLFTDQQQQQMLSFSCPKSASSGERSSPNAMLPYFHLTSSACNRNTGY
 NSGIFNAASMHGVLTE TRWPFTQLQWMELEHQALYKYMTANVPIPSNLLIPIRKALDSAGFSS
 FSGGLFKPSALQWGT FHMGFSSNTDPEPGRCRRTDGKKWRCSDAVADQKYCERHMNRGRHRSR
 KPVEGQSGHSAAATTTLKPMANGTSSFASASVVGLRSVSDSHTIVHNQQQPASSSNLSATNTL
 SRVFLATENVGERMQDASGLSMLPSSIDLKSKETPFFISKQONS YGESLQNEFALVTSDSLNLH
 SQKSSSLMSCRNFSSQDLTDQESVSQHSRLRQFMDDCPKSHSDRS AVAWPGLDLQSER TQLSIS
 IPMAPAD FVSSTSSSNNEKISLSPLRLSREFDPIKMGLGVGAGSVANEPNQRQANWIPISWETS
 MGGPLGEVLHNTNNNATAECKNESSLNLMTERWDNSPRVGS SPTGVLQKSAFASLSNSSAGSSP
 RAENKTIEGGLNLCNDLGSTIVHSSSLPAL

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 59 *Populus tremuloides* Poptr_GRF_ lcl_scaff_I.1018
 послідовність нуклеїнової кислоти

ATGGCAAGAGCTTGAACACCAAGCTCTCATTTACAAATACATGGTCTCTGGTGTTCCTGTCCCG
 CCAGAACTCCTCTATTCTGTCAAAAGAAGCTTGGGATCTTCTTTGGCATCAAGACTCTTCCCTC
 ACCAACCTATTGGGTGGGGTTGTTTTAGGCGGGTTTGGCAGAAAAGCAGACCCAGAGCCAGG
 AAGGTGCAGAAGAACGGATGGAAAAAATGGAGGTGCTCAAAGGAAGCATACCCAGACTCAAAA
 TATTGTGAGAGGCACATGCACAGAGGCAGAAGCCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAACCTACTTCAA
 GTACTACTACAACAGCAACAACAATTCTTTAATCATCAATCAACAGAAACCTCTCTAACCCAC
 TATTTACCCCTCCAGCTCCTCTTATTCTTTCTCTCACCCCTTCATCTGCGGAATCTGAAGTTTAT
 GCCCATCAAAACCCCTTCGCATGGAACCTTCCTTAACCCCTTCCTTTATCCTCATTCTTCATCTT
 CTGGACCTCCTGATTCTGGTTTTTTCACCTCTAAATAGCACCCCTCACAACCTGTTTTTGGAGTC
 TGGATCTTCTCCTCAAGTTGACAAAGAGCACAGGTATATCATGGAATGAGGGAGGATGTGGAT
 GAGAGAGCTTTCTTTCCAGATGGTTTAGGGAGTGCAAGAGGTGTTCAAGATTCAATAACCAAT
 TGCAATGAGTTCTACAAAGTTACTCACTGTACAGTTTCAAACCTTGCTGATACCTTCTAA
 AGAAGAGCAGCAACAACACAGGGCAGCACTGCTTTGTTTGGGCAGTGATATTATCAAGTCA
 GCAACAAGGTCAATCAAGTTGGAGAAAGAACTGAAACCTGAAGCCATTGCACCATTTCTTTG
 ATGAATGGGAACCAAGGACGCAGACTCTTGGCTTGATCTTGCATCCAGTTCAAGACCTCACAC
 TTCTGATGATTGAAGTCTCAATAATGGATCTTTGTAATATGACGAAAACAGTACTTGTTCGTGG
 GTCATCAATGCCTTTCTTGCCTCAAATGA

SEQ ID NO: 60 *Populus tremuloides* Poptr_GRF_ lcl_scaff_I.1018
 трансльована поліпептидна послідовність

MLNNTISRNRFPFTATQWQLEHQALIYKYMVSGVPVPPELLYSVKRSLGSSLASRLFPHQPIG
 WGCFAQGFRKADPEPGRCRRTDGKKWRCSKEAYPDSKYCERHMRGRSRSRKPVELTSSTTTT
 ATTIPLTSINRNLSNPTISPSSSSYSFSPSSAESEVYAHQNPESHGTFNPFYPHSSSSGPPD
 SGFSPLNSTPHNLFLESGSSPQVDKEHRYHYGMREDVDERAFFPDGLSARGVQDSYNQLTMS
 YKGYSLSQFQTFADTSKEEQQPGQHCFVLGTDIIKSSATRSIKLEKETETLKLPHHFDEWEP
 KDADSWLDLASSSRPHTSDD

SEQ ID NO: 61 *Populus tremuloides* Poptr_GRF_lcl_scaff_28.10
 послідовність нуклеїнової кислоти

TCTTCTTTTCTCTTCCAGGGTAATATGATAATGAGTGGAGGAAACAGGTTTCCCTTCACTGCAT
 CCCAGTGGCAAGAGCTTGAGCATCAAGCCSTAATCTACAAGTACATGGTTTCAGGCATCCCCAT
 CCTCCCGATCTTCTTTTACCATCAAAAGAAGTGGCTGCTTGGACTCTTCACTCTTCTCAAAG
 CTCTTCTCCTTGCCAACCTCCACATTTTCTTGGGGCTGTTTTCAGATGGGTTTGGGAAGGAAAA
 TAGATCCAGAACCGGGAGGTGCAGGAGAACTGATGGAAAGAAATGGAGATGCTCAAAAGAAGC
 ATACCCAGATTCTAAGTACTGTGAGAAAACATATGCATAGAGGAAGAACCCTTCAAGAAAGCCT
 GTGGAAGTTGCAACACAATCAATAACAGCACCAACTGTCTCATCAATGACCAGAAACCACTCTA
 ATAATTCACTACTAACAACATCCCCACCTCTCTTTCGTATTGTACCTAAGACCCACCACCA
 GAATCACCTTCACTATCCTGCTCCTGCAGGTTATCATGCCCATCCAAATCATCAATTCTTGTCT
 TCTTCCAGACCCCTTGGGATTGGTCTGTCCCCTCATGAAAATCCTACTCACTTGCTTTTGGACT
 CTGGTGGTTCTTCTCTGGCCAATACAGATTACAGAAGAAACAGGAATGTTTATGGGCTGAAAGA
 GGAGGTTGATGAGCATGCTTTCTTCTCAGAACCTTCAGGTTCTATGAGAAGCTTGTCCGGTTCA
 TCTTTGGATGATGCTTGGCAACTACCCCACTCACAATGAACTCTTCTCCTTCTACCACCAACT
 CTTCAAAGCAAAGGAGCTTGTCTAGTTTACACAACGAATATTCTTACTTGACAGCTTCAAAGCCT
 GAGTGATCCCGATACCCCAAAACAACAAAGCAGTGTCAACATAACTATCTTCTGGGAAGTAGT
 GATGTAGACAGTCTAGGGCCCATAAAAATGGAGAAGGAAAAATCCCAAGAGCTGTTACCGTT
 TCTTTGATGAATGGCCACCAAGGATAAAGATTGATGGCTTGATTTGGATGACAAATCATCAAA
 AAGTGATCAGTTTTCAGCAACCGGACTCTCAATATCCATTCCCTCCTCTCATGACTTTCTTCCA
 ATCTTCAGTTCAAGAACTAATAATGGTGGTTGATTTTACTCTGGTGGGTTTCTGGCCCAAGATG
 TACTTGGTGGGAAGGGGGGGTCAACGCCTTCTGTCAAGAGGCCTCAGA

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 62 *Populus tremuloides* Poptr_GRF_lcl_scaff_28.10
 трансльована поліпептидна послідовність
 MIMSGGNRFFPTASQWQLEHQAIIYKYMVSGIPIPPDLLFTIKRSGCLDSSLSSKLFPCQPPH
 FSWGCFQMLGRKIDPEPGRCRRTDGKKWRCSKEAYPDSKYCEKHMHRGKNRSRKPVEVATQSI
 TAPTVSSTRNHSNNSLLTTSPTSLSLSPKTHHQNHLHYAPAGYHAHPNHQFLSSSRPLGIG
 LSPHENPTHLLLDSSGSSSLANTDYRRNRNVYGLKEEVDEHAFFSEPSGSMRSLSGSSSLDDAWQL
 TPLTMNSSPSTTNSSKQRLSSSLHNEYSYLQLQSLSDPDTPKQKQCQHNYLLGSSDSDSLGPI
 KMEKEKSQKTVHRFFDEWPPKDKDSWLDLDDKSSKSASVSATGLSISIPSSHDFLPIFSSRTNN
 GG

SEQ ID NO: 63 *Populus tremuloides* Poptr_GRF_lcl_scaff_I.995
 послідовність нуклеїнової кислоти
 CTAGGGACTGGACTGCTAAACGGTTGGAACATGGAGGGAAATAGGCGCAATGGTCGGTCTCGGT
 CACCTTCAATTGGGCTAGGAGTTGAGCTTGGACGTGGTGGTTCTAGTCAAAGACCAATAACTGG
 CTGCAAAAAACCTTATGGGTTCACTATTCTTCAACTGCATGAGCTAGAAGCTTCAGTCTCTTATC
 TACAAGTATATCCAAGCTGGATTTCTGTACCTTACCATCTTGTCTTTACCTATATGGAAGGTG
 TTTACTGCTTCCCTTGGTGGTCTCAGTTCAAGCTTGTACCAGCTCTACCTAGCTTTATGGGGTG
 TAAGTGTAAACCCATTATATTGGAATATAAGAAAGGAATGGAACATGAGCCAGGGAGATGTAGG
 AGAACGGATGGAAGAAGTGGAGGTGTAGCAAAGAGGTTCTTCCAGATCAAAAGTACTGTGACA
 GGCACATACACAGAGGACGCCAGCGTTCAAGAAAGCTTGTGGAAGCTGCTTCTCATAGTAATGC
 CAGCACCAACCTCTCCATTCTCTCCCTGGAATCGGTAGTGCTAGCGCTAGCAGTACTAATCT
 CTCTCCAATATGTTGTCTCTCTCCAAAGAGTGTCTCCCAAGAAATATGTAATAGGAGCAGCT
 GCTA

SEQ ID NO: 64 *Populus tremuloides* Poptr_GRF_lcl_scaff_I.995
 трансльована поліпептидна послідовність
 MEGNRRNGRSRSPSIGLVELGRGGSSQRPITGCKKPYGFTILQLHELELQSLIYKIYQAGFPV
 PYHLVLPPIWKSVTASLGLSSSLYQLYPSFMGCKCNPLYLEYKKGMEHEPGRRCRRTDGKKWRCS
 KEVLDPQKYCDRHIHRGRQSRKLVAAASHSNASTNLSISLPGIGSASA

SEQ ID NO: 65 *Populus tremuloides* Poptr_GRF_lcl_scaff_III.741
 послідовність нуклеїнової кислоти
 CAAGTGAAGTTGAAGAGAGAAGTGAAGAAATGAGCAACTCATCAGTCACAGTGGCGGGGGTGG
 GATCAAGATCACCACCAGGTTTACGATGTCTCAGTGGCATGAGCTGGAGCATCAAGTTCTTAT
 CTTTAAAGTGTTTAAATGCAGGGTTACCTGTCCCTCCTTCCCTTCTCCTTCTCCTTCTCCTT
 TTTTCAAGTTCTTTTCCCTGGTCTTGTGACCCATCAAATTTGAGCTACTGTCTCTATTTTGGGA
 AGAAGATTGACTCAGAGCCAGGGAGGTGTCGGAGGACAGATGGCAAGAAATGGAGGTGCTCCAA
 AGATGCTCACCAGACTCCAAGTACTGTGAGCGGCATATGAATAGAAGCCGTAAACGTTCAAGA
 AAGCCTGTGGAATCACAACTACCTCTCAGTCCTTGTCAACTGTGGCATCAGAAATTGCAACTG
 GGAGCAGCAGCATTTGGGAGCAGAGGGTATCCAATAATCCTGGGACCTTAGGTTTGGGAAGTAA
 TATGTCACGTTGGCAGATGGAGTCTATGCCTTATGGTGTAAATAGTAAAGACTACAGGTCTCTC
 CATGGACCGAAGCCTGAAGCAGATGAGAAAACCTTCTTACCAGAAGCTTTGGGAAATACAAGAA
 GCTTTGGAATGAACCTACTGTGACAGCACTTGGCATCTCACATCCCAAGTCCCTGCAAAACC
 TGTGCCAGAATCAAGAAATGGTTCTCTTTGCAAAACTACCCACAAGTACAGACTGCAGGAT
 TTTGAGCCCTAACTGTTGATGCTGCATCGCCAAAACAACAGCAGCAGCAGCATTATTTATTTG
 GAAGGGAGTTTCAATTATCAGGATCTATGAGGCGGGAATCAGTCTCTTTCAGCCTCTCTTTGA
 CGAGTGGCCAAAATGCAGGATATGGATTCCCATCTCACTGATCAAAGATCTAACAATAACTCG
 TCTGCTGTTTCACTATCAATGGCCATTCCAATGGCTCCTAACCTGCTGCGAGGAGTTATCAT
 CCCCCAATGGTGAGACAGGTTTATCTGGAACATACTTTTCCGCAACCTAGACGCCCCCAAGACT
 TGGTGGAAAACAAATAGATGAGTTCTAATCCTCTCATGTTATAATGCAGATGCTTGAAAGGAGC
 AT

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 66 *Populus tremuloides* Poptr_GRF_lcl_scaff_III.741
трансльована поліпептидна послідовність

MSNSSVTVAGVGSRSPPGFTMSQWHELEHQVLIFKCLNAGLPVPPSLLLPIRKSFQLLSPGFLLH
PSNLSYCSYFGKKIDSEPGRCRRTDGKKWRC SKDAHPDSKYCERHMNRSRNRSRKPVESQTTSQ
SLSTVASEIATGSSSIGSRGYPTNPGLGLGSNMSRWQMESMPYGVNSKDYRSLHGPKEADEK
TFLPEALGNTRSFNMNSTVDSTWHLTSQVPANPVPESRNGSLLQNYPQVQTLQDFEPLTVDAAS
PKQQQQHYLFGREFSSSGSMRRENQSLQPLFDEWPKCRDMDSHLTDQRSNNSSSAVQLSMAIP
MAPNPAARSYHSPNGETGLSGTYFSAT

SEQ ID NO: 67 *Populus tremuloides* Poptr_GRF_lcl_scaff_VII.1274
послідовність нуклеїнової кислоти

TAGTCATGCTCCTTCTCATGTCTCACTTCCTGAGACCAAACCAAAGATTCTTGGATCTGTGTTA
ACTAAGCAAGAAAGATCATCTTCATCTGCATCAGCTCAGGATGATTACTGGAGGGCTTCAAAGA
TGCCAAAACCTTGATGATTTCTCTCCACCAAAACAATGCCACTGCACCAACCCGCTCCTTTGCT
GAGACSTAATTCTATGTTTTCTAATGATCTCGCCAACAAGAGCACATGCTAAGCTTCTCTCTCT
CCAAAACCAAGACTACTCCATTTCTCGTTAAAGATGCTGGCTTGGTTGAGAGAAACACACAAA
ACCACACTGCCTTGAGTTTTCTTACTACCAGCACGCACCTCTTTCCGCTAGCAGAAGTGCAGG
TTATGGCACTGGAACTTGAATGCAAGCATGCAGGGGCTTTTACTGGGGTTAGAGGACCATTT
ACTCCATCTCAGTGGATGGAGCTTGAACACCAGGCCCTTGATCTACAAATACATCACTGCACGTG
TGCCTGTGCCTTCCAATTTAATCATTTCTCTCAAGAAATCTCTCAACCTTATGGCTTACCTTT
TTCCTCTGCTGGATCATTCCTCCAGTTTCTTGGATGGGGCACTTTCCACCTTGGTTACCTT
GGCAACAACACTGATCAGGAGCTTGAAGGTGTCTCGGACTGATGGCAAGAAATGGCGGTGCT
CAAGGGATGCTGTAGCTGACCAAAAATATTGTGAAAGGCACATAAACAGAGGCCCGCCATCGTTC
AAGAAAGCCTGTGGAAGGCCAGACTGGCCATGCTGCTACTGGGACTGCCAGTTCAAAGGTGGTG
CCAATGTCTAACTCCATGCCAACCTCGATTACAACAGTGGCGCTACCTCGAACAGCATTTGTGA
TCACACAGCAACAGTTAAAAAATTTTCAAGCCGGCTGCTGCTTCCATCTCTTCTGCAGATGCTCG
TGTCACCGGAGCACAAAGATGCACGGAGGGTTTCTATGATGTCTTCCACTATCAACCGGAAATCT
GACGAGTCTACTTTCTGTATTCTTAGACAAGATATCCTATTTGAACAGTGTCTCAAACAGAGT
TTGGACTTGTCTCTTATGATTCTCTCTCAACCCATCGCAGAAGAGCTTACTTTAACGCTAA
ACCCTACGAGTCTTTTCTAAACTTTAGTGATGAAGAAAGCCATGATCAGCATCCCCTTCGTCAA
TTCATTGATGACTGGCCGAAGGACCAATCAAATCGTTCTGTCTATTAGCTGGCCAGAAGAGTTGA
AATCTGACTGTACCCAGCTCTCAATGTCAATCTCAATGGTCTCGTCAGACTTCTCGTCGTCACT
ATCCTCACTTCTGCGAGAGAACTTGCCTTCTCACCATTGAGGTTATCTCGCGAGTTTGACCTT
ATACAAATGGGTTTAAGGGTGAGCGGTGACCATAATGAATCAAGCCAGAAGCAAGCCAACCTGGA
TACCTATCTCTTGGGGAACCTCAATTGGCGGCCCTTTAGGAGAGGTCTTGACCACCAGCGCCAG
CCATGCGGATTCTTGCAAAAGCTCATCAGCTCTTAACCTTTTAAGAGAGGGTTGGGATGGCAGC
CCGCGAGCTGGGATCTTCTCCAACAGGAGTCTTGCAAGAAATCGACTTTTGGTTCACTTTCAAATA
GCAGTTCAGGTAGCAGCCCAAGAGCAGAGAGCAAGAAAAACAATGAAAGTGCTAGTCTGTATGA
GGATGTTGTTGGTTGATAATTGCAAGTGATCCCCTATTCATCCCTGTAATCAAGAAAATGGT
TAGGATGAAACTTGTGAAGAAGAAGCTTGGAGTTATTATCTTATTAATTTCTGCAGACTGTTT
CTCCTTGTGTGCTTGTTCCT

SEQ ID NO: 68 *Populus tremuloides* Poptr_GRF_lcl_scaff_VII.1274
трансльована поліпептидна послідовність

MPKLDDFSSTKTMPLHQAPLLRPNSMFSNDSRQEHMLSFSSPKPEATPFLVKDAGLVERNTQ
NHTALSFPPYYQHAPLSASRSAGYGTGNLNASMQGPFTGVRGPFTPSQWMELEHQALIYKYITAR
VPVPSNLIIPLKSLNPYGLPFSSAGSFPPSSLGWGTFFHLGYPGNNTDQEPGRRCRRTDGKKWRC
SRDAVADQKYCERHINRGRHRSRKPVEGQTGHAATGTASSKVVPMNSMPTSITTSGATSNSIV
ITQQQLKNFQPAASISSADARVNGAQDARRVSMMSSTINRKSDESTFCIPRQDILFEQCSQTE
FGLVSYDSL

ФІГ. 10 (продовження)

NPSQKSSYFNAKPYESFLNFSDEESHQHLRQFIDDWPKDQSNRSVISWPEELKSDCTQLSMS
ISMVSSDFSSSSSLLREKLAFSPLRLSREFDPIQMGLRVSGDHNESSQKQANWIPISWGTSIG
GPLGEVLTTSSASHADSCKSSSALNLLREGWDGSPQLGSSPTGVLQKSTFGSLNSSSSGSSPRAE
SKKNNESASLYEDVVGSIASDPLFHCNQENG

SEQ ID NO: 69 *Populus tremuloides* Poptr_GRF_ lcl_scaff_XII.277
послідовність нуклеїнової кислоти

AAAAATTATTCTTCTTTATTTTTCATCATGATGACAACAGATGATGGCTTAAACGTTTCAAACA
AGGTAGCTAAGGAAATAAACACTACTAGTAGTATTAGTAATGTTGATTTTGGTGTGAAGCTACA
TCAACCTATTGATCATCATCAATCATTTCTTCTAGTACTCCTATGATGGTTCCTCATGTTAAT
CACCACCGTCCAATGTTGACAATGGTCCCACATCATCATGTGATAGAAACAAGTCTTTGATGA
ACTATATAAGTGATCGTATATACCGTGTGCTGCTGGTGGTGTACCAAGTGGCGGTGCAGTTGG
GGTTAGGAATTTGCAGCCTTTTGACATTTCTGAAACAAGTATCTCTACAGCAGCTTCTGCCTTC
AGATCCCCAGGAGGCAACATGGCAGCGTCTTTGGGGTTTCTTTTACAAATACACAGTGGAAAG
AGCTTGAAAGACAAGCCATGATATACAACATATAACGGCCTCAGTCCCTGTGCCTCCTCAATT
TCTAATTTCAACCCCAATGGGGAATGGATTGAATGTAAGGTTCTCAAATGGGGCAGATCTAGAA
CCAGGGAGGTGTAGGAGAACAGATGGGAAGAAATGGAGGTGCTCAAGAGATGTGGCACCTGATC
AGAAATACTGTGAGCGTCATATGCATAGAGGCAGACCCCGTTCAAGAAAGCATGTGGAACCTCAA
TGCTAGCAACAATAACAACAAGAAGAACCGCCATAATCCTGCTATTTGTCCAGAAGCTCCTGTT
ACCGTGGCCATTTCTAAACCCACAATCAACAACAGCAACAGTGGCTCTGCCTCTCACGATCAGT
TTTTTGGGCCCTATGCCTCAGCCATATATCCAGACCCAGTTTTTGTAAACAAAACAGCGAGAA
GACCTCAACTTATGATGTTAATGGAGCCTATGGTTCACATTCAAAGAACCCAGGAGCTTGGAC
TGGATGTTGAAAGGGGAAGCTGGTCTATAGCCAAAATGATCAACAATGGCCACATCTAGTGC
ACAAAGAAATTGAAGTAGCTACTGAAGTTCCTTTAACAGTGCTTCTGTTCTCAAACAGCATTA
CCAAGGAGAGTCTTTGAATTTGAAGTCAATTTGGAATTTTAAATGCTAGAGAAGACCAACAAAGC
AATCAATATAGTCTGTTCTTGTATGAGGCTCCAAGGAGTTTTATTGATGCATGGTCTAATGATG
CAATTTCTAGAAACACAAGTCTGTTTCTCCTCAGATGGGAAGCTCCATCTTTCCCCTCTCAGTCT
ATCAATGGGAAGCAATAGGTCTACTGATGATGAAATGGGTGAGATCCAAATGGGTTTAGGCCTA
ATCAAATCAGATCGAAATGAAGAATGTGGTAACACTAGCAGCGCCCCAGGTGGCCCCCTTGGCAG
AGGTGTTACAAGTAGGACAAGCAACACCACAGGAACCAATCAATCTTCTTCTATGATGAAAAA
TGGTGATTCTATTAGTCCTCCAGCTACTACAGTCTCTTCTCCATCTGGGGTTTTGCAGAAAAACA
CTTGCCTCATTTTCTGATAGCAGTGGTAATAGCAGTCCAACCTTGGCAGTTCAAGGACCAAC
CTGAAATTGCCATGCTTTGGTTAAATCAAGGCTAAATGTGCCACTCTCTAGTTAGTTAAGGCA
CACAAGGCCATAAGGGCAATATAAATTTTATAAGCTTGATATATTTTAT

SEQ ID NO: 70 *Populus tremuloides* Poptr_GRF_ lcl_scaff_XII.277
трансльована поліпептидна послідовність

MMTTDDGLNVSNKVAKEINTTSSISNVDFGVKLHQPIDHHQSFPSSPTMMVPHVNHHRPMDNG
PTSSCDRNKSLMNYISDRIYRVAAGGATSGGAVGVRLQPFDISETSISTAASAFAFRSPGNMAA
SLGFPTNTQWKELERQAMIYNYITASVPVPPQFLIPTPMGNGLNVRFNSGADLEPGRCRRTDG
KKWRCSRDPADQKYCERHMRGRPRSRKHVELNASNNNNKKNRHNPAICPEAPVTVAISKPTI
NNSNSGSASHDQFFGPMPPQPIQTPVFVNKTSEKTSTYDVNGAYGSTFKEPRSLDWMLKGEAGP
IAKNDQQWPHLVHKEIELATEGSFNSASVLKQHYQGESLNLNSFGNFNAREDDQSNQYSLFLDE
APRSFIDAWSNDAISRNTSSVSDGKLHLSPLSLSMGNSNRSTDDEMGQIQMGLGLIKSDRNEEC
GNTSSAPGGPLAEVLQLRTSNTTGTNQSSSMENGDSISPPATTVSSPSGVQLKTLASFSDSSG
NSSPTLASSRTKPEIAMLWLNQG

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 71 *Populus tremuloides* Poptr_GRF_scaff_XIII.769
 послідовність нуклеїнової кислоти

AGCAGCGGGGATGGCAGCTGGGGGAATGGGGACAGCAGCGATGACAATGAGGTCACCATTTACA
 GTGTACAGTGGCAAGAACTGGAACATCAAGCTTTGATCTATAAGTACATGGTGGCAGGTCTGC
 CTGTTCCACCTGATCTTGTGCTCCCTATTTCAGAGGAGCTTTGAATCCATTTCTCATAGATTCTT
 CCACCATCCACCATGAGCTATTGCACTTTCTATGGCAAGAAGGTGGATCCGGAACAGGTCTGA
 TGCAGGAGGACCGACGCAAGAAGTGGAGGTGCTCCAAAGATGCCCTACCCAGACTCCAAGTACT
 GTGAGCGCCACATGCACCGTGGCCGCAACCGTTCAAGAAAAGCCTGTGGAATCACAACCATGAC
 ACAGTCATCGTCCACCGTGACATCACTGACTGTTACAGGAAGCAGCAGTGGAACTGGAAGCTTC
 CAGAACCTTCCATTGCACACATATAGCAATCCCCAGGGCACTGCTTCTGGAACCTAACCAATCAT
 ATTATCATATGAACTCCATTCCCTACGGAATCCCAACCAAAGATTACAGGTATCTTCAAGAACT
 TACGCTGAAGGTGGGGAGCATAGCTTCTTGTCTGAAGCCTCAGGAAGCAACAAGGGGCTTCAG
 ATAGACTCACAGCTGGACAATGCATGGTCTTTGATGCAATCCAGAGTCTCATATTCCCCACAG
 AGAAATCAACTGAAACTCGATGTTGCAAAGTAATCATCCCCAGCATTCATTTTTCAGTAGTGA
 TTTACCACACAGGGAATCTGTGAAACAGGACGGGCGAGTCTCTTCGACCCTTCTTTGATGAGTGG
 CCTAAAAACCGAGATGCCTGGTCTGGCCTCGAGAATGATAGTTCCAACCAGACCTCATTCTCTA
 CAACGCAGCTGTCGATATCCATTCCAATGGCCTCATCTGACTTCTCCACAAGTTGTCGTTCTCC
 ACGAGATAACTAAGAGGACACTAAGAATTCACAAAACAAAGCCAAAGGTGGTCTGCCAAAGA
 TTACACATACTTGTGTTAAATTTTGTG

SEQ ID NO: 72 *Populus tremuloides* Poptr_GRF_scaff_XIII.769
 транслювана поліпептидна послідовність

MAAGMGTAAMTMRSPFTVSQWQLEHQALIYKYMVAGLPVPPDLVLPPIQRSFESISHRFHHHP
 TMSYCTFYGKKVDPEPGRCRRTDGKKWRCSKDAYPDSKYCERHMRGRNRSRKPVESQMTQSS
 STVTSLTVTGSSSGTGSFQNLPLHTYSNPQGTASGTNQSYHMSIPYGIPTKDYRYLQELTPE
 GGEHSFLSEASGSNKGLQIDSQLDNAWSLMQSRVSSFPTEKSTENSMLQSNHPQHSFFSSDFTT
 RESVKQDQGQSLRPFDEWPKNRDAWSGLENDSSNQTSFSTTQLSISIPMASSDFSTSCRSRPN

SEQ ID NO: 73 *Populus tremuloides* Poptr_GRF_lcl_scaff_XIV.174
 послідовність нуклеїнової кислоти

GTCTGTTCTTGTGTTTTGTAGATACACGACAATGGAGAAAAGAGTATCTGAAGAATCAGCGCCGT
 CGATGAAACTGTCTCTTGGGATTGGTGCTGGTGATCATGGTGATGATGATCAAGATGATAGACA
 CGTGTTCCACAGTTAAACAGAGACTCAGTTGCATGAGCTTAAACAGCAAGCTTTGATATTCAAG
 TACATAGTAGCTGGTCTTCGCGTGCCTCCTGATCTTGTAGTTCCTATTGGCATAGTGTGCTA
 GCAGCTCTCTTGGTTCATTTAGTGGTGTGATATTTATAGGCAATCCCAAGCTTTGTGGGATT
 AAGTCCTCAGGGATTGATTATAGACAAATGATGGATCCAGAACCTGGGAGATGTAGAAGAACT
 GATGGGAAGAAATGGAGGTGTAGCAAGGATGTAGTTGCTGGTCAGAAGTATTGTGAACGCCATA
 TGCATAGAGGCCGTCAACGTTCAAGAAAGCTTGTGGAAGCTTCTCAAAGTCTGCTGCTTCTGA
 AAAACCATCACCTCACAATTCAAGCAAGAATTCAGACAATCCAACCACTCATTCTCTAATTTA
 GCCAAAGTAAGTTCACAGATAAAAGCCCCACCTCTTAATAATACCCCCACCATTTTAACCACTT
 GCACCACAAGTTGCAATTCTGACATTGAAATCACTGGCATGAGCTTGGCCACTACTGCTAATTC
 TGA CTGCAAAAACCCCTTTACAACCATGACTACTAGCATTGTTACCGGCTACAAGAACACTGCA
 ACAATGATCGCTAGTGCTGTTTCATGCTGACATTACAGCCACTGGTAACGACTACAAGAGTAGCA
 TCAACTTAAAGAGACACTACATTGATGACAGAAACAGTAATTGCAGCAACTCTGTTACTTACAA
 GGTATAATCGACAGAAACTGCAGCAACAAAAAATAAAAAATGCTGGTAGCAATGTATCTCAA
 GGATTGAACTTCTCCCCGAAGAGTGTCTTCAAGTTCAAGGTTGCGGCGCCTCACACATTTACA
 TGAATGATGTGGAACCTGAACTGGGAAGGTGTAGAAGAACAGATGGAAAGAAGTGGCGATGCCG
 CAGGGATGTTGTAGCTAATCAGAAGTATTGCGAGATGCACATGCACCGAGGTTCTAAGCAGCAC
 TTGGAAGCGTCCAAACCTGCTGCAATTCCCGCTACAATCCCATTTGTCCCTGGGAATGTTTCATT
 CATATCCTGCAACGAACCTTGCCAAGTAAAGCAGATCGC

ФІГ. 10 (продовження)

AGAAGCTTAAACACCGATCTCTGTATTTTCGATCCCAACAAGTCTCAACTGATCATGACCAATG
 ATGATACAAGAAGTATCAGCAATAGCAGTGACACTACCATAAGCGACACCATGAGGGGCACCAC
 ACCAGGACTGGTATCAACACATGCAGGTAGTGGGGATCCCAAAAGTCTCTGGTGGTGACAGA
 GCCAGGTTATTAAAGAAAGCTGAAGTTATGGAGGCGGCGGTAGAGATTACGAGGAAGTACAAT
 CCGGCCGTGGGGTCAGAAGTTTTATCCAAGGCAGAAGACTTCCAACTTTCCCTATGTTTATAT
 CACACCTCTGCTGTTAATCTGCAATTAATTCTAGTCAAACCATGTGATTAAAGTTACAAGAGGT
 GTAAGAGAAGAATAACGTTTAATCCATCCTATGCAGACAACTG

SEQ ID NO: 74 Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_XIV.174
трансльована поліпептидна послідовність

MEKRVSEESAPSMKLSLGIGAGDHGDDDDQDDRHVFPQLTETQLHELKQQALIFKYIVAGLRVPP
 DLVVPPIWHSVASSSLGFSFGADIYRQFPFVGLSPQGFQMDPEPGRRCRRTDGKKWRCSD
 VVAGQKYCERHMRGRQRSRKLVESQTAAASEKPSPHNSSKNSDNPTTHSSNLAKVSSQIKAP
 PLNNTPTILTCTTSCNSDIEITGMSLATTANSDCKNPFTTMTTSIVTGYKNTATMIASAVHAD
 ITATGNDYKSSINLKRHYIDDRNSNCSNSVTYKGIIDRNCNKKIKNAGSNVSQGLNFSPKSVL
 QVQGCASHIYMNDVELELGRRCRRTDGKKWRCRRDVVANQKYCEMHMRGSKQHLEASKPAAIP
 ATIPFVPGNVHSPATNLPKADRRSLNTDLCSIPTSPQLIMTNDTTRTISNSSDTTISDTMR
 GTTPGLVSTHAGSGDPKSPGGDRARLLKKAEVMEAAVEIYEEVQSGRGVRSFIQRRRLPTFPY
 VYITPLLLICN

SEQ ID NO: 75 Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_XIV.51
послідовність нуклеїнової кислоти

AAGTAATAGTGGTTTTGCTTCTCTTGCTGGCTCAGATCCTGAAGCAAAGCAGAAGTTGTACGGA
 TCTGGGTTCTTGAAGCAAGAGAGACCTGGCAACATCGATGGTGATTGGAGGAGCTCTAAATTGT
 CGAAAACTGAGTCAATGCTGCTTGAGCAGAGTAACACTTCACTTCTGAAATCTAGCTCCAACTT
 TCTCTTCGCTGATGGACAGCAGCAGCAGCAGCAGATGCTCAGCTTCTCCTATCCCAGATCAGCT
 CCTTCAGCGGAGAGAAGCTCCCAAAATGGCACATTGCCCTCTGGTATCTACAATGCTGCCAGCA
 TGCATGGGGTTTTGACCGAGACCAGATGGCCATTCACTCAATCACAATGGATGGAGCTTGAACA
 TCAGGCCTTGATCTACAAGTATATAGCAGCAAATGTGCCTATACCATCTAATCTGCTCCTTCCC
 ATTAGAAAAGCTCTTGATTCTGCTGGGTTTCTTAGCTTTTCTGCTGGATTTTTAGGCCCAATA
 CATTGCCATGGGGTGCTTTCCATATGGGTTTCTCCAGCAACACTGATCCGGAGCCAGGACGGTG
 TCGAAGGACAGATGGAAGAAATGGCGGTGCTCAAGAGATGCAGTTGCCGATCAGAAGTATTGT
 GAGCGGCATATGAACAGGGGCCGCCATCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAGGCCAATCAGGCCATT
 CCGCTGCAGCCGCCACCACTGTAAGGCCAGCCAATGGCACTTCGTCTTCTACATCATCATCAGT
 GGTGGGGCTTCGCAGCACTGTGTCCGACAGCCTCACTATTGCTCATAATCAGCAGCAAGCAGCT
 AGTCCATCTAATCTTTCTGCCTTAATACGCTCAGCAGGATGTTTCTTACTAAAGAGAATGTAG
 GTGAGAGAACGCAGGATGCGACAGCCTTGTCCATGCTTCGATCCAACATGGATCTTAAATCTAA
 AGAAACTCCATTCTTCATATCAAAACAACAAACTCATATGGGGAATCCTTACGAAATGAGTTT
 GGACTTGTACCTCCGACTCCCTCCTCAATCACTCACAGAAAAGCTCATCTTTAATGAGTTGCA
 GAAATTTTGGTTCTGCTCAGGACCTCACTGACCAGGAATCTGTTTCAGCACTCCCTCCGCCA
 ATTCTATGGATGATTGGCCTAAAAGTCAGTCTGATCGTTCTGCTGTTTCTTGGCCTGAACCTTGAT
 CAGCAATCTGAGAGAACCCAGCTATCGATTTCAATCCCCATGGCTCCTGCAGACTTCATGTCAT
 CTACTTCCTCCCCAAACAATGAAAAAGTCACTCTCTCCCATTTGAGATTATCACAGAGAATTTGA
 TCCAATACAGATGGGACTGGGAGTGGGAGGTGGAGGTGGTGGTATTGCCAACGAACCAACCAAA
 AGGCAAGCCAACTGGATTCCCATTTCTTGGGGAACCTCAATGGGTGGTCCGCTCGGGGAGGTCT
 TGCACAACACCAATAACAATGCAGCAGCAGAGTGCAAGACCACGTCATCGCTGAACCTGATGAC
 CTATAGATGGGACAACAGTCTCGTATAGGTTTCATCTCCAACCTGGGGTCTTACAAAAGTCAGCG
 TTTGCTTCCCTTTCAAATAGCAGTGCGGGAAGCAGCCCAAGAGCAGAGAAACAAGACCAATGAAG
 GTGGCAGTCTCTGCAATGACCTCCTTGGATCCACTATTGTGCATTCTTCTTATTGCTGCCCAT
 GTAACCTGTGTGATCTGCTGCCATCCAAGAAGTCTCCTGTATCGTAGCTGACAAAACATGGAG
 CACTTTGTTTTTGAAGTTGT

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 76 *Populus tremuloides* Poptr_GRF_ lcl_scaff_XIV.51
трансльована поліпептидна послідовність

MLLEQSNSTSLKSSSNFLFADGQQQQQMLSFSPRSAPSAERSSQNGTLPSTGIYNAASMHGVL
TETRWPFQSQWMELEHQALIYKYIAANVPIPSNLLLPKALDSAGFSPFSAGFRPNTLPWG
AFHMGFSSNTDPEPGRCRRTDGKKWRCSDAVADQKYCERHMNRGRHRSRKPVQSGHSA
TTVKPANGTSSSTSSSVVGLRSTVSDSLTIAHNQQQAASPSNLSASNTLSRMFLTKENVGERTQ
DATAISMLRSNMDLKSKETPFFISKQNSYGESLRNEFGLVTSDDLNSQKSSSLMSCRNFGS
SQDLTDQESVSQHSRLRQFMDDWPKSQSDRSVSWPELDQQSERTQLSISIPMAPADFMSTSSP
NNEKVTLSPRLRSREFDPIQMGLGVGGGGGGIANEPNQRQANWIPISWGTSMGGPLGEVLHNTN
NNAAAECKTTSNLMTYRWDNSPRIGSSPTGVLQKSAFASLSNSAGSSPRAENKTNEGSLC
NDLLGSTIVHSSSLPAM

SEQ ID NO: 77 *Populus tremuloides* Poptr_GRF_ lcl_scaff_XIX.480
послідовність нуклеїнової кислоти

AGTGATGACCATGAGGTCGCCATTACAGTATCGCAATGGCAAGAACTGGAACATCAAGCTTTG
ATCTATAAGTACATGGTGGCAGGTCTGCCTGTTCTCCTGATCTGTGCTCCCTATTAGAGGA
GTTTTGAGTCCATTCTCATAGATTCTTCCACCATCCCGCCATGGGCTATTGCACTTTCTATGG
GAAGAAGGTGGATCCGGAGCCAGGTCAATGCAGGAGGACCGACGCAAGAAGTGGAGGTGCTCC
AAAGATGCATACCCGGGCTCCAAGTACTGTGAGCGCCACATGCACCGTGGCCGCAACCGTTCAA
GAAAGGCTGTGGAATCACAACCATGACACAGTCATCGTCCACTGTGACATCACTGACTGTAAC
AGGAAGCAGCAGTGAACAGGGAGCTTCCAGAACCTTCCACTGCGCACATATGGTAATCCCCAG
GGCATGGTTCTGGACCTAACCAATCCCATTATCATATGAAGTGCATTCCCCGTGGAATCCCAA
CTAAAGATTGCAGGTATCTTCAAGGACTGAAGACTGAGGGTGGCGAGCATAGCTTCTGTCTGA
ACCTTCAGGATGCAAAAGGGGTCTCCAGAAGGACTCACAGCTAGACAATGCCTGGTCTTTGATG
CTATCCAGAGGCTCATCATTTCCCAACAGAGAAATCGACTGACGACTCGACGTTGAAGAATGATT
ATCCCCAGCATTCATTTTTTCAGTAGTGATTTACCACCGGAGAACCGTGAAACACGAAGGGCA
GTCTCTTCGACCTTCTTTGACGAGTGGCCTGAGGACCAGGACATTTGGTCTGGCCTCAAAGAT
AATAGATCCAATCCACCTATTCTCTACAACGAAGCTGTGATGTCATTCCAATTGCCTCAT
CTGGCTTCTCCACAAGTTCTCGTTCTCCACAAGAAAAGTGAAGGACAGAATGAGAATTTACAA
AGCACGATCAAAGGTGATCCTCAACCAAGATTGGTGTGTTAACTTGAAAACCTCCTA

SEQ ID NO: 78 *Populus tremuloides* Poptr_GRF_ lcl_scaff_XIX.480
трансльована поліпептидна послідовність

MTMRSPFTVSQWQELEHQALIYKYMVAGLPVPPDLVLPQRSFESISHRFFHHPAMGYCTFYGK
KVDPEPGQCRRTDGKKWRCSDAYPGSKYCERHMHRGRNRSRKAVESQMTQSSSTVTSVLTG
SSSGTGSFQNLPLRTYGNPQGTGSGPNQSHYHMNCIPRGIPTKDCRYLQGLKTEGGEHSFLEP
SGCKRGLQKDSQLDNAWSLMLSRGSSFPTEKSTDDSTLKNYPQHSFFSSDFTTGEPVKHEGQS
LRPFFDEWPEDQDIWSGLKDNRSNSTSFSTTKLSMSIPIASSGFSTSSRSPQEN

SEQ ID NO: 79 *Populus tremuloides* Poptr_GRF_ lcl_scaff_28.309
послідовність нуклеїнової кислоти

ACAACCTCTGCAAAGATGCCAAACTCCTCATGGATCCCCATCAACCACAACAACATCCACAC
TCATCTGGGTCTGCTGCCTTCCCTTTGTTTCTACCCGAGCCAGCTGCAAAAATAGTAACCTGT
CAGCATTTCTGATTCAAACACAGCTGCAAACACCAGACTTCTAAGATCATGGGGAATTAATT
TAGCCTGGAACAGTGGCAAGAGCTAGAGCTGCAGGCTTTGATCTACAGATTATGTTAGCCGGT
GCAGCTATTCTCCGGAGCTCCTCAACCAATCAAGAAAACCTTCTTATTCTCACCCCCCTC
CATATTTCTCCATCATCTCTTCAATTACATTGCTCTTATTATCAGCCATCTTGGTATTGGGG
AAGAGCAGCCATGGATCCGGAGCCAGGTGGTGGCGGAGAACAGATGGGAAGAAATGGCGGTGC
TCCAGAGACGTGGT

ФІГ. 10 (продовження)

GGCAGGGCACAAAGTATTGCGAGCGCCACTTGCACCGTGGCCGCAACCGTTCAAGAAAGCCTGTG
 GAAAAATCCACACCTACAATATCCACTAACATCACTTGCATTGGTATTGGAGGTGCGGGTGGTA
 CCGCATCAGCTGCTGCTTTCAATTGCAGCACCACACCAACCATATCAGAGGTGGTCAATGAGAC
 TCATTTTTTCGCATACACTAGAATCCCTTCCATTCTCAATCATAGCTCCAAAACCTGAAAGC
 AAGGGCTTAATTGGACCACCACCTCCAAATGAGGTTGGTAACAGGTCTGATGGCCACATTCTGT
 GGCATTTTTTTTGATGACTGGCCACGATCCGTTGATGAATCCGACAATATGAATGCTGGAAGCTC
 AATGAACTCTTTAACCTGCCTCTCCGTTTCAATGCCTGGAAACTCACCAGCATCAGATGTGTCA
 TTGAAATTGTCCACTGGGAATAATATTGCAGAGGAGAGCCGGAGCCAGTCCCAGCCCCGATCC
 CTAGAGGCAATACAAGCAATTGGGCTGCTGCAGGATGGGGCACAAAAATTACAAACCAGGTGGT
 GACTTCAATGGGGGGACCTCTTGCTGAGGCGCTGAGGTCTCCACTACCAAACTCATCTCCAC
 GAATGTTCTGCACCAGTTATGTGCCCCACTGTTTCTGAAACTTGATCTATTTTAGGTTAGTTT
 GTGGTGTAGTAACACATGCATGCATACACACACACACACACACACACATCA

SEQ ID NO: 80 Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_28.309
трансльована поліпептидна послідовність

MDFHLKQWRNQHEESGQQPSAKMPKLLMDPHQPQHPHSSGSAAFPLFLPEPSCKNSNLSAFPDP
 SNTAANTRLPKIMGNYSLEQWQELQALQIYRFMLAGAAIPPELLQPIKKTLLHSHPPPYFLH
 HPLQLHCSYYQPSWYWGAAAMDPEPGRCRRTDGKKWRCSRDDVAGHKYCEHRLHGRNRSRKPV
 ENPTPTISTNITCIGIGELDQTTFSLFCFCFNLLAHPYCSSKTESKGLIGPPPPNEVGNRSDGH
 ILWHFFDDWPRSVDESNDNMNAGSSMNSLTCLSVSMPGNSPASDVSLKLTGNNIAEEEEPEPVPA
 PIPRGNTSNWAAAGWGTKITNQVVTSMGGPLAEALRSSTTKLISHECSAPVMSPHCF

SEQ ID NO: 81 Populus tremuloides Poptr_GRF_ lcl_scaff_I.688
послідовність нуклеїнової кислоти

GCGCTCGCTTGTGTGTGGTGACAGGAGAAATGACACCATCTGTGAATGAGAGAGTGCTTTTTTA
 CAGCTGCTCAGTGGCAAGAACTTGAAAGACAAACCACGATTTACAAGTACATGATGGCTTCTGT
 TCCTGTCCCTCCTGAACTCCTTATACCCATCACCAAAAATCAATCAAATGTCTTCTCCACGG
 TCTAACAGTTCCTAGAACTGGGAATTCCTAGCCTGAACTCATCAGATGCAGAACCATGGAGAT
 GCAAAAGAACTGATGGGAAAAAATGGAGGTGTTCAAGAGATGTGGCACCTGACCAGAAATACTG
 TGAGAGGCACTCTCATAAGAGCCGTCCCCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAATTACACACTCATGAC
 TCCCCGAGGACATTGACCAACAATAACASTAACCAACAATAGCAATTACTCCACTAATCCAC
 ACCTGTTTAATCAAAAACCTTACTTTCCAAGCCATTTATTTATGTTTCTAGTGCCATGGCCCC
 TTCTGCCAGCTCATATGATCAACCCAGGAGCTTGGAATGGCTCTTGAAAGGCGAGATTTACCC
 GTTGCCAGTAATTACAGCCAAGAAATGGCAGCATTTGAAGAGAGACAGCATCAAGGGTAATGGCA
 AAGTGTACAACGTTTATGGAGAAGAGCAGCCGCTTTGCTCAAATACATATAGAGGTGGCCATTC
 ATTACAAGCTCAGAGGCTAAATGATCATTGCAGCGTGTATCAAGTCCCAAATCAACTACTTTG
 GAAAGGGCTTTAAGTCTAGCCTGACCCAAGAACAAGAGACAAGGCACCTTCATTGATGCTTGGT
 CAACTAATTGAGGAGAGACGACATTGGTGGGATTGGTAAAAAAGTTACGTTTCTTCAAGTGA
 GAAGTTAGTATTGCCACATTGAGCTTTACATTGTCAATGTCACCTGGCACTGGAAGTGAACCT
 AATAATGAAGGAAATGGGAGTGCTCAACTGAGTAGTTTGGGATCATGGGATTATCAGATAGAG
 ATCATCAGAGTGCGAGTGCTTGAGACCTCAGTGGATGATGAGTCATGGTGGTTTATGGATAGT
 ATCACCACTGGTGGACCATTAGCTGAAGCCTTGTGTCTTGGCATTTCCAGCAATGCAAAAACT
 GCTTCCAATTTACCATCCCCCTTGACGAGTAGCTGTGGCCCCAATTAATGTCAACAAAAACCAA
 CCGCTATAGTTTGTGTAAATTCTGGCTGGGTAGAGGCCAGAGGGTAGAAGCTAATGTGGCCCA

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 82 *Populus tremuloides* Poptr_GRF_ lcl_scaff_1.688
трансльована поліпептидна послідовність

MRSSWSRTRSGVFDIGLGLRMQDNLESCSGSSKRSVTAMSCDHEPAAHELSSSSSCSGGGGGS
GPLFYSTSNHVTCLGDIKDVVASVSASGTGTPDAIAESKSLQYPYFISDSSPFTFNSSGEMTPS
VNERVLFTAAQWQELERQTTIYKMMASVPVPPELLIPITKNQSNVLPFRSNNSSLELGIPSLNS
SDAEPWRCKRTDGKKWRCSRDPADQKYCERHSHKSRPRSRKPVLELHTDSPRTLNNNTNTNN
SNYSTNPHLFNQKPYFPFPHLPMFPSAMAPSASSYDQPRSLEWLLKGEILPVASNYSQEWQHLKR
DSIKGNGKVYNVYGEEQPLCSNTYRGGHSLQAQRLNDHCSVLSSPKSTTLERALSPLTQEQET
RHFIDAWSTNSGRDDIGGIGKKSIVSSSEKLVLPHSALTLSMSPGTGSETNNEGNGSAQLSSFG
IMGLSDRDHQSASGLRPQWMMSHGGSWIVSPPGGPLAEALCLGISSNAKTASNLPSCSSSCGP
N

SEQ ID NO: 83 *Saccharum officinarum* Sacof_GRF послідовність
нуклеїнової кислоти контигу CA084837.1, CA238919.1, CA122516.1

CCAGCATCCACTCTCTCATCAGCAGCCTCTTCTTCTTCTCCCCAAATGAGTGTGAGTTTGT
GCTGCTGCGGGCATGGAGCTCGGAGTCGGGGATGTGATGGGGCTGCAGCAAGGCATCGCCATCA
CCGCGCCATCGCCAGGGGAGCGGCGACCTGGGTCTTCTCAAGCGAGCAGCCCTACCCAGGC
AGCAGCTGGCCCCCTACCCCTCCCCCTTCTCGACGAACAGAAGATGCTCAGGTTCTCCAAGGCG
GCTCACACATTGCCCTCAGGGCTAGGCTTGGATTTTGGAGGCCCAAGCGAGCAGGCTTCTCTGC
TGTCAGGACCAAGAGGCCATTTACTCCCTCGCAGTGGATGGAGCTGGAGCACCAGGCTCTGAT
ATACAAGTATCTCAATGCAAAGGCCCCATACCTTCCAGCCTGCTCATTTCAATCAGCAAGAGC
TTCAGATCATCCAATAGAGTGAGCTGGAGGCCCTCTCTATCAAGGCTACACAAATGCAGACTCTG
ACCCAGAGCCTGGAGATGCCGACGAACAGATGGAAAGAAGTGGCGATGCTCCAAGGAGGCAAT
GGCTGATCAAGTACTGTGAGCGGCACATCAACAGAAACCGTCACCGTTCAAGAAAGCCTGTG
GAAAACCAACCCAAAAAGACCACCAAGGAGGTGCCTGCTGCTGCTAGCTCATTTGCCATGTGCTG
GGCCACAAGGTTGCTTGAAGAAGGCAAAAGTTAATGACTCCAAGCCAGGCACTGTGAGCTGTTG
GACAGATAGTTTAAACAGGACAATGTTGAGCAGAGAGAAAGCAAACAAACCGACGGAGGACAAC
TCTTTGCTGCTTAATTTCTACGAATAGCCAGCCCACCTTGTCCCTGCTCTCTCAACTGAAGCAGC
AGAACAAACAGATAAGTTAGGTCCCACTGGAAAATGAGTCAAACTCAGACACAATACTGAA
AGCCTGGGGTGGCAACAGCCTTACGACCAAGAGCATTTCTCCACACAGCACCATGATGCTGAA
TCCCTCCAATCAGTCCCTTCAAATTTTCAAGCCTAGCCAGAATGAGAAGATGGAGTCAGAAAAGA
ACAAATATTCTGATTCCATGCTAGTTTCATCGACTTTCTATTCTGCAGACGGTCCACGATCTAC
CTGCCTTACACCTAACATGACACAAGTGCAGCAGGATTGCATATCAAGCTCTTGGGAGATGCCT
CAAGGTGGACCTTAGGCGAGATCTTAACCAACTCCAAGAATAGTGAGGACTTAAGCAAGTGTG
AATCAAGGTATATGGTTGGTTATTGAATCTTGACCATGCACCATGATTCCTCAATCCATGGAG
AGCTTGACATAGATGTCTCACCATGGAAGCAAACAATGGTCAGAAAAAGAAGGTTCAAATGACC
ACATTGTTTGGCCCATGCATGCTCGCTATCTACATTGTATTCTGTTTGTAGCATTTAGCTA
GTTGAATTATCAGTTCTTCTGAATCTGGCTGTATTTAAACAAATTTAGTTTGTGTGATGATGA
TATCTTGCTGCTAGATGTTTCATGTCTAACTTTCAACAGGAACCTCAGAGATCCATTTTGATC
AACAGAAAACCTGTTTGAAGAACC

SEQ ID NO: 84 *Saccharum officinarum* Sacof_GRF трансльована
поліпептидна послідовність

MSAEFCAAAGMELGVGDVMDLQQGIAITAPSPRGSGDLGLLKRAALTQAAAGPYPSPLDEQKM
LRFSKAAHTLPSGLGLDFGGPSEQAFLLSRTKRPFTPSQWMELEHQALIYKYLNAKAPIPSSLL
ISISKSFRSSNRVSWRPLYQGYTNADSDPEPGRCRRTDGKKWRCSKEAMADHKYCERHINRNRH
RSRKPVENQPKKTTKEVPAAASSLPCAGPQGCLKKAKVNDSKPGTVSCWTDLSLNRMLSRKAN
KPTEDNSLLNSTNSQPTLSLLSQLKQONKPKDLGPTLENESNSDTILKAWGGNQPSHKSISST
QHHAESLQSVLQNFSLAQNEKMESEKNKYSDSMLVSSFTFYSADGPRSTCLTPNMTQVQQDCIS
SSWEMPQGGPLGEILTNSKNSDLSKCESRSYGWLLNLDHAP

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 85 Vitis vinifera Vitvi_GRF послідовність нуклеїнової кислоти AM468035

ATGATGATGAGTGAAGAAACAGGTCTCCTTTACAGCATCACAGTGGCAAGAGCTTGAACATC
AAGCTCTTATCTTCAAATATATAGTGTGAGGAGTACCAATCCCAGCTGATCTCATCTGCACTGT
CAAAAGAAGCTTGGACTCTTCATTGTCTTCAAGGCTATTTCTCCACCAACCCATTGGGTGGGGT
TGTTTTCAGATGGGGTTTGGCAGGAAAGCAGACCCAGAGCCAGGGAGGTGCAGAAGAACTGATG
GCAAGAAATGGAGGTGCTCCAAAGAAGCATACCCAGATTCAAAATACTGTGAGAGACACATGCA
CAGAGGCAAAAACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAGTTATTTACAGTACAAACCCCTTACCAACC
ATCTCATCAATCAACTCAAATCCTTCCCTCCACCACCACCAATTCTACTCTCTCTCTCTCTCT
CTCTCTCTCTCTCTTCAATGACTTCTGAAACCTCCCATCCCCATCACCATTCTTACCACAACAC
CTCTCTTTATCCCTTCTCTACCTTCAACCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCTCT
CTCAAGCCACCAGCAGTTACAGCACCCATCATCTGTTTTTGGACTCTGGGTCTTATTTCCAGG
CTGATAGGGATTACAGGGGTGTGGATGAGAGAGCTTTCTTCCCAGAGCTTCAAGGACTGTAAG
GGGCTACATGATTATATACTCCATTAACAATGAGTTCTCTCAAGGGATACTCTCACTTTTCTAG
TATCAAAGCCCCGCTGATAATCCCAAACAGCAGCAAGAACAGCAAGAGCAGCAGCACTGCTTTG
TCTGGGCAGTGAATTTCAAATCGTCAAGCCAATTAAAGTAGAGAGAGATGATGAAGCCCAAGAA
GCCTCTCCACCATTTCTTTGGAGAGTGGCCTCTAAAGAACAGAGACTCTGGCTTGACCTTGAG
GAGGATCCACCAACCCATGCATCATTTCTCCACCACCCAGCTCTCAATTTCAATCCCAATGTCT
CACACAAGCTTCTTGCATCGGATTCCAGAATCCAACTGGTACTTAGACTTCACTTCAGATTTG
GCCTTCTTGCCCTTATTTTTCCCTTTTCTGCTAAGTCTCATCTTCTACTTCATTTTCCCCCTT
GTGCAGATGGATGAGTTCTCAATACTGGTTCTTCTGATCATGGCCAAAAAGTACTTGTACTGG
TGGGTTCAATGCTTTTCTTGTGATTTTGTGACTGAAGGAAGTTCTTTTGCCAAATGTGCGGA
TGAATAATGTAGGGCCTATAGGAGGATTCTTGTCTTTGTGCTTTCTGAGTTGTAATTTTCATT
CTTATCTTTAAAGAAACATGTTTGAATTTGTAGACTTGTGTTGTTGACAGGAAGCATCTTGATA
TGGTTTTTGTAGTTTGTAGTTGTTCTCTAATCTCTATGTTGTTTGTGAGTTGTGGCCAC
CTTTCTTTTCCCTTTGGCTTCTGCTTATTGTACTTCAGAAAG

SEQ ID NO: 86 Vitis vinifera Vitvi_GRF транскрибована поліпептидна послідовність

MMMSARNRSPFTASQWQELEHQALIFKYIVSGVPIPADLICTVKRSLDSSLSSRLFPHQPIGWG
CFQMFGFRKADPEPGRRCRTDGKKWRCSKEAYPDSKYCERHMRGKNSRKRKPEVISATNPSP
ISSINSNPSSSTTNSYSLSPSLPLSSMTSETSHPHHNSYHNNTSLYFPLYPHPSSSRPPGSCLS
PQATSSYSTHHLFLDSGSYSQADRDYRGVDERAFFPEASGTVRGLHDSYTPLTMSSSKGYSHFQ
YQSPADNPKQQEQEQEQHCFVLGTDKSSRPVKVERDDEAQKPLHHFFGEWPLKNRDSWLDLE
EDPPTHASFSTTQLSISIPMSSHKLLASDSRIQTGT

SEQ ID NO: 87 Zea mays Zeama_GRF10_gi_146008494_gb_EF515849.1 послідовність нуклеїнової кислоти

AGAGCGCCGTATCACCTGTCTCTCCGTCCACCGCCGTCTCGATCCGCGCCAAAGATACCTTTCC
CCCACCCCTTCTCGCGCCGCCGTTTGGTGCGACCATGACGGCGGAGGGGGAGGCCAAGAACCC
GTCCGCGCCGTGGCGGAGGGGATAACCCCCAGCACCAGCAGGCTGCGCCGGCGCCGGCGCCGCA
CAGGGGGAAGTGGCGCAGGAGGCTGCAGTGCAGGGGACGGGACAAGAGCAGGAGCGGGACAAGG
CGGATCGAGAGGTGCAGGGCGGCGCGGGGAGAAGGACGACGGCGCGTGCAGAGATCTGGTCTT
GGTCGAGGATCCGAGGTCTTCCCGTCCGAGGATCCGAGGAAGCTGCAGCAACCGCAGCACTC
CAGGAAGAAATGAAAGCGCTTGTGGCATCGATCCCTGATGGTGCTGGAGCAGCATTCACAGCCA
TGCAGCTTCAGGAGCTAGAGCAGCAGTCCCGGGTGTAACAGTACATGGCTGCCCGAGTACCTGT
GCCTACTCACCTCGTCTTCCCGGTATGGAAGAGTGTGACCGGTGCATCCTCTGAAGCGCCAG
AAGTACCTACTTTGATGGGCTTAGCAACGCTCTGCTTGGACTTTGGGAAGAACCCGGAACAG
AACCAGGGAGGTGTCCGGCAACAGATGGTAAGAAATGGCGATGTTGGAGAAACACTATCCCAAA
CGAGAAATACTGCGAACGTCAC

ФІГ. 10 (продовження)

ATGCATCGTGGCCGCAAGCGTCCTGTACAGGTTTTCTGGAGGACGACGAGCCCGATTCTGCTT
CAGGGTCAAAACCCGCCGCTCCTGGCAAGGCTACCGAAGGTGCCAAGAAGGCCGATGACAAGAG
CCCAAGCAGCAAGAAGCTTGCA GTGGCAGCGCCTGCCGCTGTGCAGTCTACATAGTCAATTGCA
GCTTTAGTAGCCCGCAGAAAGAGCATA

SEQ ID NO: 88 Zea mays Zeama_GRF10 транскрибована поліпептидна послідовність

MTAEGEAKNPSAGGGGDNPOHQQAAPAPAPAQGEVAQEAAVQGTGQEQERDKADREVQGGAGEK
DDGACRDLVLVEDPEVLAVEDPEEAAATAALQEEMKALVASIPDGAGAAFTAMQLQLELQQSRV
YQYMAARVPVPVTHLVFPVWKSVTGASSEGAQKYPTLMGLATLCLDFGKNPEPEPGRCRRTDGKK
WRCWRNTIPNEKYCERMHHRGRKRFPVQVLEDDPEDSAGSKPAAPGKATEGAKKADDKSPSSK
KLAVAAAPAAVOST

SEQ ID NO: 89 Zea mays Zeama_GRP11 gi_146008515_gb_EF515850.1
послідовність нуклеїнової кислоти

GCCTCTGACACCAGCACAAACCTGGAGACTACTACTAGTATTGGAGTCCCTCCACTTCCACCT
CCCTTGCCACTGAAGCGAGAGCTCTCGGAGCCGTCGTCCTCTGTCTCTCATCCTTCTTCGTTGT
TGAGCAAAGCGGGCTCGAGGAGGAGATGATGCTGAGCGGGACGGCGGGGAGGCGCCTGTTT
ACGGCGTCGCAGTGGCAGGAGCTGGAGACACAGGCGCTCATCTTCAAATACATGGCCTCCGGCG
CGCCCGTGCCGCACGACCTCGTCCTGCCGCTCCGCGCTCGCCACCGGCGCTCGACACCGCGCCCTC
CCTCGCCTTCCCCCGCCAGCCTTCGCCGTGCTGGCGTACTGGGCTGCTATGGCGGGGGCG
CGTTTCGGCCGCAAGCGGGAGGACCCGAGCCCGGGCGTTCGGCGGAGCGGACGGCAAGAAGT
GGCGATGCTCCAGGGAGGCCACGGAGACTCCAAGTACTGCGAGAAGCACATCCACCGCGGGAA
GAGCCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAGTGACCTCCCCCGCCGCTACCGCCCGTCCGCGTTCTCC
ATCTCGCCGCTCGCGCGGCCGACGCGCCGCGCCGCGCCGGGCTCGGCCACCGCAGCAGC
AGCATCTCCGCCACGCGCTCTCTCTCAGCAGGCCGCGCCACGCGCGTGGCGCTCTCCAGCT
CCACCTCGACTCGAGCCTGCACGCGCGCTCGCCCGCCGCTCTACCAAGGTACGCCCAGCTCC
CACGCTCACTACAGCCGCGCGCGCCGCTCTACGACTACGGGAGCTCCAAGGAGCTTC
GGGAGGCGGGAGCTCAGGCGCGCGGCACTTCCACGCGCTCGGGCGCAGCTGAGCTCGACAA
GCGCTGGCCGACGCGGGGCGCGGAGAAGCCCCCTGCGCGTTCCTTCGACGAGTGGCCGCGG
GAGAGAGGCGACACGAGGCCGTGCTGGGCGGGGCGGAGGACGCGACGAGCTCTCCATCTCCA
TCCCCGCGGCTTCGCCCTCCTCTGACCAGCTGCCTCTGCCGCGCGCGATGCCACAACGATGG
GATGATCGGTGCATCTCTAGCTGCAACTGCAATGCAAGCTGCAACCGCGTGGATTGTTGTT
GATTGGTGTAGTTTCCTAGCTGCAATTCAAAGCTGCAACAGCGAGCAGTGAGCAGCAAATGCGT
GGGAGGGCAGCAGCAGCTCAGGCTTATGCGCAAAATCCGAAGCGAGTCAAGCAGCAATAGGACTC
TAGGCTATGATTGATCTTCTTCTTTCGACAGTACGTTACCAAATGTTAGCTCGTTGTTGTT
TGTGTGACATTTTCGTTTCAGGTTGCTCC

SEQ ID NO: 90 Zea mays Zeama_GRF11 транскрибована поліпептидна послідовність

MMLSGHGGGRRRLFTASQWQLEHQALIFKYMASGAPVPHDLVLPRLATGVDTPASLAFPPQPS
PSLAYWGCYGAGAPFGRKAEDPEPGRCRRTDGKKWRCREAHGDSKYCEKHIRGKSRSRKPVE
VTSPAPYRPSAFSISPPRAADAPPPPPGLGSPQQQHLRHGALSAPAGAAAGALQLHLDSLHA
ASPPAAYRYHAHSYHTPPPPSLDYDQSGKLEAAELRRRHFAHGADLSLDPKPLADAGAA
EKPLRRFFDEWPERRGDTRPSWAGAEDATQLSISIPAASPSDHAASAAARCHNDGSDRCIS

SEQ ID NO: 91 Zea mays Zeama_GRP12 gi_146008534_gb_EF515851.1
послідовність нуклеїнової кислоти

CGCATCCGTTCTCTATCGAAAGGGAGGAGGAGAGCGCGGGAGTGGGCTGGGGGCCACCGA
TGCTGAGCTCGGCGTCTCTGGCCGGGGCGGCCATGGGGATGGGCGGCGGGTACCAACACCAGCC
GCTGCCACTGCCGACGCGCGGGGCGGCGCGCGGTCTTACCGCCGCGAGTGGGCGGAGCTG
GAGCAG

ФІГ. 10 (продовження)

CAGGCGCTCATCTACAAGTACCTCATGGCCGGCGTCCCCGTCCCCGCCGATCTCCTCCGCCCCG
 CCCCCACGCCGCGCCTTCTCCTTCGCCAGCCCCGCCGCGTCGCCCTTCTACCATCACACCA
 CCACCAACCGTCCCTGAGTTACTACGCCTACTACGGGAAGAAGCTGGACCCGGAGCCGTGGCGG
 TGCCGCCGACCCGACGGAAGAAGTGGCGGTGCTCAAGGAGGCGCACCCCGACTCCAAGTACT
 GCGAGCGCCACATGCACCGTGGCCGCAACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAATCCAAGACCGCTC
 CTCGCCGCCCCAGCTGTCCACCGTCGTCAACACCACCACCCCGGAGGCCGCCGCCGCGACG
 CCCCTCGAGTCCCTCGCGGGGGCGGGGGTAAGGCTCACGGCCTGTCCCTCGGCGGCGGGGCTG
 GTCGTGCGACCTCAGCGTCGACGCTTCGAACACTCACTTTTCGTATGGCAGCAAGTACCCTCT
 TGGAGCTAAATCCGATGCTGGCGAGCTGAGCTTCTTCTCAGGAGCACAGGGAACCCAGGGGC
 TTCACCATTGATTCTCCAGCAGATAACTCTTGGCACTCCCTGCCATCCAACGTGCCCCGTTTA
 CACTGTCCAAGGGCAGAGATTCTGGCCTCCTGCCTGGAGCGCCACCAGTCGTGTTTACAGCAGCA
 GCGGGGCCGGCGCTGGTGGGTGCTGGGGAGCGTGAAGCAGGAGAACCAGCCGCTGAGGCCCTT
 CTTCGACGAGTGGCCTGGGACGCGGGAAGTCTGTTGCGGAGATGGACGACGCGAGGTCCAGTAGG
 ACCTCCTTCTCGACGACCCAGCTCTCCATCTCCATTCCGATGCCCAGATGTGATTGAGAACGAA
 GCTCG

SEQ ID NO: 92 Zea mays Zeama_GRF12 трансьована поліпептидна послідовність

MLSSASSAGAAMGMGGYQHQLPLPQRGAAA VFTAAQWAELEQQALIYKYL MAGVPVPPDLL
 RPAFHAAAFSFA SPAASPFYHHHHHPSLSYYAYY GKKLDPWPWR CRRTDGKKWRCSKEAHPDS
 KYCERHMRGRNRSRKPVESKTASSPQLSTVVT TTTTREA AAATPLESLAGAGGKAHGLSLGG
 GAGSSHLSDASNT HFRYGSKYPLGAKSDAGELSF FSGAPGNSRGFTIDSPADNSWHSLSNPV
 PFTLSKGRDSGLLP GAPPVVVQQQRGRRWVAGEREAGEPA AEALLRRVAWDAGLVVGDGRREV
 Q

SEQ ID NO: 93 Zea mays Zeama_GRF13 gi_146008539_gb_EF515852.1 послідовність нуклеїнової кислоти

CCTCCCGTCAGCCTCTTCTTCTCCCGCTGATGAGCGCTGAGTTCTGTGCTGCCGCCGCTGGTGC
 TGTGGCCATGGAGCTCGGAGTCGGGATGTGATGGGGCTGCAGCAAGGCATCGCCGCCGCCACC
 GGGCCATCGTCCGGAGACAGCGACCTGGGTCTTCTCAAGCGAGCAGGCCTCGCCCGAGCAGCCA
 CCTCCTACCCCTCCCGTTTCTCGACCAACAGAAGATGCTCAGGTTCTCCAAGGCGCGCGCGGC
 TCACACGTGCGCCTCAGGCCTAGATTTTCGGAGGAGGCCCAAGCGAGCAGGCTTTCTGTGTCC
 AGGACCAAGCGGCCGTTACCCCGTCGAGTGGATGGAGCTGGAGCACCAGGCTCTCATATACA
 AGTATCTCAATGCCAAGGCCCCCATACCTTCCAGCTGCTCGTTTCCATCAGCAAGAGCTTCAG
 GTCATCCAACAGAGTGAGCTGGAGGCCTCTTTACCAAGGCTACGCAAACGCAGACTCCGACCCA
 GAACCTGGGAGGTGCCGGCGGACAGACGGAAAGAAGTGGCGGTGCTCTAAGGAGGCGATGCCTG
 ATCACAAGTACTGCGAGCGCCACATCAATAGGAACCGCCACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAAA
 CCAACCTAGAAAGACCAGCAAGGAGGTGCCTACCGCTGCTGCTGGCTCGTTGCCGTGTGCCGGG
 CCACAAGGTAGCTTGAAGAAGGCAAAAGTTAATGACTCCAAGCCAGGCACTGGCAGCTATTGGA
 CAGATAGCTTAAACAGGACAATGCTGAGCAGGGAGAAGGCAAACAAACCGACGGAAGACGAGTC
 TTTGCTGCTTAGTTCTACGAAGAACAGCCAGCCACCTTGTCCCTGCTCACTCAACTGAAGCAG
 CAGAACAAACCAGATAAGTTAGGTCCACACCGGAAAATGAGCCGAACCTCGGACACAATGTTGA
 AAGCCTGGGGTGGCAGCCACCACAAGAACATTTCTCCACACAGCGCCATGACGCTGAATCCCT
 CCAATCAGTCCTCCAAAATTTACGCCTAGCCCAAGATGACAGGTTGGAGTCAGAAAAGAACAGA
 TATTCTGATTCCGTGCTAGTCTCATCGGCTTTCTATTCTGCAGACGGTCCACAACTACCTGCC
 TTACACCTAACATGACACAAGTGCAGCAGGACTGCATATCAAGCTCCTGGGAGATGCCTCAAGG
 TGGACCTCTAGGCGAGATCTTAACGAACTCCAAGATTAGTGAGGACTCAAGCAAGTGTGGATCT
 AGGTCAATATGGTTGGCTATTGAATCTTGACCATGCACCATGATTCCTC

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 94 Zea mays Zeama_GRF13 трансльована поліпептидна послідовність

MSAEFCAAAAGAVAMELGVDVMDGLQQGIAAATGPSSGSDSLGLLKRAGLAQAATSYSPFLDQ
QKMLRFSKAAAHTSPSGLDFGGGPSEQAFLLSRTKRPFTPSQWMELEHQALIYKYLNAKAPIP
SSLLVSISKSFRSSNRVSWRPLYQGYANADSDPEPGRCRRTDGKKWRCSKEAMPDHKYCERHIN
RNRHRSRKPVENQPRKTSKEVPTAAAGSLPCAGPQGSLLKAKVNDSPKPTGSYWTDSLNRMTLS
REKANKPTEDESLLSSTKNSQPTLSLLTQLKQONKPKLGPPTPENEPNSDTMLKAWGGSHHKN
ISSTQRHDAESLQSVLQNFSLAQNDRLESEKNRYSDSVLVSSAFYSADGPQTCLTPNMTQVQQ
DCISSSWEMPQGGPLGEILTNSKISEDSSKCGSRSYGWLNLNDHAP

SEQ ID NO: 95 Zea mays Zeama_GRF14 gi_146008560_gb_EF515853.1
послідовність нуклеїнової кислоти

GCCACCAAGAGCCCTCCAACACACACCTGACCTCCCCCTTCCCCCTCTCTCCGCCGCCCGTTCC
CCGCGCTCCGCCGTACGTCCCGTTCGGGTTCGGCCGCCCGGTCCAAAGGGAGGGGAGGAGGA
GGGGCGCGGAGTCGGGGCCCGCACCGATGCTGAGCTCGGCATCCTCGGCCCGGGGCGGCCA
TGGGGATGGGCGGCGCGGTACGCGCACCGACCCCGCCACAGCGCGCGGTCTTCACCGCCGC
GCAGTGGGCGGAGCTGGAGCAGCAGGCGCTCATCTACAAGTACCTCATGGCCGGCGTCCCGTC
CCGCCGACCTCTCTCTCCCGTCCGCCCGGCCCGCGCGCCTTCTCTTCGCCGCCCGCCG
CCGCCGCGTCCGCCCTTCTACCAACACACACCGTCCCTGAGCTACTACGCCTACTACGCCAA
GAAGCTGGACCCGGAGCCGTGGCGGTGCCGCCGACCGACGGCAAGAAGTGGCGGTGCTCCAAG
GAGGCGCACCCGACTCCAAGTACTGCGAGCGCCACATGCACCGTGGCCGCAACCGTTCAAGAA
AGCCTGTGGGAATCCAAGACCGCCTCGTCTGTCGCCCGCGCACCCGTCCGCCCGCCAGCTGTC
CACCGTCACCAACACCGCGCCTCTCGAGCCCTTGACGCGCGGGGGGCAAGGTCCACGCGCTG
TCCCTCGGCCGCGCGCTGCTGGCTCGTCGCACCTCGGCGTCGATGCTTCAATGCTCACTATC
GTTATGGTAGCAACAGGTACCTCTCGGAGCTAAACCGGACGGCGGCGAGTTGAGCTTCTCTC
AGGAGCGTCATCGGGGAACAACCTCGAGGGGTGGCTTACCATCGACTCTCCATCAGATAACAAC
TCGTGGCACTCCGCCCTGGCGTCCAGCGTCCCCCGTTACGCTGTGACGAAGAGCGGGGACT
CCGCCCTCTGCCCGGCGCCTACGCCTCTACTCCAGTCCCACTCCCATGGAGCCGCCGCG
GGAGCTCGGGCAGGTACCATCGCCTCGTGGCGCAGGAGCAGGAGCGCCAGCAGCCGTTCAGT
GGTGGGATGCTCGGGAACGTGAAGCAGGAGAACCAGAACCGCGTGGCGCCCTTCTTCGACG
AGTGGCCCGGGACGCGGGCGGACTCGTGGCCCGGAGATGGACGGCGCGCCGCGGGCCGCGCAG
GACCTCTTCTCTCTCCACCACCCAGCTCTCCATCTCCATCCCGATGCCAGATGTGAGCTG
CATCTCAGAAACCAGAACTCTTAATTCTGTTCTGCTGCCGAATCATGCTTGACCGAACTTGT
TTCTGCGAGGCGACTGACGAGGAACCGTCGATCGGGCGGCCACTAGACGGTGGACGCTCACGCTC
ACTAGTGCCTGTGCTCGCTGGAGTGGAGATCGA

SEQ ID NO: 96 Zea mays Zeama_GRF14 трансльована поліпептидна послідовність

MLSSASSAAGAAMGMGGGYAHQPPQRAVFTAAQWAELEQQALIYKYL MAGVPVPPDLLLPVR
PGPAAAFSAGPAAASPFYHQHPSLSYYAYYGKKLDPEPWRCRRTDGKKWRCSKEAHPDSKYC
ERHMRGRNRSRKPVESKTASSSSPAHPSPPQLSTVTTTAPLEPLAAAGGKVHGLSLGGGAAGS
SHLGVDAASNAHYRYGSNRYPLGAKPDGELSFFSGASSGNNSRGGFTIDSPSDNNSWHSALASS
VPPFTLSTKSGDSGLLPAYASYSQSHSHMEPPRELQVVTIASLAQEERQPPFSGGMLGNVKQ
ENQNQPLRPFFDEWPGTRADSWPPEMDGAPRAGRTSFSSSTTQLSISIPMPRCELHLRNQNS

SEQ ID NO: 97 Zea mays Zeama_GRF1 gi_146008330_gb_EF515840.1
послідовність нуклеїнової кислоти

GACAGGTTGAGATGGCGATGCCGTATGCCTCTCTTCCCCGGCAGGCGCCGCCGACACCGCTC
CTCCACAGCCACGGCGTCCCTCGTCCCTTCTGCCGCTCCACCCGCTCTCCGCGGGCGCGGG
CTGGGGGAGGAGGACGCCAGGCGAGCGGAGGTGGCCGCCGCGAGGCGCGGTGGTGGCGGTCA
CGCCGGCGCAGTACCAGGAGCTGGAGCAGCAGGCGCTCATATACAAGTACCTGGTGGCCGGCGT
GCCCGTTC

ФІГ. 10 (продовження)

CGCCGGATCTCGTGGTTCCAATCCGCCGCGGCTCGACTCCCTCGCTACCCGCTTCTACGGCCA
 ACCCACACTCGGGTACGGACCGTACCTGGGGAGGAACTGGATCCGGAGCCCGGCCGGTGCCGG
 CGAACCGACGGCAAGAAGTGGCGGTGCTCCAAGGAAGCCGCCCGGACTCCAAGTACTGCGAGC
 GCCACATGCACCGCGGCCGAACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAACGCAGCTCGCGCCCCAGTC
 CCAACCGCCCGCCGCGCGGCCGTCTCCGCCGCTCCGCCCTGGCAGCCGCGCCGCCGCGCGCC
 ACCAACCGGCAGCGGCTTCCAGAACCACTCTCTCTACCCGGCCATCGCCGGCAGCACTGGTGGTG
 GAGGAGGAGTTGGCGGGTCCGGCAATATCTCCTCCCGTTCTCCTCGTCGATGGGGGGATCGTC
 TCAGCTGCACATGGACAGTGTGTCAGCTACTCCTACGCAGCTCTTGGTGGTGGAAGTGCAGAG
 GATCTCAGGTACAACGCTTACGGAATAAGATCTCTGGCGGACGAGCACAACCAGCTGATCGCAG
 AAGCCATCGACTCGTCGATAGAGAGCCAGAGGCGCCTCCCCAGCTCGTCGTTCCTCGCTCTCGAG
 CTACCCACATCTCGGGGCGCTGGGCGACCTGGGCGGCCAGAACAGCACGGTGAGCTCGCTGCCG
 AAGATGGAGAAGCAGCAGCCGCCCTCGTCCTTCTTAGGGAACGACACCGGGGCCGGCATGGCCA
 TGGGCTCCGCCCTCCGCGAAGCAGGAGGGCCAGACGCTGCGGCACTTCTTCGACGAGTGGCCCAA
 GCGCGGGGACTCCTGGCCGGGCTCTCCGACGAGACCGCCAGCCTCGCCTCGTCCCCCCCCGGCG
 ACCCAGCTGTGATGTCCATACCCATGGCGTCTCCGACTTCTCCGTGGCCAGCTCCCACTCGC
 CCAACGATGACTAATGGTGGTGGATCGTCGCGTTCTGGCCCTTTGTCTATCTCCCTCCAGTC
 CTCCACCCACCGCGCAGTAGTAGCTGCGGAAACAGCCCATGCTCCTGTATATTTGTGGTCAATT
 TTCCGTGTGATCTGTGTACCAAACCAAGCGGCGG

SEQ ID NO: 98 Zea mays Zeama_GRP1 транслювана поліпептидна послідовність

MAMPYASLSPAGAADHRSSSTATASLVFPFCRSTPLSAGGLGEEDAQASARWPAARPVVPFPAQ
 YQELQQAALIKYLVAGVPVPPDLVVPPIRRGLDSLATRFYQPTLGYGPLYLGRKLDPEPGRARR
 TDGKKWRCSKEAAPDSKYCERHMRGRNRSRKPVTQLAPQSQPPAAAAVSAAPPLAAAAAAT
 NGSQFQNHSLYPAIAGSTGGGGVGGSGNISPSSSMGGSSQLHMDSVASYSYAALGGGTAKD
 LRYNAYGIRSLADEHNQLIAEAIDSSIESQRRPLSSSFPLSSYPHLGALGDLGGQNSTVSSLPK
 MEKQPPSSFLGNDTGAGMAMGSASAKQEGQTLRHFFDEWPKARDSWPGLSDEASLASSPPAT
 QLSMSIPMASSDFSVASSQSPNDD

SEQ ID NO: 99 Zea mays Zeama_GRP2 gi_146008352_gb_EF515841.1 послідовність нуклеїнової кислоти

CCATCTGGCCATCTCCCTTCCCTGCTCCCCCGAAGCAGCAAGCCAGCCTGCCCACCCGCAGC
 CATCACCTCCGCCGCTCTCCACCATGAATCCCATCCACCAGCACGACATCGTACCCAATCCTTC
 GTGACTGTTGCCTCCGCGCATCTCCGGAGCAATGGAAGGAGGCCGAGATGTGTTCTTAGGTGC
 GCGCGCAAGGGCGCCGCCCGCCGCGCGCTCTTGCCCGTTTCACGGATCCGCTACCGCCACCCGC
 TCCGGTGGAGCGCAGATGCTCAGCTTCTCCTCCAATGGCGTAGCAGGGTTGGGTCTGTGCTCAG
 GTGCCAGCAAGATGCAGGGTGTGTTGTGAGGGTGAGGAGGCCCTTCACTCCGACGCACTGGAT
 GGAGCTGGAGCACCAGGCCCTGATCTACAAGCACTTCGCTGTGAATGCCCTGTGCCGTCCAGC
 TTGCTCCTCCCTATCAAAAGAAGCCTCAATCCATGGAGCAGCCTTGGCTCCAGCTCATTTGGGAT
 GGGCACCATTTCTGTTCCGGCTCTGCTGATGCAGAACCAGGAAGATGCCGCCGCACAGATGGCAA
 GAAGTGGCGGTGCTCTAGAGATGCTGTCGGGGACCAAAAATACTGTGAGCGATACATAAAACGT
 GGTGGCACCGTTCAAGAAAGCATGTGGAAGGCCGAAAGGCAACACCGACCACTGCAGATCCAA
 CCATGGCTGTTTCTGGTGGTTCAATTGTGCACAGCCATGCTGTTGCTTGGCAGCAGCAGGGCAA
 AAGCTCAGCTGCTAATGTGACTGATCCATTCTCACTAGGGTCCAACAGGAATTTGCTGGATAAG
 CAGAACTAGGTGACCAGTTCTCTGTATCCACTTCCATGGACTCCTTTGACTTCTCATCATCAC
 ATTCTTCCCCAAACCAAGCCAAAGTTGCATTTTACCGGTGGCCATGCAGCACGAACATGATCA
 GCTGTATCTTGTGATGGAGCCGGCAGCTCAGCAGAAAACGTTAACAAGTCTCAGGATGGTCAG
 CTGCTAGTCTCGAGGGAAACAATTGACGACGACCTCTGGGCGAGGTGTTCAAGGGCAAGAGTT
 GCCAGTCAGCATCCGACAGATCTTAACCTGACCATTTGACTTCGACTCGTGAATTCGCTCCTCC
 AACCGAGTCTTACAAATGTCTAGCAGCAACACAGT

ФІГ. 10 (продовження)

GCCAGCAGAGAATCACACGAGTAACAGTAGCTATCTCATGGCGAGGATGGCGAATTCTCAGACC
GTCCCAACACTCCACTGAGTGTTTCATCAGGCTGGTCTTTGTTGGGACCACAAAATAACTGAAGC
CATGTTGATGTCTTGAGTTTGCTGATACAGTGATACTAGGTTTTTCAGTCGAGTCTTGTAACCTCC
TGTTTTAGAGTTGTTATATGTTACGTCATGTTGCCTTTTCATTTTCGGTTTCATTTCAGATGGGT
GTACTAATAATTTCTTTCCTTCTTACCTGTGAAGGATTTGAGTTCCAATCTGAGACGTGGGT

SEQ ID NO: 100 Zea mays Zeama_GRP2 транслювана поліпептидна послідовність

MEGGRDVFLLGAAARAPPPPPSCPFHGSATATRSQGAQMLSFSSNGVAGLGLCSGASKMQGVLSR
VRRPFTPTQWMELEHQALIYKHFAVNAPVPSSLLLPKRSINPWSSLGSSSLGWAPFRSGSADA
EPGRCRRTDGKKWRCSRDAVGQKYCERYIKRGCHRSRKHVEGRKATPTTADPTMAVSGGSLH
SHAVAWQQQKSSAANVTDPFSLGSRNRLDKQNLGDQFSVSTSMDSFDFSSSHSSPNQAKVAF
SPVAMQHEHDQLYLHVGAGSSAENVNKSQDQQLLVSRITDDGPLGEVFKGSKQSASADILTD
HWTSTRDLRPPTGVLMSSSNTVPAENHTSNSSYLMARMANSQTVPTLH

SEQ ID NO: 101 Zea mays Zeama_GRP3 gi_146008368_gb_EF515842.1 послідовність нуклеїнової кислоти

TAGCCGTGCTCCGCTCACCTTCTCTCGCGCTACAGTCTCAAGGGGTAGCTAGCCAAGCTACCAA
GCTCGTCAGGAACGAGAGAAAGAGGCCGGCGGTGCGCGGGGATGATGATGATGAGCAGCGGCCG
GGCGGGCGGGGCCACCGCGGGCGGTACCCGTTACCGCGTTCGCGAGTGGCAGGAGCTGGAG
CACCAGGCGCTCATCTACAAGTGCTTGGCGTCCGGCAAGCCCATCCCTTCTACCTCATGCCGC
CGCTCCGCGGCATCTCGACTCCGCCCTCGCCACGTCGCGCTCCCTCGCTACCCGCCGCAACC
CTCGTTGGGCTGGGGCTGCTTCCGGATGGGCTTACCCGGAAGGCCGACGAGGACCCGGAGCCC
GGGCGGTGCGGGCGCACGGACGGCAAGAAGTGGCGTGCTCCAAGGAGCGTACCCGGACTCCA
AGTACTGCGAGAAGCACATGCACCGGGGCAAGAACCCTTCAAGAAAGCCTGTGGAAATGCTCTT
GGCCACGCGCGCCCGGGCGCGGCCCGCGCGCCGCAACCGCCACCGCCACCTCATCCCG
GCGCGTCTTACACCGCGCGGCCACGACGCCACGCGTCTCCGTACACGCGCTGTATGGAG
GCGGCGGGCGGGCGGGCGGTAGCCCTTACTCGGCGTCCGACGCGCCAGGAGCAACCGAGCGG
CGGCGGTACACACGCGCAGCATGTGAGCCCCCTTCCACCTCCACCTCGAGACCACCCACCCG
CACC CGCGCGCCCTACAAC TACTCCGCCGACGAGGGGACTACGCGTACGGGACCGCGCGG
CCAAGGAGGTGCGCGAGCACGCTTCTTCTCGGACGCGCGGGCGAGCGGGTGCACCGCCAGGC
CGCGGCGGGGAGTGGCAGTTCAGGCAGCTCGGGGTGGAGACGAAGCCGGGCCCCACGCCGTG
TTCCCGTCCGCGGTACGGGCACGCGCGGGCGTCCGCTACGGCGTTCGAGCTGGGCAAGGACG
ACGACGAGCAGGAGGAGGCGCGCCGACGACTGCTTCGTTCTTGGAGCCGACCTGCGGTGGA
GCGGCGGTGCTCGGGCCATGGCCATGGCCATGACCATGACGACGCCCGCGCGCGCAG
AAGCCGCTCCGGCCCTTCTTCGACGAGTGGCCGACCCAGAAAGGGGACAAGGCCGGTTCGTGGA
TGGGGCTCGACGGCGAGACGAGCTCTCCATGTCCATCCCCATGGCGCTACCGACCTCCCGT
CACCTCCCGCTTCCGTAACGACGAGTGATGCCACATCAAACCTGGCGTGGAAACTCGGAACGT
ATGGTG

SEQ ID NO: 102 Zea mays Zeama_GRP3 транслювана поліпептидна послідовність

MMMSSGRAGGATAGRYPTASQWQLEHQALIYKCLASGKPIPSYLMPPPLRRILDSALATSP
SLAYPPQPSLGWGCFGMGFTRKADEPEPGRCRRTDGKKWRCSKEAYPDSKYCEKMHMRGKNRS
RKPVEMSLATPAPAPAPAAATTATATSSPAPSYHRPAHDATPSPYHALYGGGGGGGSPYSASA
RPGATGGGGAYHHAQHVS PFHLHLETHPHPPPPYNSADQRDYAYGHAAAKEVGEHAFFSDGA
GERVDRQAAAGQWQFRQLGVETKPGPTPLFPVAGYGHGAASPYGVELGKDDDEQEERRQHCFV
LGADLRLERPSSGHGHGHGHDDAAAAQKPLRPFFDEWPHQKGDKAGSWMGLDGETQLSMSIP
MAATDLPVTSRFRNDE

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 103 Zea mays Zeama_GRP4 gi_146008393_gb_EF515843.1

послідовність нуклеїнової кислоти

tcccttcaccgctgcctcgaccgcgcgaaagatacctttcccccccttctctcgcgccgccc
gttttggtgacgaccatggcgccgaggggagggccaagaacccgtccggcggtggcgaaagggg
taacccccagcaccagcagggcagtgaggctgcgcggcgagccccaatggcacagggggaa
gcggtgcaggaggtggagcgcaggcgacgggacaagagccggaggggagaaagggcgaatcgag
atggggaggggaagcgcgggggagaaggacgacggcgctgcagagatctggttctggttgagga
tcgggaggtgctgcgcgtcgaggacccggaggaagctgcagcaaccgcagcaactccaggaagaa
atgaaagcgctcgtggcatccgtccctgacgggtgctggggcagcattcacagccatgcagcttc
aggagctagagcagcagtcctcggtttatcagtacatggctgcccagtgacctgtgcctactca
ctcgtcttccccgtatggaagagtgtaccgggtgcatcctctgaaggcgcccagaagtaccct
actttgttgggcttagcaacactctgcttggacttcgggaagaacctgaaccagaaccaggga
ggtgcccggcgaacggatggcaaaaaatggcgatgttggagaaacactattccaaacgagaagta
ctgcgaacggcgatgcacgcggctgcgaagcgtcctgtacaggtcgtcgaggaagccgagcct
gactctgcttcaggctcaaaatctgctcccggaaggccaccgaaggcgccaagaaggttgggcg
acaagagcccaggtagcaagaagcttgcggtggcgccgagctgcagctgctgcgcagctctac
gtaattgatgcagcatttttagtagtcgcaggaagagcatggcgcgctggcaactagcgcttc
tttccattgcatgtgatcttttagctataacctcatcttagcacactcccagtggtgtccgtggga
ggag

SEQ ID NO: 104 Zea mays Zeama_GRP4 транслювана поліпептидна
послідовність

MAAEGEAKNPSSGGEGGNPQHQQAVQAAPAEPPMAQGEAVQEAGAQTGQEPGEKANRDGE
AGEKDDGACRDLVLVEDPEVLAVEDPEEAATAALQEEMKALVASVPDGAGAAFTAMQLQLEQ
QSRVYQYMAARVPVPTHLVFPVWKSVTGASSEGAKYPTLLGLATLCLDFGKNPEPEPGRCRRT
DGKKWRCWRNTIPNEKYCERRMHRGRKRPVQVVEEAEPDSASGSKSAPGKATEGAKKVGDKSPG
SKKLAVAAAAAAQST

SEQ ID NO: 105 Zea mays Zeama_GRP5 gi_146008412_gb_EF515844.1

послідовність нуклеїнової кислоти

cagccaggtgaaggcaaaagagagagggcggaagcagcgccagagcggagagggagagagaagag
catatatgggcatggcgatgccctttgctccccgtctccggcagccgaccaccgcccctcctc
cctcctcccccttctgcgcgcgcgcccctctctcccgccggggagaggacgcgcgcagcagcac
gcgatgagcggcaggtgggcccgcgagggccggcgctcttcacggcgccgagtagcagagagctgg
agcaccaggcgctcatatacaagtacctcgctgcggcgctgcccgtcccgcgggacccctcctc
ccccctgcgcgcgaggtctcgtcttccaccagccaccgccccttggtacggcccctactctggc
aagaaggtggaccggagcccggcggtgcccgcgtacggacggcaagaagtggcggtgctcca
aggaggccgccccggactccaagtactgcgagcgccacatgcaccgcccgcgaaccgttcaag
aaagcctgtggaagcgcagctcgcccccgccgacgcccagccgcccgcagcagcagcaggcc
cccgcgcccgcgtgctggcttccagaaccactcgctgtaccgcgtgatcctcaacggcaacggcg
gcggcggggttaggtgctggtgctggtggcgacgttcggcctggggcccacctctcagctgca
catggacagtgcgcgtgctacgcgactgctgcgggtggaggagcaaatatctcaggtactct
gcatacgggggtgaaatctctgctcgagcagcagcagcagcgtcttgcggcgccgcatggatccgt
cgatgatggacaactcgtggcgcttctgccatcccaaaacaacacattccaagccacaagcta
ccctgtgttcggcacgctgagtggttagacgagagcaccatcgctcgctgcccgaagaccag
agggagccccctctcttcttcgggagcgacttcgtgaccgcccgaagcaggagaaccagacgc
tgccccccttcttcgacgagtgcccaagtcgagggactcgtggccggagctgggcgagggagcg
cagcctcggtcttcggccaccagctctccatctccatcccatggcgacctccgacttctcc
aacaccagctccagatcgccgggtggaataccgtcgagatgaacgagtagcgtgcatgtggatc
ccagcgtcttaggggtgacgactcttcgggtgctggcctcatcgtatcatgctcctaattttcg
aacgatatatgccttatgtaacgctatttctctcattgttacaacaccctttaccgcttggaa
ttgtgttgaagtggatggctcggtgctc

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 106 Zea mays Zeama_GRP5 транслювана поліпептидна послідовність

MGMAMPFASPSPAADHRPSSLLPFCRAAPLSAAGEDAAQQHAMSGRWAARPALFTAAQYEELEH
QALIYKYLIVAGVPVPPDLLLPLRRGFVHFQPPALGYGPYFGKKVDPEPGRCRRTDGKKWRCSKE
AAPDSKYCERHMRGRNRSRKPVEAQLAPPPHAQPPQQQAPAPAAGFQNHSLYPSILNNGGG
GLGAGAGGGTFGLGPTSQHLMDSAAAYATAAGGGSKYLRY SAYGVKSLSDEHSTLLSGGMDPSM
MDNSWRLLPSQNNTFQATSYPVFGTSLGLDESTIASLPKTQREPLSFFGSDFVTA AKQENQTLR
PFFDEWPKSRDSWPPELGEDGSLGFSATQLSISIPMATSDFSNTSSRSPGGIPSR

SEQ ID NO: 107 Zea mays Zeama_GRP6 gi_146008429_gb_EF515845.1 послідовність нуклеїнової кислоти

GATATATGGCGATGCCCTTTGCCTCCCTGTCTCCGGCAGCCGACACCGCCCTCCTCCCTCCT
CCCCCTACTGCCGCGCCGCCCTCTCTCCGCGGTGGGAGAGGACGCCGCCGCGCAGGCGCAGCAG
CAGCAGCAGCAGCAGCTATGAGCGGCAGGTGGGCAGCAGGCGCCGCCGCGCTCTTACAGCGG
CGCAGTACGAGGAGCTGGAGCACCAGGCGCTCATATACAAGTACCTCGTCGCCGCGCTGCCCGT
CCCGCCGGACCTCCTCCTCCCCCTACGCCGAGGCTTCGTCTACCACCAACCCGCCCTTGGGTAC
GGGCCCTACTTCGGCAAGAAGGTGGACCCGAGCCCGGCGGTGCCGCGTACGGACGGCAAGA
AGTGGCGGTGCTCCAAGGAGGCCGCCCGGACTCCAAGTACTGCGAGCGCCACATGCACCGCGG
CCGCAACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAAGCGCAGCTCGTGCCCCCGCCGACGCCAGCCGCGAG
CAGCAGGCCCCCGCGCCACCGCTGGCTTCCAGAGCCACCCCATGTACCCATCCATCCTCGCGG
GCAACGGCGGCGGCGGCGGCGGCTAGGTGGCGGTGCTGGCGGTGGCACGTTTGGCCTGGGCCC
CACCTCTCAGCTGCGCATGGACAGTGCCGCTGCTTACGCGACTGCTGCTGATGGAGGGAGCAAA
GATCTCAGGTACTCTGCCTACGGGGTGAAGTCACTGTGCGACGAGCACAGCCAGCTTGGCCG
GCGGCGGCGGCGGCGATGGACGCGTCAATGGACAACCTCGTGGCGCTGTGTCCTCCAAACCGC
CGCCACGTTTCAAGCCACAAGCTACCTCTGTTCCGCGCGCTGAGCGGTCTGGACGAGAGCACC
ATCGCTCGCTGCCCAAGACGCGAGGGAGCCCCCTCTCTTCTTCGGGAGCGACTTCGTGACCC
CGAAGCAGGAGAACCAGACGCTGCGCCCTTCTTCGACGAGTGGCCCAAGTTCGAGGGACTCGTG
GCCGAGCTGAACGAGGACAACAGCCTCGGCTCCTCGGCCACCCAGCTCTCCACCTCCATCCCC
ATGGCGCCCTCCGACTTCAACACAGCTCCAGATCGCCGAATGGAATACCGTCAAGATGAACCT
GAGTAACCATGCGGACCCCA

SEQ ID NO: 108 Zea mays Zeama_GRP6 транслювана поліпептидна послідовність

MAMPFASLSPAADHRPSSLLPYCRAAPLSAVGEDAAAQAQQQQQHAMSGRWAARPPALFTAAQ
YEELEHQALIYKYLIVAGVPVPPDLLLPLRRGFVYHQPALGYGPYFGKKVDPEPGRCRRTDGKKW
RCSKEAAPDSKYCERHMRGRNRSRKPVEAQLVPPPHAQPPQQAPAPTAGFQSHMPYPSILAGN
GGGGGCVGGGAGGTFGLGPTSQLRMDSAAAYATAADGGSKDLRY SAYGVKSLSDEHSQLLPGG
GGGMDASMDNSWRLLPSQTAATFQATSYPLFGALSGLDESTIASLPKTQREPLSFFGSDFVTPK
QENQTLRPFDEWPKSRDSWPPELNEDNSLSSATQLSTSIPMAPSDFNTSSRSPNGIPSR

SEQ ID NO: 109 Zea mays Zeama_GRP7 gi_146008440_gb_EF515846.1 послідовність нуклеїнової кислоти

AGCGTGCAATTGTTGAGCGAGTGCGCCAAGCAACGCGGCTCGAGGAGATGATGCTGAGCGGGC
ACGGCGCGGGAGGCGCTGTTACGGCGTCGAGTGGCAGGAGCTCGAGCACCAGGCGCTCAT
CTTCAAGTACATGGCCTCGGGCGCGCCGTGCCGCACGACCTCGTCTTACCGCTCCGCCCTCGCC
ACCGGCGTCGACACCGCGCCCTCCCTCGCCTTCCCGCCCCAGCCTTCGCCGTGCTGGCGTACT
GGGGCTGCTACGGCGCGGGGCGCCGTTCGTGCGCCGCAAGGCGGCGGAGACACGGAGCCGGG
GCGGTGCCGGCGGACGGACGGCAAGAAGTGGCGGTGCTCCAGGGAGGCCACGGCGACTCCAAG
TACTGCGAGAAGCACATTCACCGCGGGAAGAGCCGTTCAGAAAGCCTGTGGAAGTGACCTCCT
CCCCCGCGCGGCGCGCTGCGGCTACCGACCGTCCGCGATCTCCACCATCTCGCCGCCCCG
CGCGGCCGACGCGCGCGCGGAGCCTCGCCTACCCGCGAGCAGCATCTCCTCCACGGCGCCTCC
TCCTCCGCGAGCAGCCCGC

ФІГ. 10 (продовження)

GCCCCGCTGGCGCTCTCCAGCTCCACCTCGACGCGAGCCTGCACGCGGCGGCGGCGTCCCAT
 CGCCGCGCGCTCCTACACAGGTACGCCCCTACACACCGCCAGCGTCGTCGCTCTTCCCGGG
 CGGCGGCTACGGCTACGACTACGACTACGGGCAGTCCAAGGAGCTCAGGCGACGGCACTTCCAC
 GCGCTCGGGGCGGACCTGAGCCTCGACAAGCCGCTGCCCAGCCCCGACACCGGCTCCGACGAGA
 AGCAGCCCTGCGGCGTTTCTTCGACGAGTGGCCGCGGAGAGCGGCGACATGGCGGCGGACGA
 CGCGACGCGAGCTTTCATCTCCATCCCCGCGGCTTCGCCCCCGACCTCGCTGCTACCTCCGCC
 TCCGCGCGCGCGCGGATTCCACAACGGGGAGTGATCGGTCCATCTCCTAGCTGCAGCCCTGC
 AACAGCGTGGATTGACCGCTGCATTTCTGGCTGCAATGCAAGCCTGCAACAGCGAGCAGTAAG
 CCAGTGACGTGGATGCATCTCGTAGCGGCAACCCCTGCTTCTGCCTCT

SEQ ID NO: 110 Zea mays Zeama_GRP7 транслювана поліпептидна послідовність

MMLSGHGGRRRLFTASQWQLEHQALIFKYMASGAPVPHDLVPLRLATGVDTAPSLAFPPQPS
 PSLAYWGCYAGAPFVGRKAAEDTEPGRCRRTDGKKWRCSTREAHGDSKYCEKHIHRGKSRSRKP
 VEVTSSPAAGAAAAYRPSAISTISPPRAADAPPSLAYPQQHLLHGASSSAAARAPAGALQLHL
 DASLHAAAASPPSPSYHRYAHYTPPASSLFPGGGYGYDYDYGGQSKELRRRHFFHALGADLSLDK
 PLPEPDTGSDEKQPLRRFFDEWPRESGDMAADDATQLSISIPAASPSDLAATSASAAAARFHNG
 E

SEQ ID NO: 111 Zea mays Zeama_GRP8 gi_146008461_gb_EF515847.1 послідовність нуклеїнової кислоти

TTCGGCAGACCCAAACAATGCACACCAACATCCACTCCCTCGTCAGGCTCCTCTCCCCCAAATG
 AGCGCTGAGTTCTGCGCTGCTGCGGGTGTCTGGCCATGGAGCTCGGGGTGCGAGATGCGCTGG
 GGCTGCAGCAAGGCATCGCAATCACCGCGCCATCGCCCAGGGACAGCGACCTGGGTCTTCTCAA
 GCGAGCAGGCCTACCCAGGCTGCGGCTGCTGCCCCCTACCCCTCCCCCTTCTTGACGGGGAG
 AAGATGCTCAGGTTCTCCAAGGCGGCTCACACATCGCACTCAGGCTTGGATTTTGAGGGCCAG
 GTGAGCAGGCTTTCCTGCTGTCCAGGACCAAGATGCCATTTACTCCCTCGCAGTGGATGGAGCT
 GGGGCACCAGGCTCTGATATACAAGTACCTCAATGCAAAGGCCCCCATACCTTCCAGCCTGCTC
 ATTTCAATCAGCAAGAGCTTCAGATCATCCAATAGAGTGAGCTGGAGGCCTCTGTATCAAGGCT
 ACACAAATGCGAGCTCTGACCCAGAACCTGGGAGATGCCGACGACGATGGAAAGAAAGTGGCG
 GTGCTCCAAGGAAGCAATGGCTGATCACAAGTACTGTGAGCGGCACATCAACAGAAACCGTCAC
 CGTTCAAGAAAGCCTGTGGAATCAACCTAAGAAGACCACCAAGGAGGTGCCTGCTGCTGCTG
 GCTCATTACCATGTGCTGGGCCACAAGGTAGCTTGAAGAAGGCAAAAGTTAATGACTCCAAGCC
 AGGCACTGTCTAGCTATTGGGCAGATAGTTTAAACAGGACAATGTTGAGCAGAGAGAAAGCAAAAC
 AAACCGACGGAAGATAGCTCTTTGCTGCTTACTTCTACGAACAGCCAACCCACCTGGTCCCTGC
 TCTCTCAGCTGAAGCAGCAAAACAAACAGATAAGTTAGGCCCCCACTGGAAAATGAGTCAAA
 CCCAGACACAATATTGAAAGCCTGGGGTGGCAACCAGCCTAGCCACAAGAGCATTTCCTCTACA
 GAGCGCCATGATGCTGAATCCCTCCAATCAGTCCCTTCAAAATCTCAGCCTAGCCAGAAATGAGA
 AGATGGAGTCAGAAAAGGACAAATATTCTGATTCCTGCTAGTTTCGTGCACTTTCTATTCTGC
 AGGCGGTCCAAGAGCTACCTGCCTTACACCTAACATGACACAGGTGAAGCAGGATGTCATATCA
 AGCTCTTGGGAGATGCCTCAAGGTGGACCTCTAGGCGAAATCTTAACGAACCTCAAGAATAGCA
 AGGACTTAAGCAAGTGCAAACCAAGGTCATATGGTTGGTTGTTGAATCTTGACCATGCACCATG
 ATTCCTCAATCCATGAAGAGCTTGACATAGATGTCCCATCATGTAGGCAAAACAATGGTCAGAAA
 AAGGTTATGACCACATTGCTTGCCCATGCATGCTTGCTATCTACATTTGTATTTCTGTTGCGT
 AGCATTTAGCTAGTTGAATTATCAGTTCTTCTGGATACGGCTGT

SEQ ID NO: 112 Zea mays Zeama_GRP8 транслювана поліпептидна послідовність

MSAEFCAAAGVAMELGVDALGLQQGIAITAPSPRSDSLGLLKRAGLTQAAAAAPYPSPFLDG
 EKMLRFSKAAHTSHSGLDFGGPGEQAFLLSRTKMPFTPSQWMELGHQALIIKYLNKAPIPSSL
 LISISKSFRSSNRVSWRPLYQGYTNADSDPEPGRCRRTDGKKWRCSTREAHGDSKYCEKHIHRGKSRSRKP

ФІГ. 10 (продовження)

VENQPKKTTKEVPAAAGSLPCAGPQGSLLKAKVNDSPKPGTVSYWADSLNRTMLSREKANKPTED
SSLLLTSTNSQPTWSLLSQLKQONKPKLGPTLENESNPDITLKAAGGNQPSHKSISSTERHDA
ESLQSVLQNLSLAQNEKMESEKDKYSDSVLVSSSTFYAGGPRATCLTPNMTQVKQDCISSSWEM
PQGGPLGEILTNSKNSKDLKCKPRSYGWLLNLDHAP

SEQ ID NO:113 Zea mays Zeama_GRP9 gi_146008475_gb_EF515848.1
послідовність нуклеїнової кислоти

GTAGGTCGTTCCGAGGTAGGTAACCGTAACCTAGCTAGCTCGTCGGGATGATGATGATGAGCGG
TCGAGCGGCCACCGCGGGCGGTACCCGTTACCGCGTCGCAGTGGCAGGAGCTGGAGCACCAG
GCGCTCATCTACAAGTGCCTGGCGTCCGGCAAGCCCATCCCGTCTACCTCATGCCACCGCTCC
GCCGATCCTCGACTCCGCCCTCGCCACGTCCGCGTCGCTCGCCGCCCTTCAGCCGCAACCCCTC
GCTGGGGTGGGGGGGCTGCTTCGGGATGGGCTTCAGCAGGAAGCCCGCCGACGAGGACCCGGAG
CCCGGGCGGTGCCGGCGCACGGACGGCAAGAAGTGGCGCTGCTCCAAGGAGGCGTACCCGGA
CCAAGTACTGCGAGAAGCACATGCACCGGGGCAAGAACCGTTCAAGAAAGCCTGTGGAATGTC
CTTGCCACGCCCGCGCGCGCGGCCCTCTCCGTCGCCACACCTCGACGTCCCCGGCGCCGCTCC
TACCACCGCCCGCGCCCGCGCGCACGACCGGTGCGGTACACGCGCCCTACGCGCCCGCGCT
ACCATCACACGCAGACGCAGGTGATGAGCCCCCTTCCACCTCCACCTCGAGACCACCCACCCGCA
CCCGCCCGCGCGCGCCCTACTACTACGCGGACAGAGGGACTACGCTACGCGCAAGGAGGTC
GGCGAGCGCGCTTCTTCTCCGACGGCGCGGGGAGAGGGACCGCCAGCAGCAGGCCCGCGGGG
AGTGGCAGTTCAAGCAGCTCGGGACGATGGAGGCGACGAAGCCGTGCCCCACCCACCGCGCT
GCTCCCCCGCGCGGGTACGGCGTCGCTCAGGCCAAGGAAGACGAGGAGGAGGAAACGCGCGG
CAGCAGCAGCAGCACTGCTTCGTTCTTGGCGCCGACCTGCGGCTGGCGGAGCGGCCGTCGGGG
CACATGACGACGCGCGCAGAAGCCGCTCCGGCATTTCTTCGACGAGTGGCCGCGACGAGAAAGG
GAGCAAGGCGGGTGGTGGATTGGGGGACTCGACGCGGAGACGACGACGCTCTCCATGTCCATC
CCGATGGCGCGCTGCCGACCTCCCCGTACCTCCCGCTACCGTACGTGA

SEQ ID NO: 114 Zea mays Zeama_GRP9 транскрибована поліпептидна
послідовність

MMMSGRAATAGRYPFTASQWQLEHQALIYKCLASGKPIPSYLMPLRLRILDSALATSPSLAA
FQPQPSLGWGGCFGMGFSRKPDEDEPEPGRCRRTDGKKWRCSKEAYPDSKYCEKHMHRGKNRSR
KPVEMSLATPAPPASSAATTSTSPAPSYHRPAPAAHDAVPYHAPYGAAYHHTQTQVMSPFHLHL
ETTHPHPPPPPPYYADQRDYAYGKEVGERAFFSDGAGERDRQQQAAGQWQFKQLGTMEATKPC
PTPTPLLPAAAGYGVGQAKEDDEEETRQQQOHCFLGADLRLAERPAGHDDAAQKPLRHFFDE
WPHEKGSKAGWWIGGLDGETTQLSMSIPMAAADLPVTSRYRT

SEQ ID NO: 115 QLQ домен
RPPFTPTQWEELEHQALIYKYMVSGVPVPPELIFSIRRS

SEQ ID NO: 116 WRC домен
DPEPGRCRRTDGKKWRCSREAYPDSKYCEKHMHRGRNRARKSLD

SEQ ID NO: 117 Oryza sativa GOS2 промотер
AATCCGAAAAGTTTCTGCACCGTTTTCACCCCTAACTAACAATATAGGGAACGTGTGCTAAAT
ATAAATGAGACCTTATATATGTAGCGCTGATAACTAGAACTATGCAAGAAAACTCATCCACC
TACTTTAGTGGCAATCGGGCTAAATAAAAAAGAGTCGCTACACTAGTTTTCGTTTTCCTTAGTAA
TTAAGTGGGAAAATGAAATCATTATTGCTTAGAATATACGTTACATCTCTGTCTATGAAGTTAA
ATTATTCGAGGTAGCCATAATTGTCATCAAACTCTTCTGAATAAAAAAATCTTTCTAGCTGAA
CTCAATGGGTAAAGAGAGAGATTTTTTTAAAAAATAGAATGAAGATATTCTGAACGTATTGG
CAAAGATTTAAACATATAATTATATAATTTTATAGTTTGTGCATTCTGCATATCGCACATCATT
AAGGACATGTCTTA

ФІГ. 10 (продовження)

CTCCATCCCAATTTTTATTAGTAATTAAGACAATTGACTTATTTTTATTATTTATCTTTTTT
 CGATTAGATGCAAGGTACTTACGCACACACTTTGTGCTCATGTGCATGTGTGAGTGCACCTCCT
 CAATACACGTTCAACTAGCAACACATCTCTAATATCACTCGCCTATTTAATACATTTAGGTAGC
 AATATCTGAATTCAAGCACTCCACCATCACCAGACCCTTTAATAATATCTAAAATACAAAAA
 ATAATTTTACAGAATAGCATGAAAAGTATGAAACGAACTATTTAGGTTTTTCACATACAAAAA
 AAAAAGAATTTTGCTCGTGCAGCGAGCGCAATCTCCCATATTGGGCACACAGGCAACAACAGAG
 TGGCTGCCCACAGAACAACCCACAAAAAACGATGATCTAACGGAGGACAGCAAGTCCGCAACAA
 CCTTTTAACAGCAGGCCTTGCGGCCAGGAGAGAGGAGGAGGAGGCAAGAAAAACCAAGCATCCTC
 CTTCTCCCATCTATAAATTCCTCCCCCTTTTCCCCTCTCTATATAGGAGGCATCCAAGCCAAG
 AAGAGGGAGAGACCAAGGACACGCGACTAGCAGAAGCCGAGCGACCGCCTTCTCGATCCATAT
 CTTCCGGTCGAGTTCCTGGTTCGATCTCTCCCTCCTCCACCTCCTCCTCACAGGGTATGTGCCT
 CCCTTCGGTTGTTCTTGGATTTATTGTTCTAGGTTGTGTAGTACGGGCGTTGATGTTAGGAAAG
 GGGATCTGTATCTGTGATGATTCTGTCTTGGATTGGGATAGAGGGGTTCTTGATGTTGCAT
 GTTATCGGTTTCGGTTTGATTAGTAGTATGGTTTTCAATCGTCTGGAGAGCTCTATGGAATGAA
 ATGGTTTAGGGATCGGAATCTTGCGATTTTGTGAGTACCTTTTGTGAGGTAAAATCAGAGCA
 CCGGTGATTTTGCTTGGTGTAAATAAGTACGGTTGTTGGTCTCGATTCTGGTAGTGCTT
 CTCGATTTGACGAAGCTATCCTTTGTTTATTCCCTATTGAACAAAAATAATCCAACCTTTGAAGA
 CGGTCCCGTTGATGAGATTGAATGATTGATTCTTAAGCCTGTCCAAAATTCGCAGCTGGCTTG
 TTTAGATACAGTAGTCCCATCACGAAATTCATGGAAACAGTTATAATCCTCAGGAACAGGGGA
 TTCCCTGTTCTTCCGATTGCTTTAGTCCAGAAATTTTTTTTCCCAAATATCTTAAAAAGTCAC
 TTTCTGGTTTCAGTTCAATGAATTGATTGCTACAAATAATGCTTTTATAGCGTTATCCTAGCTGT
 AGTTTCAGTTAATAGGTAATACCCCTATAGTTTAGTCAGGAGAAGAACTTATCCGATTTCTGATC
 TCCATTTTAAATTATATGAAATGAAGTGTAGCATAAGCAGTATTCATTTGGATTATTTTTTTTA
 TTAGTCTTCACCCCTTCATTATTCTGAGCTGAAAGTCTGGCATGAAGTCTCAATTTTGTGTT
 TCAAATTCACATCGATTATCTATGCATTATCCTCTGTATCTACCTGTAGAAGTTTCTTTTGG
 TTATTCCTTGACTGCTTGATTACAGAAAGAAATTTATGAAGCTGTAATCGGGATAGTTTACTG
 CTTGTTCTTATGATTCAATTCCTTTGTGCAGTTCTTGGTGTAGCTTGCCACTTTCACCAGCAAA
 GTTC

SEQ ID NO: 118 prml0010

GGGGACAAGTTTGTACAAAAAAGCAGGCTTAAACAATGATGAGTCTAAGTGGAAGTAG

SEQ ID NO: 119 prml0011

ggggaccactttgtacaagaagctgggtagctctacttaattagctaccag

SEQ ID NO: 120 Arabidopsis thaliana Arath_SYT1 послідовність
 нуклеїнової кислоти (AY102639)

ATGCAACAGCACCTGATGCAGATGCAGCCCATGATGGCTGGTTACTACCCAGCAATGTTACCT
 CTGATCATATCCAACAGTACTTGGACGAAAACAAATCGTTGATTCTGAAGATTGTTGAGTCTCA
 AAACCTCTGGAAGCTTAGCGAATGCGCCGAGAATCAAGCAAGGCTTCAACGCAACCTAATGTAC
 CTAGCTGCAATAGCAGATTCTCAGCCTCAGCCACCAAGTGTGCATAGCCAGTATGGATCTGCTG
 GTGGTGGGATGATTACGGGAGAAGGAGGGTCACACTATTTGCAGCAGCAACAAGCGACTCAACA
 GCAACAGATGACTCAGCAGTCTCTAATGGCGGCTCGATCTTCAATGTTGTATGCTCAGCAACAG
 CGGCAGCAGCAGCCTTACGCGACGCTTCAGCATCAGCAATCGCACCATAGCCAGCTTGGAAATGA
 GCTCGAGCAGCGGAGGAGGAGGAAGCAGTGGTCTCCATATCCTTCAGGGAGAGGCTGGTGGGTT
 TCATGATTTTGGCCGTGGGAAGCCGAAATGGGAAGTGGTGGCGGTGAAGGCAGAGGAGGA
 AGTTCAGGGGATGGTGGAGAAACCTTTACTTGAAATCATCAGATGATGGGAATTGA

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 121 Arabidopsis thaliana Arath_SYT1 поліпептидна послідовність трансльованого поліпептиду

MQQHLMQMOPMAGYYPSNVTSQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENQARLQRLNLMY
LAAIADSQPQPPSVHSQYGSAGGGMIOGEGGSHYLQOOQATQOOQMTQOQSLMAARSSMLYAQQQ
RQQQPYATLQHQQSHHSQGLMSSSSGGGGSSGLHILQGEAGGFHDFGRGKPEMGSGGGGEGRG
SSGDGGETLYLKSSDDGN

SEQ ID NO: 122 Arabidopsis thaliana Arath_SYT2 послідовність нуклеїнової кислоти (AY102640)

ATGCAGCAGCAGCAGTCTCCGCAAATGTTTCCGATGGTTCCGTCGATTCCCCCTGCTAACAACA
TCACTACCGAACAGATCCAAAAGTACCTTGATGAGAACAAGAAGCTGATTATGGCCATCATGGA
AAACCAGAATCTCGGTAAACTTGCTGAGTGCGCCAGTACCAAGCTCTTCTCCAGAAGAACTTG
ATGTATCTTGCTGCAATTGCTGATGCTCAACCCCCACCACCTACGCCAGGACCTTCACCATCTA
CAGCTGTCTGCTGCCCAGATGGCAACACCGCATTCTGGGATGCAACCACCTAGCTACTTTCATGCA
ACCCCAACAAGCATCCCCCTGCAGGGATTTTCGCTCCAAGGGTCTTTACAGTTTGGTAGCCCA
CTCCAGTTTTCAGGATCCGCAACAGCAGCAGCAGATACATCAGCAAGCTATGCAAGGACACATGG
GGATTAGACCAATGGGTATGACCAACAACGGGATGCAGCATGCGATGCAACAACCAGAAACCGG
TCTTGGAGGAAACGTGGGGCTTAGAGGAGGAAAGCAAGATGGAGCAGATGGACAAGGAAAAGAT
GATGGCAAGTGA

SEQ ID NO: 123 Arabidopsis thaliana Arath_SYT2 трансльована поліпептидна послідовність

MQQQQSPQMFPMVPSIPANNITTEQIQKYLDENKKLIMAIMENQNLGKLAECAQYQALLQKNL
MYLAAIADAQPPPTPGPSPSTAVAAQMATPHSGMQPPSYFMQHPQASPAQIFAPRGPLQFGSP
LQFQDPQQQQIHQQAMQGHMGIKPMGMTNNGMQHAMQQPETGLGQNVGLRGGKQDGADGQKGD
DGK

SEQ ID NO: 124 Arabidopsis thaliana Arath_SYT3 послідовність нуклеїнової кислоти (AY102641)

ATGCAGCAATCTCCACAGATGATTCCGATGGTTCTTCTTCATTTCGCCCCACCAATAATATCA
CCACCGAACAGATCCAAAAGTATCTTGATGAGAACAAGAAGCTGATAATGGCGATCTTGAAAA
TCAGAACCTCGGTAAACTTGCAAGTGTGCTCAGTATCAAGCTCTTCTCCAGAAGAATTTGATG
TATCTCGCTGCAATTGCGGATGCTCAACCTCAGCCACCAGCAGCTACACTAACATCAGGAGCCA
TGACTCCCCAAGCAATGGCTCCTAATCCGTCAATGCAGCCACCACCAAGCTACTTTCATGCA
GCAACATCAAGCTGTGGGAATGGCTCAACAAATACCTCCTGGGATTTTCCCTCCTAGAGGTCCA
TTGCAATTTGGTAGCCCGCATCAGTTTCTGGATCCGCAGCAACAGTTACATCAACAAGCTATGC
AAGGGCACATGGGGATTAGACCAATGGGTTTGAATAATAACAACGGAAGTCAACATCAAAATGCA
CCACCATGAACTGCTCTTGCCGCAACAATGCGGGTCTAACGATGCTAGTGGAGGAGGTA
CCGGATGGGACCAATATGAGCCAGAGTGGAGCTGATGGGCAAGGTGGCTCAGCCGCTAGACATG
GCGGTGGTGTGCAAAAACCTGAAGGAAAATGA

SEQ ID NO: 125 Arabidopsis thaliana Arath_SYT3 трансльована поліпептидна послідовність

MQQSPQMIPMVLPSFPPTNNITTEQIQKYLDENKKLIMAILLENQNLGKLAECAQYQALLQKNLM
YLAIIADAQPPPAATLTSGAMTPQAMAPNPSSMQPPPSYFMQHQAVGMAQQIIPPGIFPPRGP
LQFGSPHQFLDPQQQLHQAMQGHMGIKPMGLNNNNGLQHQMHHHETALAANNAGPNDASGGGK
PDGTNMSQSGADGQGGSAARHGGGDAKTEGK

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 126 *Allium cepa* Allce_SYT2 послідовність нуклеїнової кислоти CF437485

ATGCAGCAGCCGCGAGCCAGCGATGGGAACCATGGGCTCGGTGCCACCTACTAGCATCACCACCG
AACAGATTCAAAGGTACTTGGATGAGAACAAACAGTTAATATTGGCAATTTGGATAATCAAAA
TTTAGGAAGACTGAATGAGTGTGCTCAATATCAAGCTCAGCTTCAAAAGAACTGTCTTTACCTG
GCAGCAATAGCTGATGCTCAGCCTCAGTCTCCTGCGGTGCGTCTGCAGATGATGCCTCAAGGTG
CAGCTGCCACGCCTCAAGCTGGAACCAATTTATGCAGCAGCAGAGCCCTAATTTCCCTCCCAA
AACAGGAATGCAATTTACTCCTCAACAAGTACAAGAATTGCAGCAGCAACAGCTACAACATCAG
CCACATATGATGCCTCCATTTCAAGGTCAAATGGGTATGAGACCTATGAATGGAATGCAGGCAG
CAATGCATGCAGATTATCTCTTGCTTATAACACTAACAATAAGCAAGATGCAGGAAACGCAGC
TTATGAAAATACTGCTGCCAACACAGATGGTTCCATTTCAAAAGAAAACAGCAAATGATGATTTA
GACCTTCTGCAGCAAACCTAGAAAGGTCTGAAGATGCCAAATCATCATGA

SEQ ID NO: 127 *Allium cepa* Allce_SYT2 трансьована поліпептидна послідовність

MQQPQFAMGTMGSVPPTSITTEQIQRYLDENKQLILAILDNQNLGRLNECAQYQAQLQKNLLYL
AAIADAQPQSPAVRLQMPQGAATPQAGNQFMQQQSPNFPFKTGMQFTPQQVQELQQQLQHQ
PHMMPFQGMGMRPMNGMQAAMHADSSLAYNTNNKQDAGNAAAYENTAANTDGSIQKKTANDDL
DPSAANPRRSEDAKSS

SEQ ID NO: 128 *Aquilegia formosa* x *Aquilegia pubescens*
Aqifo_SYT1 послідовність нуклеїнової кислоти DT758802.1

ATGCAACACATGCAGATGCAGCCCATGATGCCACCTTATAGTGCCAACAGCGTCACTACTGATC
ATATCCAACAGTACTTGGATGAAAATAAGGCGTTGATTCTGAAGATACTTGAGAACCAAAATTC
GGGAAAAGTTAGTGAATGTGCAGAGAACCAAGCAAGACTTCAACGAAATCTTATGTATCTGGCT
GCAATTGCTGATTCTCAACCACAGCCTCCCAATATGCATGCTCAGTACTTAATGCGGGTATAC
CACCTGGTGACATTACCTACAACACCAACAGGCCCAACAGATGACACAACAGTCGCTCATGGC
TGCTCGATCAAATATGCTGTATGCTCAGCCAATCACAGGAATGCAGCAACAGCAAGCAATGCAT
AGCCAGCTTGGCATGAGCTCTGGTGGTAACAGTGGACTCCACATGATGCACAATGAGGGCAGCA
TGGGAGGTAGTGGGGCACTTGGAAAGCTATTCTGATTATGGCCGTGGCAGTGGTGGTGAAGTAAC
TATCGTAGCAAACAAGATGGTGAAGTGGTTCTGGTGAAGGACGAGGTGGAAACTCTGGAGGC
CAAAGTGCAGATGGAGGTGAATCTCTTTACCTGAAAAACAGTGACGAAGGGAACATA

SEQ ID NO: 129 *Aquilegia formosa* x *Aquilegia pubescens*

Aqifo_SYT1 трансьована поліпептидна послідовність

MQHMQMPMPYPYSANSVTTDHIQQYLDENKALILKILENQNSGKVSECAENQARLQRNLMYLA
AIADSQPPPNMHAQYSNAGIPPAHYLQHQAQQTQQSLMAARSNMLYAQPITGMQQQQAMH
SQLGMSSGGNSGLHMHNEGSMGGSGALGSYSDYGRSGGGVTIASKQDGGSGSGEGRGNSGG
QSADGGESLYLKNSDEGN

SEQ ID NO: 130 *Aquilegia formosa* x *Aquilegia pubescens*
Aqifo_SYT2 послідовність нуклеїнової кислоти DT758802.1

ATGCAGCAACCTCCGCAATGATGAACATGGTCCCACCATTTCTCTCTACTAACATTACAACCTG
AACAGATTCAAAGTATCTGGATGAGAACAAAACACTGATTTTGGCAATATTAGACAATCAGAA
TCTTGGAAAATTAGCCGAATGTGCTCAGTACCAAGCTCAGCTTCAGAAGAATCTGATGTATCTT
GCTGCAATTGCTGATGCCAACCGCAAGCTCCTGCAGTTCCTCTCAGATGCCAACACATCCGG
CAATGCAACAGGGAGGACATTATATGCAACATCCGCAAGCAGCTATGCCTCAACAGCCCAGTGG
TTTTCCACCCAAGTCCCCATGCAATTTAACCTCAGCAAATGCAAGAGCAGCAACGGCTGCAG
CTACAACAGCAA

ФІГ. 10 (продовження)

CACCAACAGGCACTTCAAGGTCATATGGGCATTCGACCTGGAGTCAACAATGGTTTGCAATGC
ATGGGGATGGTAATGTTGGAGGCAGCAGCGGTGGCCCATCATCAACCGGTAACCTACCTGA
TTTCTCACGCAGTGGTGCCGGTCTGGTGCTGGTTCTAGTTCAATTGGATGCACGGGAAGGTAAG
CAAGATGGAGTGAAGCGGGTGCTGGTGATGGTCAAGGCAATTCAGCAGCCAGAAATAATGGTT
CAAATGGGGATACATG

**SEQ ID NO: 131 Aquilegia formosa x Aquilegia pubescens
Aqufo_SYT2 транслювана поліпептидна послідовність**

MQQPPPMNMVPPFPPTNITTEQIQKYLDENKTLILAILDNQNLGKLAECAYQAQLQKNLMYL
AAIADAQPQAPAVPSQMPHPAMQQGGHYMQHPQAAMPQQPSGFPPKSPMQFNPQQMQEQQLQ
LQQQHQQALQGHMGIRPGVNNGLQMHGDNVGGSSSGGPSSTGNLPDFSRGAGPGAGSSSLDA
REGKQDQVEAGAGDQGN SAARNNGSNGDT

**SEQ ID NO: 132 Aspergillus officinalis Aspo SYT1 послідовність
нуклеїнової кислоти (CV287542)**

ATGCAGCAGCACCTGATGCAGATGCAGCCCATGATGGCAACCTACGGTTACCGAATCAGGTCA
CCACCGATATCATTACAGCAGTATCTGGACGAGAACAAGCAGTTGATTCTGGCTATTCTTGAAAA
CCAAAATTACAGAAAAGCTGATGAATGTGCTGAGAATCAGGCTAAGCTTCAGAGGAATCTGATG
TATCTTGCAGCCATTGCGGATAGCCAGCCCCAAGTTCTTACCATTGCTCAGTATCCTCCCAACG
CTGTTGCTGCTATGCAATCGAGTGCTCGCTACATGCAACAACACCAAGCAGCTCAACAGATGAC
CCCTCAATCTCTCATGGCTGCTCGCTCCTCAATGCTCTACTCACAGTCCCCAATGTCTGCACTC
CAGCAGCAACAGCAGCAAGCAGCAATGCATAGCCAGCTCGCCATGAGCTCCGGAGGCAACAACA
GCAGCACCGGAGGATTACCACTTCTCATGGTGAAGCTAGCATAGGAGGCAATGGCTCAATGAA
TTCTGGTGGAGTCTTTGGAGATTTTGGACGGAGCAGCGGTGGGAAGCAAGAGACTGGGAGCGAA
GGGCACGGGACAGAGACTCCTATGTACCTGAAAGGCTCTGAAGAAGAAGGAAACTGA

SEQ ID NO: 133 Aspergillus officinalis Aspo SYT1 polypeptide
MQQHLMQMPPMATYGSNPQVTTDIIQQYLDENKQLILAILENQNSGKADECAENQAKLQRLNM
YLAAIADSQPQVPTIAQYPPNAVAMQSSARYMQQHQAQQMTPQSLMAARSSMLYSQSPMSAL
QQQQQQAAHMSQLAMSSGGNNSSTGGFTILHGEASIGNGSMNSGGVFGDFGRSSGGKQETGSE
GHGTETPMYLKGSEEEGN

**SEQ ID NO: 134 Beta vulgaris Betvu_SYT2 послідовність
нуклеїнової кислоти контигу BQ594749.1, BQ594658.1**

Atgcagcaacaatcacctcaaatgttcaaccacccaccttcacaaccacacaattactaccgaac
aaattcaaaagtatcttgatgagaacaagcagttgattttggcaattatggaaagtcaaaactc
tggaataaatgaatgaatgtgccagtatcaagctcagctgcagaaaaacttgatgtacttggt
gcaattgctgatgctcagccaccagcacctacaggccctctcagctcagccgcagaattctc
agatgcctatgcaatcgaccattccacaaggcccttttatgccgcctcctaaacctgcagttac
cccacagcaaacaggtcccagattgccctttgctctacagtcgtttgatcagcagtcaccccat
atgcaaatgcaataccaacagtcctatggcaggtccatgggtatgagaatgggtgggaataatg
ttttacgccccttccatccagaccggatattggagctccaacacattttatggatgcacggaacag
acaagatggttctgacgcaagtctcgtgatgatcatggaaagtaa

**SEQ ID NO: 135 Beta vulgaris Betvu_SYT2 транслювана
поліпептидна послідовність**

MQQQSPQMFNPPSQPTITTEQIQKYLDENKQLILAIMESQNSGKMNECAQYQAQLQKNLMYLA
AIADAQPAPARTGPSQSQPQNSQMPMQSTIPQGPFPMPKPAVTPQQTGPRLPFALQSFDQQSPH
MQMQYQQSMAGSMGMRMGNNVLRPSIQTYGAPTHFMDARNRQDGSASLGDDHGK

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 136 *Brachypodium distachyon* SYT3 послідовність нуклеїнової кислоти DV480064.1

ATGCAGCAGGCGATGTCCATGTCCCCGGGTCGGCCGGCGCGGTGCCGCCTCCGGCCGGCATCA
CCACAGAGCAGATCCAAAAGTATTTGGATGAAAATAAGCAACTTATTTGGCCATCCTGGAAAA
TCAGAACSTAGGAAAGTTGACTGAATGTGCTCAGTATCAAGCTCAACTTCAGAAGAATCTCTTG
TATCTGGCTGCCATTGCGGATGCCCAACCACCACAGAACCCTGGAAGTCGCCCCCAGATGGTGC
AGCCTGGTGGTATGCCAGGTGCAGGGCATTACATGTCGCAAGTACCAATGTTCCCTCCAAGAAC
CCCTTTAACCCCAACAGATGCAAGAGCAACAGCACCAGCAGCTTCAGCAGCAGCAAGCAGAG
GCTCTTGCTTTCCCCAGCCAGATGGTCATGAGACCAGGTACTGTGAACGGCATGCAGCCTATGC
AAGCTGATCTCCAAGCAGCAGCAGCAGCACCTGGCCTGGCAGACAGCCGAGGAAGTAAGCAGGA
CGCAGCGGTAGCTGGGGCCATCTCGGAACCTTCTGGCACCCGAGAGTCACAAGAGTACAGGAGCG
GATCATGAGGCAGGTGGCGATGTAGCTGAGCAATCTTAA

SEQ ID NO: 137 *Brachypodium distachyon* SYT3 транслювана поліпептидна послідовність polypeptide

MQQAMSMSPGSAGAVPPPAGITTEQIQKYL DENKQLILAIL ENQN LKGLTECAQYQAQLQKNLL
YLA AIADAQPPQNPGRPQMVPQPGMPGAGHYMSQVPMFPPTPLTPQMQEQQHQLQQQQAQ
ALAFPSQMVMPRTVNGMQPMQADLQAAAAAPGLADSRGSKQDAVAGAISEPSGTESHKSTGA
DHEAGGDVAEQS

SEQ ID NO: 138 *Brassica napus* SYT1 послідовність нуклеїнової кислоти (CD823592)

ATGCAGCCCATGATGGCTGGTTACTACCCAGCAATGTCACTCTGATCATATCCAGCAGTACT
TGGATGAGAACAAAGTCTTTGATTCTGAAGATAGTTGAGTCTCAAACTCAGGAAAGCTCAGCGA
GTGTGCCGAGAATCAGGCAAGGCTTCAACGCAACCTCATGTACTTGGCTGCAATAGCAGATTCT
CAGCTCAACCTCCAAGCGTGCATAGCCAGTATGGATCTGCTGGTGGTGGGTTGATTAGGGAG
AAGGAGCGTCACACTATTTGCAGCAGCAACAGGCGACTCAACAGCAGCAGATGACTCAGCAGTC
TCTTATGGCAGCTCGTTCTTCAATGATGTATCAGCAGCAGCAACAGCCTTATGCAACGCTTCAG
CATCAGCAGTTGCACCATAGCCAGCTTGGGATGAGCTTAGCAGCGGAGGAGGAAGCAGTGGTC
TCCATATCCTTTCAGGAGAGGCTGGTGGGTTTCATGAATTTGGCCGTGGGAAGCCGGAGATGGG
AAGTGGTGAAGGCAGGGGTGGAAGCTCAGGGGATGGTGGAGAAACACTCTACTTGAAGTCATCA
GATGATGGGAACCTGA

SEQ ID NO: 139 *Brassica napus* SYT1 транслювана поліпептидна послідовність

MQQHLMQMMPMAGYYPSNVTSDHIQQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENQARLQRNLMY
LAAIADSQPPPSVHSQYGSAGGGLIQGEGASHYLQQQQAATQQQQTQQQSLMAARSSMMYQQQQ
QPYATLQHQLHHSQ LGMSSSSGGSSGLHILQGEAGGFHEFGRGKPEMGSGEGRGSSGDGGE
TLYLKSSDDGN

SEQ ID NO: 140 *Brassica napus* SYT2 cDNA CN732814

ATGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCCTCCGCAAATGTTTCCGATGGCTCCTTCGATGC
CGCCAACTAACATCACCACCGAACAGATCCAAAAGTACCTTGAGGAGAACAGAAGCTGATAAT
GGCAATCATGGAATAATCAGAATCTTGGCAAGCTTGCAAGTGTGCACAGTACCAAGCTCTTCTC
CAGAAGAACTTAATGTACCTCGCTGCTATTGCTGATGCTCAACCTCCTCCATCTACCGCTGGAG
CTACACCACCACAGCTATGGCTTCCAGATGGGGGCACCGCATCCTGGGATGCAACCGCCGAG
CTACTTTATGCAACACCCACAAGCTTCAGGGATGGCTCAACAAGCACCCCGCTGGTATCTTC
CCTCCGAGAGGTCTTTGCAGTTTGGTAGCCACACAGCTTCAGGATCCGCAACAGCAGCATA
TGATCAACAGGCTATGCAAGGACACATGGGGATGCGACCAATGGGTATCAACAACAACATGG
GATGCAGCATCAGATGCAGCAACAACAACAGAAAACCTCTCTTGAGGAAGCGCTGCAACCTG
GGGCTTAGAGGTGGAAGCAAGATGGAGCAGATGGACAAGGAAAAGATGATGGCAAATGA

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO : 141 Brassica napus SYT2 polypeptide

MQQHLMQMPPMAGYYPSNVTS DHIQQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENQARLQRLNLMY
 LAAIADSQPQPPSVHSQYGSAGGGLIQGEGASHYLQQQQATQQQQMTQQSLMAARSSMMYQQQQ
 QPYATLQHQLHHSQ LGMSSSSGGSSGLHLIQGEAGGFHEFGRGKPEMGSGEGRGSSGDGGE
 TLYLKSSDDGN

**SEQ ID NO: 142 Chlamydomonas reinhardtii Chlre_SYT послідовність
 нуклеїнової кислоти контигу BQ814858, jgi_Chltre3_194013 estExt
 fgenesh2_pg.C_510025**

ATGGCGGCAGCCTCAAAACCTCCACCGATGACGACCGACAAAATACAAGACATGCTGGAGGAGA
 ATTTCAAGTTTCATTAAAGCCATTGCCGAGCAGCAAACTTGGGCCGGGTTCAGAAGTGACCA
 GTACCAGCAGAAGCTGCAGGAGAACCTGATGCTGCTGGCCGAGTGCGAGACACCTACTCCAAC
 TCAGCAGCAGCAGCACAGCCGGGGGAGAAGCTGGCGCAGCCGACCCGCGGCGGCCACGGCAC
 GACCAACCCACCGCGCTGGAGCGCCGCTGGGGGCACCGGGAGCACCGCCCGCGCGCTCCGGC
 TCTCACACCACAGCAGATCCACGCGCCGTGCAGCAGGCACTGGCCATGAAGCAGCAGCAGCAG
 CAGCAGCAGCAGCAACAGCCGAGCAGCCGAGCAGTCCGGCGGTGGCGCAGTACCAGCAACCGC
 CTCAAGCGGGGCTGCCCATACCGGGCGGGATGGCGCCCGGCAAGGCGCGCCGAGGCTTAC
 GCTACCGGCGCCACCGCCCCTGAACCTAGCCGGGCAGTAG

**SEQ ID NO: 143 Chlamydomonas reinhardtii Chlre_SYT транслювана
 поліпептидна послідовність**

MAAASKPPPMTTDKIQDMLLEENFKFIKAI AEQQNLGRVQEVHQYQQKLQENLMLLAADVADTYSN
 SAAAAQPPGGEAGAAAPAAATARPPTAPGAPLGAPGAPPPAAPALTPOQIHAAVQQALAMKQQQQ
 QQQQQPPQPPQSSAVAQYQPPQAGLPPIPGMAPGQGAPPGFTLPAPPPLNLAGQ

**SEQ ID NO : 144 Citrus sinensis Citsi_SYT1 послідовність
 нуклеїнової кислоти (CB290588)**

ATGCAACAGCACCTGATGCAGATGCAGCCCATGATGGCAGCTTATTATCCCAACAACGTCACTA
 CTGACCACATTTCAACAGTATCTAGATGAGAACAATCATTGATTTGAAGATTGTTGAGAGCCA
 GAATTCAGGGAAACTGAGCGAGTGTGCAGAGAACCAGGCAAGATTGCAGCGGAATCTCATGTAC
 CTGGCTGCTATTGCTGATGCTCAACCCCAACCACCTAGCGTTCATGCCCAGTTCTCTTCTGGTG
 GCATTATGCAGCCAGGAGCTCACTATATGCAACACCAGCAATCTCAGCCAATGACACCACAGTC
 ACTTATGGCTGCAGCTCATCCATGGTGTACTCTCAACAGCAATTTTCAGTGCTTCAGCAACAG
 CAAGCCTTGATGGTCAGCTTGGCATGAGCTCTGGTGGTAGCTCAGGACTTCACATGCTGCAAA
 GTGAGGGTAGTACTGCAGGAGGTAGTGGTTCACTTGGGGGTGGGGGATTCCCTGATTTTGGCCG
 TGGCTCATCTGGTGAAGGCTTGCACTCAAGGGGAATGGGGAGCAAGCATGATATAGGCAGTTCT
 GGATCTGCTGAAGGACGAGGAGGAGCTCAGGAAGCCAAGATGGAGGCGAAACTCTTACTTGA
 AAGGGGCTGATGATGGAAATTAA

**SEQ ID NO : 145 Citrus sinensis Citsi_SYT1 транслювана
 поліпептидна послідовність**

MQQHLMQMPPMMAAYYPNNVT TDHIQQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENQARLQRLNLMY
 LAAIADAQPQPPSVHAQFSSGGIMQPGAHYMQHQQSQPMTPOSLMAARSSMVYSQQQFSVLQQQ
 QALHGQLGMSSGGSSGLHMLQSEGSTAGGSGSLGGGFPDFGRGSSGEGLSRGMGSKHDIGSS
 GSAEGRGGSSGSQDGGETLYLKGADDG

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO : 146 Citrus sinensis Citsi_SYT2 послідовність нуклеїнової кислоти CV717501

ATGCAGCAGCCACCGCAAATGATCCCTGTTATGCCTTCATTTCCACCCACCAACATCACCACAG
AGCAGATTCAAAAGTACCTTGATGAGAACAAGTTGATTTTGGCAATTTTGGACAATCAAAA
TCTTGGAAAGCTTACAGAATGTGCCACTATCAAGCTCAGCTTCAAAGAATTTAATGATTTA
GCTGCAATTGCTGATGCACAACCACAAGCACCAACATGCCTCCTCAGATGGCTCCACATCCTG
CAATGCAAGCTAGTGGGTATTACATGCAACATCCTCAGGCGGCAGCAATGGCTCAGCAACAAGG
AATCTTTCCCAAAAGATGCCATTACAATTCAATAACCTCATCAACTACAGGATCCTCAACAG
CAGCTACACCAACATCAAGCCATGCAAGCACAATGGGAATGAGACCGGGTGCCACTAACAATG
GTATGCATCCCATGCATGCTGAAAGCTCTCTTGGAGGTGGCAGCAGTGGAGGACCCCTTCAGC
ATCAGGCCCAGGTGACATACGTGGTGGAAATAAGCAAGATGCCTCGGAGGCTGGGACTACTGGT
GCTGATGGCCAGGCAGTTCGGCTGGTGGGCATGGTGGGGATGGAGAGGAGGCAAAGTGA

SEQ ID NO : 147 Citrus sinensis Citsi_SYT2 транслювана поліпептидна послідовність

MQQPPQMIPVMPSPPTNITTEQIQKYLDENKKLILAILDNQNLGKLTECAHYQAQLQKNLMYL
AAIADAQPQAPTMPPQMAPHPAMQASGYMQHPQAAAMAQQQGIFFQKMPQLQFNNPHQLQDPQQ
QLHQHQAMQAMGMRPGATNNGMHPMHAESSLGGSSGGPPSASGPGDIRGNGKQDASEAGTTG
ADGQGSSAGGHGGDGEEAK

SEQ ID NO: 148 Cryptomeria japonica Cryja_SYT1 послідовність нуклеїнової кислоти TA3001_3369_2

atgcagcagcatctcatgcaaatgcagccgatgatggcagcagcttacgcttctaacaacatta
ccactgatcacattcaaaagtacttggatgagaacaagcagttgatattagcaattatggacaa
tcaaaatctgggaaagcttaaatgaatgtgcacagtaccaagcaaaacttcaacagaacttgatg
tatctagctgctattgctgattctcagcctcaagttccggctgcacatgctcagattcctccta
atgcggttgctcagctctgggtgggttttcatgcagcaccagcaagcacagcagcaagttactcc
tcagtctcttatggcagctagatcttccatgttgataccagcagccgatgggtgctttgcat
caagcccagcagcagcagcaacaacaatctcttcacagccatcttggtataagttctggaggaa
gcaatggcttgacatggttgcatggtgaagcaaacatgggaggtaacgggctctctcatctgg
aggcttccctgacttttcacgtggaactggggcctctggtgaaggcattcaggccaataggggc
atgtgtatagatcgtggtgcaaataagcatgatggcgctggaacggagaatgctcatccaggcc
caggggatgggcgagggagttcgactggaggccagaatacagatgggtcagaacaatcatacct
gaaagcctcagaagaggggaactag

SEQ ID NO: 149 Cryptomeria japonica Cryja_SYT1 транслювана поліпептидна послідовність

MQQHLMQMMPMAAAYASNNITTDHIQKYLDENKQLILAIMDNQNLGKLNECAQYQAKLQQNLM
YLAATADSQPQVPAHAHQIPNAVVSGLFMQHQAQQQVTPQSLMAARSSMLYTQQPMAALH
QAQQQQQQSLHSHLGISSGGSNGLHMLHGEANMGGNGPLSSGGFPDFSRGTGASGEGIQANRG
MCIDRGANKHKGAGTENAHPPGDRGSSTGGQNTDGEQSYLKASEEGN

SEQ ID NO: 150 Curcuma longa Curlo_SYT2 послідовність нуклеїнової кислоти TA2676_136217

ATGCAGCAATCTCCACATTGCTAGCCCCATGTCAGCAGCCCCTGTTGCGAATATTACAACAG
AACAATTTCAAAAGTACTTGGATGAGAATAAGCAGCTCATTTTGGCAATATTGGAAAATCAGAA
CCTTGGGAAATTGGCTGAATGTGCTCAGTACCAAGCGCAGCTTCAGAAAAATCTACTTTATCTT
GCTGCAATTGCTGATGCTCAACCTAATGCACCTGCAGTTTCGTCCCAGCAGATCATGCCACACG
GTACGATA

ФІГ. 10 (продовження)

CCACAGGGAAGCCCTTTCATGCAACAATCACCCATCTTCCCTCGAGGTCTCTCCATATAATC
CTCAACAAATGCAAGGGCAGCTACATCCCCAACCCAGGAATGGTGTTCAGGCCATATGGG
CATTAGGCCCCGGCGCTGTCAACGGCTTACATGGCTCGCATACTGAACCATCTCATGGTGGCACT
GCTAATCCCCTCACAACCTCCAAGCTTGTCTGGATTCCACCAACCAACTCAGATGGACGTGGGA
GTAAAGCAAGAAGCCGGCATCGCCATGGTACCTGCCGTAGCTGAGAGCCACAGGAACCTCAGGAAG
TGAGCCTGTCTAGTGGGGATGCTGATCAATCACATGCTAAAAGACCAGAGGATACAAAGACACCA
TGA

**SEQ ID NO: 151 Curcuma longa Curlo_SYT2 транслювана
поліпептидна послідовність**

MQQSPHSLAPMSAAPVANITTEQIQKYLDENKQLILAILENQNLGLAECAQYQALQKNLLYL
AAIADAQPNAPAVRPQQIMPHGTIPQGSPPMQQSPIFPRGPLPYNPQQMQQLHPQPPGMVFP
HMGIRPGAVNGLHGSHTEPSHGGTANPLTTPSLSGFPPTNSDGRGSKQEAGIAMVPAVAESHRN
SGSEFVSGDADQSHAKRPEDTKTP

**SEQ ID NO: 152 Euphorbia esula Eupes_SYT2 послідовність
нуклеїнової кислоти DV144834**

ATGCAGCAGCAACCGCAGATGATGCCTATGATGCCTTCATATCCACCAGCAAACATTACCACGG
AGCAAATCCAAAAGTATCTTGATGAAAATAAAAAATGATTTTGCGCATCTTGGATAATCAAAA
TCTTGAAAACTCGCTGAGTGTGCACAGTATCAAGCCCTGCTGCAAAAAAATCTGATGATTTA
GCCGCAATTGCTGATGCACAACCCAGACCCACCCATGCCACCTCAGATGTCCCCACATCCGG
CTATGCAACAAGGAGCATATTACATGCAACATCCTCAGGCTGCAGCAGCAGCAATGGCTCATCA
GTCCGGGTATTTTCCCAACAAAGATGTCTCCGTACAATTCAATAATCCTCATCAAAATACAGGAC
CCCCAGCAGTTACATCAAGCAGCCCTCCAAGGGCAAATGGGAATGAGGCCCATGGGGCCCAATA
ACGGGATGCATCCGATGCACCCCGAGGCAAATCTTGGAGGATCTAATGATGGTCTGGAGGAAA
CAAACAGGATGCTCCGGAGACGGGAGCATCGGGAGGTGATGGGCAAGGCAATTCTGGTGGTGAT
GGGGCTGAAGATGGGAAATGA

**SEQ ID NO: 153 Euphorbia esula Eupes_SYT2 транслювана
поліпептидна послідовність**

MQQQPQMMPMPSYPPANITTEQIQKYLDENKLLILAILDNQNLGLAECAQYQALLQKNLMYL
AAIADAQPQTTPMPQPMSPHAMQQGAYYMQHPQAAAAAMAHQSGIFPPKMSPLQFNNPHQIQD
PQQLHQAALQGQMGMRPMPGPNNGMHPMHPPEANLGGSDNDRGGNKQDAPETGASGGDQGNSGGD
GAEDGK

**SEQ ID NO: 154 Fragaria vesca Frave_SYT2 послідовність
нуклеїнової кислоти DY668312**

ATGCAGCAGCAGCCACAGCAGATGATGCCCAACATGACTTCGCTTCCTCCCAATACCATCACCA
CCGAGCAAATTCAGAAGTGCCTTGATGAGAACAAAAAGTTGATTCTAGCAATATTGGACAATCA
AAACCTTGAAAACTTGCTGAGTGTGCCCAGTACCAAACCTCAGCTTCAAAAGAATCTCATGTAT
TTAGCAGCAATTGCTGATGCACAACCAACAACCAACAAGCACCAGCAATGCCGGCCAGC
AGCTGGCCCCGCATCCTGCGATGCAACAAGCTGGATATTACATGCAGCATCCTCAGGCTGCAGC
AGCAATGGCTCAGCAACAGGGTCTTTCCCTCAAAGATGCAATGCAGTTTAATAGCCCCACAA
CAAATGCACGAGATGCAGCAGCAGTTACACCAACAGGCCATGCATGGCCAGATGGGGATGAGAC
CTGGAGGGGGCAATGGGATGCCTTCAATGCATCATACTGAGAACACCCATGGAGGAAGCAAGCA
AGACAACCTCAGAGGCTGGGGCAGGTGGTGATGGCCAGGGGAACCTCAGCCGGTGGCCACAGAAGT
GGCGACGGAGAGGACAAGTGA

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 155 *Fragaria vesca* Frave_SYT2 транслювана
поліпептидна послідовність

MQQQPQQMMPNMTSLPPNTITTEQIQKCLDENKKLILAILDNQNLGKLAECAQYQTQLQKNLMY
LAAIADAQPQPQPAPAMPAQQLAPHPAMQQAGYYMQHPQAAAAMAQQQGLFPQKMQMFNSPQ
QMHEMQQLHQAMHQMGMMPGGANGMPSMHTENTHGGSKQDNSEAGAGGDGQNSAGGHRSGDGEDK

SEQ ID NO: 156 *Glycine max* Glyma_SYT1.1 послідовність
нуклеїнової кислоти TA55102_3847

ATGCAGCAGCACCTGATGCAGATGCAGCCCATGATGGCTGCCTACTACCCCAACAACGTCAACCA
CTGATCACATTCAACAGTACCTGGATGAGAACAAGTCCTTGATTCTGAAGATTGTTGAAAGCCA
GAATTCTGGCAAGCTGAGCGAGTGTGCCGAGAACCAATCAAGGCTGCAGAGAAATCTCATGTAC
CTAGCTGCAATAGCTGATTCTCAACCACAACCATCTCCATTGGCTGGTCAGTATCCTTCTAGTG
GACTTGTGCAGCAGGGAGCACACTACATGCAGGCTCAACAGGCTCAGCAGATGTCACAACAACA
GCTAATGGCTTCGCGCTCCTCGCTCCTGTACTCCCAACAGCCTTTCTCAGTGCTTCAACAGCAG
CAAGGCATGCACAGCCAACCTGGCATGAGCTCCAGTGGAAGTCAAGGCCTCCACATGCTGCAAA
GTGAAGCCACTAATGTTGGAGGCAATGCAACCATAGGAACCGAGGAGGGTTTCCGGACTTTGT
ACGCATTGGTAGTGGCAAGCAAGATATTGGAATCTCTGGTGAAGGCAGAGGAGGAACTCTAGT
GGCACTCTGGTGATGGTGGTGAGACACTTAATTACCTGAAAGCTGCTGGTGATGGAACTGA

SEQ ID NO: 157 *Glycine max* Glyma_SYT1.1 транслювана
поліпептидна послідовність

MQQHLMQMPMAAYYPNNVTDDHIQQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENQSRQLQRNLMY
LAAIADSQPQPSPLAGQYPSGLVQQGAHYMQAQQQAQMSQQQLMASRSSLYSQQPFSVLQQQ
QGMHSQLGMSSSSQGLHMLQSEATNVGGNATIGTGGGFDFVRIGSGKQDIGISGEGRGNSSGHSGDGGETLNYLKAAGDGN

SEQ ID NO: 158 *Glycine max* Glyma_SYT1.2 послідовність
нуклеїнової кислоти TA51451_3847

ATGCAGCAGCACCTGATGCAGATGCAGCCCATGATGGCAGGCTACTACCCCAACAACGTCAACCA
CTGATCACATTCAAGCAGTATCTGGATGAGAACAAGTCCTTAATTCTGAAGATTGTTGAAAGCCA
GAATTCTGGCAAGCTGAGCGAGTGTGCCGAGAACCAAGCAAGGCTTCAGAGAAATCTCATGTAC
TTAGCTGCAATAGCTGATTCTCAACCCCAACCAACCATGTCTGGTCAGTACCTCCGAGTG
GGATGATGCAGCAGGGAGCACAGTACATGCAGGCTCAACAACAGGCACAGCAGATGACACCACA
ACAATAATGGCAGCACGCTCATCTCTTTTGTACGCACAGCAGCCGTACTCAGCACTTCAACAG
CAGCAAGCCATGCACAGTGCAGTGGGGTCGAGTTCGGGGCTCCACATGCTGCAAGTGAAGGCA
GCAATGTGAATGTGGGAGGAGGGTTTCTGACTTTGTGCGTGGCGGCAGCTCCACAGGGGAGGG
TTTGCACAGTGGTGAAGGGGTATCATTTGAAGTAGCAAGCAGGAAATGGGGGGTTCAAGTGAA
GGCCGCGGTGAAGGGGTGAAAACCTCTACCTCAAAGTTGCTGATGATGGAACTAG

SEQ ID NO: 159 *Glycine max* Glyma_SYT1.2 транслювана
поліпептидна послідовність

MQQHLMQMPMAGYYYPNNVTDDHIQQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENQARLQRNLMY
LAAIADSQPQPPTMSGQYPPSGMMQQAQYMQAQQQAQMTTPQQLMAARSSLLYAQQPYALQQ
QQAMHSALGSSSGLHMLQSEGSNVNVGGGFDFVRGGSSTGEGLSGGRGIIIGSSKQEMGGSSE
GRGEGGENLYLKVADDGN

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 160 Glycine max Glyma_SYT2.1 послідовність нуклеїнової кислоти BQ612648

ATGCAGCAGACACCGCCAATGATTCCCTATGATGCCTTCTTTCCACCTACGAACATAACCACCG
AGCAGATTCAAAAATACCTTGATGAGAACAAGAAGCTGATTCTGGCAATATTGGACAATCAAAA
TCTTGAAAACTTGCAGAAATGTGCCAGTACCAAGCTCAGCTTCAAAGAATTTGATGTATTTA
GCTGCAATTGCTGATGCCAGCCTCAAACCCCGGCCATGCCTCCGACAGATGGCACCACCCCTG
CCATGCAACCAGGATTCTATATGCAACATCCTCAGGCTGCTGCAGCAGCAATGGCTCAGCAGCA
GCAAGGAATGTTCCCCCAGAAAATGCCATTGCAATTTGGCAATCCACATCAAATGCAGGAACAA
CAACAGCAGCTACACCAGCAGGCCATCCAAGGTCAAATGGGACTTAGACCTGGAGATATAAATA
ATGGCATGCATCCAATGCACAGTGAGGCTGCTCTTGAGGTGGAAACAGCGGTGGTCCACCTTC
GGCTACTGGTCCAAACGATGCACGTGGTGGAAAGCAAGCAAGATGCCTCTGAGGCTGGAACAGCT
GGTGGAGACGGCCAAGGCAGCTCCGCGGCTGCTCATAACAGTGGAGATGGTGAAGAGGCAAAGT
GA

SEQ ID NO: 161 Glycine max Glyma_SYT2.1 трансльована поліпептидна послідовність

MQQTPPMIPMMPSFPPTNITTEQIQKYLDENKKLILAILDNQNLGKLAECAQYQAQLQKNLMYL
AAIADAQPQTAMPPQMAPHPAMQPGFYMQHPQAAAAAMAQQQQGMFPQKMPLQFGNPHQMQUE
QQQLHQQA IQGQMGLRPGDINNGMHPMHSEALGGNSGGPPSATGPNDRGGSKQDASEAGTA
GGDGQSSAAAHNSGDGEAAK

SEQ ID NO: 162 Glycine max Glyma_SYT2.2 послідовність нуклеїнової кислоти TA48452_3847

ATGCAGCAGACACCGCCTATGATTCCCTATGATGCCTTCGTTCCACCTACGAACATAACCACCG
AGCAGATTCAAAAATACCTTGATGAGAACAAGAAGCTGATTCTGGCAATATTGGACAATCAAAA
TCTTGAAAACTTGCAGAAATGTGCCAGTACCAAGCTCAGCTTCAAAGAATTTGATGTATTTA
GCTGCAATTGCTGATGCCAGCCTCAAACACCAGCCATGCCTCCACAGATGGCACCACACCCTG
CCATGCAACCAGGATTCTATATGCAACATCCTCAGGCTGCAGCAGCAGCAATGGCTCAGCAGCA
GCAGCAAGGAATGTTCCCCCAGAAAATGCCATTGCAATTTGGCAATCCACATCAAATGCAGGAA
CAACAGCAGCAGCTACACCAGCAAGCCATCCAAGGTCAAATGGGACTGAGACCTGGAGGAATAA
ATAATGGCATGCATCCAATGCACAATGAGGGCGGCAACAGCGGTGGTCCACCTTCGGCTACCGG
TCCGAACGACGCACGTGGTGGAAAGCAAGCAAGATGCTTCTGAGGCTGGAACAGCTGGTGGAGAT
GGCCAAGGCAGCTCTGCAGCTGCTCATAACAGTGGAGATGGTGAAGAGGCAAAGTGA

SEQ ID NO: 163 Glycine max Glyma_SYT2.2 трансльована поліпептидна послідовність

MQQTPPMIPMMPSFPPTNITTEQIQKYLDENKKLILAILDNQNLGKLAECAQYQAQLQKNLMYL
AAIADAQPQTAMPPQMAPHPAMQPGFYMQHPQAAAAAMAQQQQGMFPQKMPLQFGNPHQMQUE
QQQLHQQA IQGQMGLRPGGINNGMHPMHNEGGNSGGPPSATGPNDRGGSKQDASEAGTAGGD
GQGSSAAAHNSGDGEAAK

SEQ ID NO: 164 Glycine soya Glyso_SYT2 послідовність нуклеїнової кислоти CA799921

ATGCAGCAGACACCGCCTATGATTCCCTATGATGCCTTCGTTCCACCTACGAACATAACCACCG
AGCAGATTCAAAAATACCTTGATGAGAACAAGAAGCTGATTCTGGCAATATTGGACAATCAAAA
TCTTGAAAACTTGCAGAAATGTGCCAGTACCAAGCTCAGCTTCAAAGAATTTGATGTATTTA
GCTGCAATTGCTGATGCCAGCCTCAAACACCAGCCATGCCTCCACAGATGGCACCACACCCTG
CCATGCAACCAGGATTCTATATGCAACATCCTCAGGCTGCAGCAGCAGCAATGGCTCAGCAGCA
GCAGCAAGGAATGTTCCCCCAGAAAATGCCATTGCAATTTGGCAATCCACATCAAATGCAGGAA
CAACAGCAGCAG

ФІГ. 10 (продовження)

CTACACCAGCAAGCCATCCAAGGTCAAATGGGACTGAGACCTGGAGGAATAATAATGGCATGC
ATCCAATGCACAATGAGGGCGGCAACAGCGGTGGTCCACCCTCGGCTACCGGTCCGAACGACGC
ACGTGGTGGAAAGCAAGCAAGATGCTTCTGAGGCTGGAACAGCTGGTGGAGATGGCCAAGGCAGC
TCTGCAGCTGCTCATAACAGTGGAGATGGTGAAGAGGCAAAGTGA

SEQ ID NO: 165 Glycine soya Glyso_SYT2 транслювана полiпептидна послiдовнiсть

MQQTFRPMIPMMPSPFPPTNITTEQIQKYLDENKKLILAILDNQNLGKLAECAQYQAQLQKNLMYL
AAIADAQPQTPAMPFQMAPHPAMQPGFYMQHPQAAAAAMAQQQQQGMFPQKMPLQFGNPHQMQE
QQQQLHQQAIIQGMGLRPGGINNGMHPMHNEGGNSGGPPSATGPNDAARGGSKQDASEAGTAGGD
GQSSSAAAHNSGDGEAK

SEQ ID NO: 166 Gossypium arboreum Gosar_SYT послiдовнiсть нуклеiнової кислоти BM359324

ATGCAGCAGCACCTGATGCAGATGCAGCCCATGATGGCAGCTTATTATCCCAACAACGTCACTA
CTGATCATATTTCAACAGTATCTCGATGAGAACAAAGTCATTGATCTTAAAGATTGTTGAGAGCCA
GAATTCTGGGAAATTGAGTGAATGTGCTGAGAACCAAGCAAGGCTGCAGCGAAACCTCATGTAC
CTGGCTGCCATTGCGGATTCTCAACCCCAACCACCCACCGTGCATGCACAGTTTCCATCTGGTG
GTATCATGCAGCAAGGAGCTGGGCACTACATGCAGCACCACAAAGCTCAACANATGACACAACA
GTCGCTTATGGCTGCTCGGTCTCAATGTTGTATTTCTCAGCAACCATTTTCTGCACTGCAACAA
CAACAACAACAAGGCTTTGCACAGTCAGCTTGGCATGAGCTCTGGCGGGAGCACAGGCCTTTCA
TATGCTGCAAACTGAATCTAGTACTGCAGGGGGCAGTGAGACACCTTGGGCCCGAGGGTTGTCC
TGATTTGGACGGGGGTCTTTTGGAGAGGCATCCCTGGTGGCAGGCCAATGGCCGGGGGAACAAC
CAAAAATCCGGGGAGGCCGGCTCACCTAAGGGCCGGAGGAGCCCTTGGGGCAGGGGGGGGTGA
TGGGGGGAACCTCTCTTAA

SEQ ID NO: 167 Gossypium arboreum Gosar_SYT транслювана полiпептидна послiдовнiсть

MQQHLMQMPMAAAYYPNNVTTDHIQQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENQARLQRLNLMY
LAAIADSQPPPTVHAQFPSPGIMQQGAGHYMQHQQAQXMTQQSLMAARSSMLYSQQPFSALQQ
QQQQGFAQSAWHELWREHRPFICCKLNLVLQGA VRHLGPEGCPDLDGGLLERHPWWQANGRGNN
QKSGEAGSPKGRPEPLGQGGVMGGTSS

SEQ ID NO: 168 Gossypium hirsutum Goshi_SYT1 послiдовнiсть нуклеiнової кислоти DT558852

ATGCAGCAGCACCTGATGCAGATGCAGCCCATGATGGCAGCTTATTATCCCAACAACGTCACTA
CTGATCATATTTCAACAGTATCTCGATGAGAACAAAGTCATTGATCTTAAAGATTGTTGAGAGCCA
GAATTCTGGGAAATTGAGTGAATGTGCTGAGAACCAAGCAAGGCTGCAGCGAAACCTCATGTAC
CTGGCTGCCATTGCGGATTCTCAACCCCAACCACCCACCGTGCATGCACAGTTTCCATCTGGTG
GTATCATGCAGCCAGGAGCTGGGCACTACATGCAGCACCACAAAGCTCAACAAATGACACAACA
GTCGCTTATGGCTGCTCGGTCTCAATGTTGTATTTCTCAGCAACCATTTTCTGCACTGCAACAA
CAACAGCAGCAAGCTTTGCACAGTCAGCTTGGCATGAGCTCTGGCGGAAGCACAGGCCTTCATA
TGCTGCAAACTGAATCTAGTACTGCAGGTGGCAGTGAGCACTTGGGCCCGAGGGTTCTCTGA
TTTGGACGTGGTTCTTCTGGAGAAGGCATCCATGGTGGCAGGCCAATGGCAGGTGGAAGCAAG
CAAGATATCGGGAGTGCCGGCTCAGCTGAAGGTCGTGGAGGAAGCTCTGGTGGTCAAGGTGGTG
GTGATGGGGGTGAAACCTTTACTTAAAGCAGCCGATGATGGGAAGTGA

ФiГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 169 *Gossypium hirsutum* Goshi_SYT1 трансльована
поліпептидна послідовність

MQQHLMQMOPMMAAYYPNNVTTDHIQQYLDENKSLILKIVESQNSGKLECAENQARLQRNLMY
LAAIADSQPPPTVHAQFPPSGGIMQPGAGHYMQHQQAQQMTQQSLMAARSSMLYSQQPFSALQQ
QQQQALHSQQLGMSSGGSTGLHMLQTESSTAGGSGALGAGGFDFGRGSSGEGIHGGRPMAGGSK
QDIGSAGSAEGRGGSSGGQGGDGGETLYLKAADDGN

SEQ ID NO: 170 *Gossypium hirsutum* Goshi_SYT2 послідовність
нуклеїнової кислоти DT563805

ATGCCGCAGCCACCGCAAATGATTCTGTGATGCCTTCATATCCACCTACTAATATCACTACTG
AACAGATTGAGAAGTACCTTGATGAGAATAAGAAGTTGATTTTGGCAATTTTGGACAATCAGAA
TCTTGGAAAACTCGTGAATGCGCCAGTATCAAGCTCAGCTGCAAAAGAAATTTGATGTATTTA
GCTGCAATTGCGGATGCTCAACCTCAATCAACGCCAGCAATGTGCGCTCAGATGGCACCGCATC
CAGCAATGCAACCCGGAGGATATTTTATGCAACATCCTCAAGCTGCTGCAATGTACAGCAACC
TGGCATGTACCTCAAAAGGTGCCATTGCAATTCAATAGTCCGCATCAAAATGCAGGACCTCAG
CACCTCTATATCAGCAGCATCAACAAGCAATGCAAGGTCAAATGGGAATCAGGCCTGGGGGAC
CCAATAATAGCATGCATCCCATGCATTGAGAGGCTAGCCTTGGAGGCGGCAGCAGTGGTGGTCC
CCCTCAACCTTCAGGCCCAAGTGTGACGTGCTGGAAACAAGCAAGAGGGCTCCGAAGCTGGT
GGTAATGGGCAGGGCAGCACAACCTGGTGGGCATGGTGGCGGTGATGGAGCGGATGAGGCAAAGT
GA

SEQ ID NO: 171 *Gossypium hirsutum* Goshi_SYT2 transalted
polypeptide sequence

MPQPPQMIPVMPSPPTNITTEQIQKYLDENKKLILAILDNQNLGKLAECAQYQAQLQKNLMYL
AAIADAQPQSTPAMSPQMAPHPAMQPGGYFMQHPQAAAMSQQPGMPQKVPLQFNSPHQMOPDQ
HLLYQQHQAMQGMGIRPGGPNNSMHPMHSEASLGGSSGGPPQPSGSPSDGRAGNKQEGSEAG
GNGQGSTTGGHGGGDGADEAK

SEQ ID NO: 172 *Helianthus annuus* Helan_SYT1 послідовність
нуклеїнової кислоти TA12738 4232

ATGCAGCAGCACCTGATGCAGATGCAGCCCATGATGGCAGCCTATTATCCCACCAACAACGTCA
CTACTGATCATATTCAACAGTACTTGGATGAAAACAAGTCTCTGATCTTGAAGATTGTTGAGAG
CCAAAACCTCTGGGAAAATGGCTGAATGTGCAGAACATCAGGCCAAGCTTCAGAGAAACCTTATG
TACCTTGCTGCAATTGCTGATTCTCAACCTCAAGCACCTAGTCTTCACTCTCAGTATCCTCAAG
GTGGGATGATGCAGCAGCAGGCTGGAAGTCACTACATGCAGCAGCACCAACAGGCACAACAGAT
GTCACCACAAGCACTCATGGCTGCACGCTCATCCATGATGTACAGTCAGCAGCAGTACTCTTCA
CTACAGCAGCAAGCAATGCATAGCCATCTGGGCATGAGTTCTGGAACCTGGAACCAAGTGGACTTC
ACATGCTGCAGACCGACAATAATAGCGCGGGTGTGAGTGGGACCCACCTAAGTGGTGGGTTCCTC
CGACTTTGGTCGTAAGCAAGATATTGGTCCACCGGTGAGGGGCGGGTGGTGGTAGCTCTGGC
GGTGGAGACGGTGGCGAGACGCTCTACTTGAAGTCGCCTGATAAAGGTAACCTGA

SEQ ID NO: 173 *Helianthus annuus* Helan_SYT1 трансльована
поліпептидна послідовність

MQQHLMQMOPMMAAYYPNNVTTDHIQQYLDENKSLILKIVESQNSGKMAECAENQAKLQRNLM
YLAIAADSQPPAPSLHSQYPQGGMMQQQAGSHYMQHQQAQQMSPQALMAARSSMMYSQQQYSS
LQQQAMHSHLGMSSGTGTSGLHMLQTDNNSAGVSGTHLSGGFPDFGRKQDIGPTGEGRGGSSG
GGDGGETLYLKSPDKGN

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 174 Hordeum vulgare Horvu_SYT2 послідовність нуклеїнової кислоти CA032350

ATGCAGCAAGCGATGCCCATGCCCGCGGCGGCGGCGCCTGGGATGCCTCCTTCTGCCGGCC
TCAGCACCGAGCAGATCCAAAAGTACCTGGATGAAAATAAACAACTAATTTTGGCTATCTTGGA
AAATCAGAACCTGGGAAAGTTGGCGGAATGTGCTCAGTATCAAGCTCAGCTTCAGAAGAATCTT
TTGTATTTGGCTGCGATTGCTGATACTCAGCCACAGACCTCTGTAAGCCGTCCTCAGATGGCAC
CACCTGCTGCATCCCCAGGGGCAGGGCATTACATGTACAGGTGCCAATGTTCCCTCCGAGGAC
CCCTCTAACGCCTCAGCAGATGCAGGAGCAGCAACTACAGCAACAACAGGCTCAGATGCTTCCG
TTTGCTGGTCAAATGGTTGCGAGACCCGGGGCTGTCAATGGCATTCCCCAGGCCCTCAAGTTG
AACAAACCAGCCTATGCAGCAGGTGGGGCCAGTTCGAGCCTTCTGGCACCGAGAGCCACAGGAG
CACTGGCGCCGATAACGATGGTGGGAGCGGCTTGGCTGACCAGTCCTAA

SEQ ID NO: 175 Hordeum vulgare Horvu_SYT2 транслювана поліпептидна послідовність

MQQAMPMPAAAAAPGMPPSAGLSTEQIQKYLDENKQLILAILENQNLGKLAECAQYQAQLQKNL
LYLAAIADTQPQTSVSRPQMPPAASPGAGHYMSQVPMFPPTPLTPQQMEQQLQQQQAQMLP
FAGQMVARPGAVNGIPQAPQVEQPAYAAGGASSEPSGTESHSTGADNDGGSGGLADQS

SEQ ID NO: 176 Lactuca serriola Lacse_SYT1 послідовність нуклеїнової кислоти DW110765

ATGAAGCAGCCGATGATGCCGAATCCAATGATGTCTTCTTCGTTTCCTCCTACAAACATCACCA
CCGATCAGATCCAAAAGTTCCTTGATGAAAACAAGCAACTAATTATAGCAATAATGAGCAACCT
AAATCTTGGAAAAGCTTGCTGAATGTGCCAGTACCAAGCTCTACTCAAAAAAATTTGATGTAT
CTAGCAGCCATTGCAGATGCTCAACCACCTACACCTACACCAACACTAAATATCTCTTATNAGA
TGGGCCCCGTTCCACATCCAGGGATGCCACAGCAAGGTGGATTTTACATGGCGCAGCAGCACCC
TCAGGCGGCTGTAATGACGGCTCAGCCACCTTCTGGTTTTCACAACCGATGCCTGGTATGCAA
TTTAACAGCCCCACAGGCTATTCAAGGGCAGATGGGCGGGAGGTCCGGTGGGCGGCCAAGCTCAG
CCGCTAGTGATGTCTGGAGAGGAAGCATGCAAGATGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGGTGG
TAAGGATGGTTCATGCTGGCGGTGGACCTGAGGAAGCAAAGTAA

SEQ ID NO: 177 Lactuca serriola Lacse_SYT1 транслювана поліпептидна послідовність polypeptide

MKQPMMPNPMSSSFPTNITTDQIQKFLDENKQLIIAIMSNLNLGKLAECAQYQALLQKNLMY
LAAIADAQPPTPTPTLNISYXMGVPVPHPGMPQQGGFYMAQQHPQAAMTAQPPSGFPQPMPPGMQ
FNSPQAIQGMGRSGGPPSSAASDVWRGSMQDGGGGAADGGKDGHAAGGGPEEAK

SEQ ID NO: 178 Lycopersicon esculentum Lyces_SYT1 послідовність нуклеїнової кислоти контигу AW934450.1 BP893155.1

ATGCAGCAGCACCTGATGCAGATGCAGCCCATGATGGCAGCTTACTATCCAACGAACGTCACTA
CTGACCATATTCAACAGTATTTGGATGAAAACAATCACTCATTCTGAAGATTGTTGAGAGCCA
GAACTCTGGGAACTCAGTGAATGTGCGGAGAACCAAGCTAGGCTTCAGAGGAATCTGATGTAC
CTTGCTGCGATTGCTGATTCAACCTCAACCTTCTAGCATGCATTCTCAGTTCTCTTCTGGTG
GGATGATGCAGCCAGGGACACACAGTTACTTGCAGCAGCAGCAGCAACAACAAGCGCAACA
AATGGCAACACAACAACCTCATGGCTGCAAGATCCTCGTCGATGCTCTATGGACAACAGCAGCAG
CAATCTCAGTTATCGCAATATCAACAAGGCTTGATAGTAGCCAACTCGGCATGAGTTCTGGCA
GTGGCGGAAGCACTGGACTTCATCATGCTTCAAAGTGAATCATCACCTCATGGTGGTGGTTT
CTCTCATGACTTCGGCCGCGCAATAAGCAAGACATTGGGAGTAGTATGTCTGCTGAAGGGCGC
GGCGGAAGTTCAAGTGGTGAATCTTTATCTGAAAGCTTCTGAGGATTGA

ФІГ. 10 (продовження)

**SEQ ID NO: 179 *Lycopersicon esculentum* Lyces_SYT1 трансльована
поліпептидна послідовність**

MQQHLMQMMPMAAYYPTNVTTDHIQQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENQARLQRNLMY
LAAIADSQPQPSSMHSQFSSGMMQPGTHSYLQQQQQQQAQQMATQQLMAARSSSMLYGOQQQ
QSQLSQYQQGLHSSQLGMSSSGSGSTGLHHMLQSESSPHGGGFSDHDFGRANKQDIGSSMSAEGR
GGSSGGENLYLKASED

**SEQ ID NO: 180 *Malus domestica* Maldo_SYT2 послідовність
нуклеїнової кислоти контигу CV084230 DR997566**

ATGCAGCAGCCACCACAAATGATCCCCGTCATGCCTTCATTTCTCCACCAACATCACCACCG
AACAAATTGAGAAGTACCTTGATGACAACAAAAAGTTGATTCTGGCAATATTGGATAATCAAAA
TCTTGAAAACTTGCTGAGTGTGCTCAGTACCAGGCTCTGCTTCAAAAGAATCTGATGTATTTA
GCAGCAATTGCCGATGCGCAACCACAGGCACAGCTGCCCCCTCCCCAGATGGCCCCACATCCTG
CTATGCAACAGGCAGGATATTACATGCAACATCCTCAGGCAGCAGCAATGGCTCAGCAACAGGG
TATTTTCTCCCCAAAGATGCCGATGCAATTCAATAACATGCATCAAATGCACGATCCACAGCAG
CACCACCAAGCCATGCAAGGGCAAATGGGAATGAGACCTGGAGGGCCTAACGGCATGCCTTCCA
TGCTTCATACTGAGGCCACACATGGTGGTGGTAGTGGCGGCCCAAATTCAGCTGGAGACCCAAA
TGATGGGCGTGAGGAAGCAAGCAAGACGCCTCTGAGTCTGGGGCAGGTGGTGTATGGCCAGGGG
ACCTCAGCCGCGGGCGTGGAATGGTGTATGGAGAGGACGGCAAGTGA

**SEQ ID NO: 181 *Malus domestica* Maldo_SYT2 трансльована
поліпептидна послідовність**

MQQPPQMIQVMPSPPTNITTEQIQKYLDNKKLILAILDNQNLGKLAECAQYQALLQKNLMYL
AAIADAQPQAPAPPPQMAPHPAMQQAGYYMQHPQAAAMAQQQGIQSPKMPMQFNNMHQMDPQQ
HQQAMQGMMPRGGPNGMPSMLHTEATHGGGSGGPNAGDPNDGRGGSKQDASESGAGGDGQG
TSAGGRGTGDGEDGK

**SEQ ID NO: 182 *Medicago trunculata* Medtr_SYT1 послідовність
нуклеїнової кислоти CA858507**

ATGCAGCAGCACCTGATGCAGATGCAGCCCATGATGGCAGCTTACTATCCTAACACGTCACTA
CTGATCATATTCAACAGTATCTTGATGAGAACAAGTCCTTGATTCTCAAGATTGTTGAAAGCCA
GAACACTGGCAAGCTCACCGAGTGTGCTGAGAACCAATCAAGGCTTCAGAGAAATCTCATGTAC
CTAGCTGCAATAGCTGATTCTCAACCCCAACCACCTACTATGCCTGGCCAGTACCTTCAAGTG
GAATGATGCAGCAGGGAGGACACTACATGCAGGCTCAACAAGCTCAGCAGATGACACAACAACA
ATTAATGGCTGCACGTTCTCTCTTATGTATGCTCAACAGCTTCAACAGCAGCAAGCCTTGCAA
AGCCAACTTGGTATGAATTCAGTGGAAGTCAAGGCCTTCACATGTTGCATAGTGAAGGGGCTA
ATGTTGGAGGCAATTCATCTCTAGGGGCTGGTTTCTCTGATTTTGGCCGTAGCTCAGCCGGTGA
TGGTTTGCACGGCAGTGGTAAGCAAGACATTTGAAGCACTGATGGCCGCGGTGGAAGCTCTAGT
GGTCACTCTGGTGTATGGCGCGAAACACTTTACCTGAAATCTTCTGGTGTATGGAATTAG

**SEQ ID NO: 183 *Medicago trunculata* Medtr_SYT1 трансльована
поліпептидна послідовність**

MQQHLMQMMPMAAYYPNNVTTDHIQQYLDENKSLILKIVESQNTGKLTECAENQSRRLQRNLMY
LAAIADSQPQPPTMPGQYPSSGMMQQGGHYMQAQQQAQMTQQQLMAARSSSLMYAQQLOQQQALQ
SQLGMNSSGSQGLHMLHSEGANVGGNSSLGAGFPDFGRSSAGDGLHGSGKQDIGSTDGRGGSSS
GHSGDGGETLYLKSSGDGN

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 184 *Medicago trunculata* Medtr_SYT2 послідовність нуклеїнової кислоти контигу CA858743 BI310799.1 AL382135.1

ATGCAGCAGACACCTCAAATGATTCCSTATGATGCCTTCATTCCCACAACAAACATAACCA
CTGAGCAGATTCAAAAATATCTTGATGAGAACAAGAAGCTGATCCTGGCAATATTGGACAATCA
AAATCTTGGAAAACCTTGAGAATGTGCCAGTACCAAGCTCAGCTTCAGAAGAATTTGATGTAT
TTAGCTGCAATTGCTGACGCGCAGCCACAAAACCCGGCCTTGCCCTCCACAGATGGCCCCGACC
CTGCGATGCAACAAGGATTCTATATGCAACATCCTCAGGCTGCAGCAATGGCTCAGCAACAAGG
AATGTTCCCCCAAAAAATGCCAATGCAGTTCGGTAATCCGCATCAAATGCAGGATCAGCAGCAT
CAGCAGCAACAACAGCAGCTACATCAGCAAGCTATGCAAGGTCAAATGGGACTTAGACCTGGAG
GGATAAATAACGGCATGCATCCAATGCACAACGAGGCTGCTCTCGGAGGTAGCGGCAGTGGTGG
TCAAATGACGGGCGTGGTGGTGGAGCAAGCAAGATGCTTCGGAGCTGGGACAGCCGGCGGTGAT
GGTCAAGGAACCTCTGCCGAGCTGCGCACAACAGTGGAGATGCTTCAGAAGAAGGAAAGTAA

SEQ ID NO: 185 *Medicago trunculata* Medtr_SYT2 транслювана поліпептидна послідовність

MQQTPQMIPMMPSFPQQTNIITEQIQKYLDENKKLILAILDNQNLGKLAECQAQYQAQLQKNLMY
LAAIADAQPQTALPPQMAPHPAMQQGFYMQHPQAAAMAQQQGMFPQKMPMQFGNPHQMQDQQH
QQQQQLHQAMQGMGLRPGGINNGMHPMHNEAALGSGSGGPNDGRGGGSKQDASEAGTAGG
DQGTSAAAAHNSGDASEEGK

SEQ ID NO: 186 *Oryza sativa* Orysa_SYT1 послідовність нуклеїнової кислоти (AK058575)

ATGCAGCAGCAACACCTGATGCAGATGAACCAGGGCATGATGGGGGGATATGCTTCCCCCTACCA
CCGTCAACCACTGATCTCATTGAGCAGTATCTGGATGAGAACAAGCAGCTGATCCTGGCCATCCT
TGACAACCAGAACAATGGGAAGGTGGAAGAGTGCCTCGGAACCAAGCTAAGCTCCAGCACAAT
CTCATGTACCTCGCCGCCATCGCCGACAGCCAGCCGCCGAGACGGCCGCCATGTCCCAGTATC
CGTCGAACCTGATGATGCAGTCCGGGGCGAGGTACATGCCGAGCAGTCCGGCGCAGATGATGGC
GCCGCGTTCGCTGATGGCGGCGAGGTCTTCGATGATGTACGCGCAGCCGGCGCTGTCCGCCGCTC
CAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGGCGGCGGCGGCGCACGGGCAGCTGGGCATGGGCTCGGGGGGCA
CCACCAGCGGGTTCAGCATCCTCCACGCGAGGCCAGCATGGGCGGCGGCGGCGGCGGCGGCGTGG
CGCCGGTAACAGCATGATGAACGCCGCGGTGTTCTCCGACTTCGGACGCGGCGGCGGCGGCGGCG
GGCAAGGAGGGGTCCACCTCGCTGTCCGTCGACGTCCGGGGCGCCAACCTCCGGCGCCAGAGCG
GCGACGGGGAGTACCTCAAGGGCACCGAGGAGGAAGGCAGCTAG

SEQ ID NO: 187 *Oryza sativa* Orysa_SYT1 транслювана поліпептидна послідовність

MQQQHLMQMNQGMGGYASPTTVTTDLIQQYLDENKQLILAILDNQNNKGVEECARNQAKLQHN
LMYLAAIADSQPPQTAAMSQYPSNLMQSGARYMPQQSAQMMAQSLMAARSSMMYAQPALSPL
QQQQQQAAAAHQQLMGSGGTTSGFSILHGEASMGGGGGGGGAGNSMMNAGVFSDFGRGGGGG
GKEGSTSLSDVRGANSQAQSGDGEYLGTEEEGS

SEQ ID NO: 188 *Oryza sativa* Orysa_SYT2 послідовність нуклеїнової кислоти AK105366

ATGCAGCAGCAGCCGATGCCGATGCCCGCGCAGGCGCCGCCGACGGCCGGAATCACCACCGAGC
AGATCCAAAAGTATCTGGATGAAAACAAGCAGCTTATTTTGGCTATTTTGGAAAATCAGAATCT
GGGAAAGTTGGCAGAAATGTGCTCAGTATCAAGCGCAGCTTCAGAAGAATCTCTGTACTTGGCT
GCAATTGCTGATACTCAACCGCAGACCACTATAAGCCGTCCCCAGATGGTGCCGCATGGTGCAT
CGCCGGGGTTAGGGGGGCAATACATGTGCGCAGGTGCCAATGTTCCCCCCAGGACCCCTCTAAC
GCCCCAGCAG

ФІГ. 10 (продовження)

ATGCAGGAGCAGCAGCTGCAGCAACAGCAAGCCCAGCTGCTCTCGTTCCGGCGGTGAGATGGTTA
 TGAGGCCTGGCGTTGTGAATGGCATTCTCTAGCTTCTGCAAGGCGAAATGCACCGCGGAGCAGA
 TCACCAGAACGCTGGCGGGGCCACCTCGGAGCCTTCCGAGAGCCACAGGAGCACCGGCACCGAA
 AATGACGGTGGAAGCGACTTCGGCGATCAATCCTAA

SEQ ID NO: 189 Oryza sativa Orysa_SYT2 трансьована поліпептидна послідовність

MQQQPMPMPAQAPPTAGITTEQIQKYLDENKQLILAILLENQNLGKLAECAQYQAQLQKNLLYLA
 AIADTQPQTISRPMVPHGASPLGGQYMSQVPMFPPRTPLTPQQMQEQQLQQQQAQLLSFGG
 QMVMRPGVVNGIPQLLQGEMHRGADHQNAGGATSEPSSESHRSTGTENDGGSDFGDQS

SEQ ID NO: 190 Oryza sativa Orysa_SYT3 послідовність нуклеїнової кислоти BP185008

ATGCAGCAGCAGATGGCCATGCCGGCGGGGGCCGCCGCCGCCGGTGGCGCCGGCGCGCCGCA
 TCACCACCGAGCAGATCCAAAAGTATTTGGATGAAAATAAACAGCTAATTTTGGCCATCCTGGA
 AAATCAAAAACCTAGGGAAGTTGGCTGAATGTGCTCAGTACCAAGCTCAGCTTCAAAAAGATCTC
 TTGTATCTGGCTGCCATTGCAGATGCCCAACCACCTCAGAATCCAGGAAGTCGCCCTCAGATGA
 TGCAGCCTGGTGCTACCCAGGTGCTGGGCATTACATGTCCCAAGTACCGATGTTCCCTCCAAG
 AACTCCCTTAACCCCAACAGATGCAAGAGCAGCAGCAGCAGCAACTCCAGCAACAGCAAGCT
 CAGGCTCTAGCCTTCCCCGCCAGATGCTAATGAGACCAGGTAAGTGTCAATGGCATGCAATCTA
 TCCCAGTTGCTGACCTGCTCGCGCAGCCGATCTTCAGACGGCAGCACCGGCTCGGTAGATGG
 CCGAGGAAACAAGCAGGATGCAACCTCGGAGCCTTCCGGGACCGAGAGCCACAAGAGTGCGGGA
 GCAGATAACGACGCAGGCGGTGACATAGCGGAGAAGTCCTGA

SEQ ID NO: 191 Oryza sativa Orysa_SYT3 трансьована поліпептидна послідовність

MQQQMAMPAGAAAAVPPAAGITTEQIQKYLDENKQLILAILLENQNLGKLAECAQYQAQLQKNL
 LYLAIAIDAQPPQNPGRPMQPMQPGATPGAGHYMSQVPMFPPRTPLTPQQMQEQQQQQLQQQQA
 QALAFPGQMLMRPGTVNGMQSIPVADPARAADLQTAAPGSVDGRGNKQDATSEPSGTESHKSAG
 ADNDAGDIAEKS

SEQ ID NO: 192 Panicum virgatum Panvi_SYT3 послідовність нуклеїнової кислоти DN152517

ATGCAGCAGCAGATGCCCATGCAGTCGGCGCCCCCGGCGACCGGCATCACCACCGAGCAGATCC
 AAAAGTATTTGGATGAAAATAAGCAGCTTATTTTGGCCATCCTGGAAAATCAGAACTTAGGAAA
 GTTGGCTGAATGTGCTCAGTATCAAGCTCAGCTTCAAAAGAATCTCTGTACCTGGCTGCGATT
 GCAGATGCCCAACCCCAACCACCACAGAACCCTGCAAGTCGCCACAGATGATGCAACCTGGCA
 TGGTACCAGGTGCAGGGCATTACATGTCCCAAGTACCAATGTTCCCGCCAAGAACACCATTAAC
 CCCGCAACAGATGCAAGAACAGCAGCAGCAGCAGCAGCTTCAACAGCAGCAAGCACAGGCT
 CTTGCTTTCCCGGGACAGATGGTCATGAGACCTACCATTAAATGGCATGCAGCCTATGCAAGCCG
 ACCCTGTGTCGCCCGCCGCCAGCCTACAGCAGTCAGCACCTGGCCCTACTGATGGGCGAGGAGG
 CAAGCAAGATGCAACTGCTGGGGTGAGCACAGAGCCTTCTGGCACCGAGAGCCACAAGAGCACA
 ACCGCAGCAGATCAGATGTGGGCACTGATGTGCGGAGAAATCCTAA

SEQ ID NO: 193 Panicum virgatum Panvi_SYT3 трансьована поліпептидна послідовність

MQQQMPMQSAPPATGITTEQIQKYLDENKQLILAILLENQNLGKLAECAQYQAQLQKNLLYLAIA
 ADAQPQPQNPASRPQMMQPMVPGAGHYMSQVPMFPPRTPLTPQQMQEQQQQQLQQQQAQA
 LAFPGQVMRPTINGMQPMQADPAAAAASLQQSAPGPTDGRGGKQDATAGVSTEPSGTESHKST
 TAADHDVGTDVAEKS

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 194 Physcomitrella patens Phyra_SYT1.1 послідовність нуклеїнової кислоти TA28566_3218

ATGCAGCAAATGGCGGCGTATACGGGGACGTCTATTACCACGGAGCTAATCCAGAAGTATCTGG
ACGAGAACAAGCAGCTTATCCTCGCGATTCTTGACAATCAAAACCTTGGAAGCTGAACGAATG
CGCTATGTATCAAGCAAAGTTGCAGCAGAATCTTATGTACCTCGCAGCCATTGCGGATGCACAA
CCTCAAGTGAGCCAAAACCTCAACTCAGGTCTCATCAGGACAATCTATGCAGCCCTCTCAGCAAT
ATATTTCAACAGCAGCAGCAGCAGCAGATGATGATGATGAATCAGCGAAACTCAATCCCAACAATA
CATGCAACAAGCCAAACAGGGGTACCAAACGCACCATCACCGCAGCAGCAGTCTACCCACAGC
CAGCAGCCGCAAGGTATGGTTCCCCAGAGAACTCAGACATGCACTTGGTGAAAACTCTACAG
GAGGCAACGGTAATCAGACAGGAGGTAGTGTATCCGAGTATGGAAAGCCTGAGGAATCCCGGGA
GGGGACCCCAACAAGCTTAAGCACAAGAAACGATGGTCCACAGGCGGGGGCTTCTCCGTTGGGA
CAAGCGAGAGAAGGCAATGGAGCTGCTGGAGAGGACTCTGAGGCTTCTTACTTGAAAAGCTCCG
ACTAA

SEQ ID NO: 195 Physcomitrella patens Phyra_SYT1.1 транслювана поліпептидна послідовність

MQQMAAYTGTSITTELIQKYLDENKQLILAILDNQNLGKLNECAMYQAKLQONLMYLAAIADAQ
PQVSNSTQVSSGQSMQPSQQYIQQQQQQMMMNQRNSIPQYMQQSQQGSPNAPSPQQQSYHS
QQPQGMVPQRNSDMHLVKNSTGGNGNQTTGGSVSEYKPEESREGTPTSLSTRNDGPQAGASPLG
QAREGNGAAGEDSEASYLKSSD

SEQ ID NO: 196 Physcomitrella patens Phyra_SYT1.2 послідовність нуклеїнової кислоти TA21282_3218

ATGCAGCAAATGGCGCGGTATGCGGGGACATCTATCACTACTGAGCTCATCCAGAAGTACCTGG
ACGAGAACAAGCAGCTGATTCTCGCAATTCTCGATAATCAAAACCTTGGAAGCTGAACGAATG
TGCTACGTATCAAGCAAAGTTGCAGCAGAATCTTATGTACCTCGCAGCTATTGCAGACGCACAA
CCCCAAGTTCCAGCAGCACAACCAATGCAACCATCACAGCAATATATTAGCAGCAGCAGCAGC
AGATGATGATGAATCAACGAAATCAGTACTTGCGCAAAATCAACAAGGAGTACAAAACGCACC
ATCACCGCAGTCGCAGCAGTCGTATCACACCAGCAGCCAGGCATGGTCTCCAGGGAAACTCG
GGGATGCACATGGTGAATAGTTCCATGGGTGGTAATGGCAACCAGACAGGAGGAAATGTTTCCG
AGTATGGGAAACCAGAAGATTTCCCGGGAGGGGACTCCAACAAGCTTGAATACAAGGAATGAAGG
TCCACAAGCGGGGGCTTCCCCACTGGGACAAGCAAGAGAAGGGAATGGTGCGCCAGGAGAGGAT
TCAGAGGCTTCATACTTAAAAAGCTCCGAGTGA

SEQ ID NO: 197 Physcomitrella patens Phyra_SYT1.2 транслювана поліпептидна послідовність

MQQMAPYAGTSITTELIQKYLDENKQLILAILDNQNLGKLNECATYQAKLQONLMYLAAIADAQ
PQVPAAPMPQPSQQYIQQQQQQMMMNQRNQYLQONQQGVQNPSPQSQSYHNQQPGMVSVQNS
GMHNVNSSMGGNGNQTTGGNVSEYKPEDSREGTPTSLNTRNEGPQAGASPLGQAREGNGAPGED
SEASYLKSSSE

SEQ ID NO: 198 Physcomitrella patens Phyra_SYT1.3 послідовність нуклеїнової кислоти TA20922_3218

ATGATGCAGCACATGGCGACGTATGCCAGCTCCAACATCACACGGAGCTCATTCAGAAGTACT
TGGACGAGAATAAGCAGTTGATTCTCGCTATCCTCGACAACCAAAACCTCGGCAAGCTCAATGA
GTGTGCAACGTATCAAGCGAAGTTGCAGCAGAATCTCATGTATTGGCTGCCATAGCTGATGCT
CAGCCACAAGGCCCATCTTCGAGATGCCAGCACCTGCGCCGGCGCCAACCATGCAACCAGCTC
AGCAGTACATGCAACAGCAGCAACAACCTCCGATGATGAGCCAACAGAACAGTATGATCCCTTC
CTACCTTCAGCACAGCCAACAAGCATCGCAGCAGAACTTCTACAGTCAACAAAGCTGCTCTCC
GGGGGAGGGGGC

ФІГ. 10 (продовження)

TCAATACACATGATGTCCACGGACCGCGGCATCGGAGGCAATGGATCCCAGGCTTCGCCAGGAT
 ATTCTGATGGAGGGCGGGATCAGAGCCAAATGGGTTTGGCAATGCAGGGCGACATGCATGGTGG
 AAACGGGACGGACCTGGGGTGCTCCTCCCGCTTGGCCACCGAGGAGACGGTGGTAACGGCCAC
 GGCCAGGGGACCGATGACTCTGAAGCTTCTACTTGAAGGGATCTGATGGGAGCAGTCTGAATT
 AA

**SEQ ID NO: 199 *Physcomitrella patens* Phypa_SYT1.3 трансьована
 поліпептидна послідовність**

MMQHMTYASSNITTELIQKYLDENKQLILAILDNQNLGKLNECATYQAKLQQNLMYLAAIADA
 QPQGPSSQMPAPAPPTMQPAQQYMQQQQLRMMSQQNSMIPSYLQHSQQASQQNFYSQQSLLS
 GGGGSIHMMSTDGRIGGNGSQASPGYSDGGRDQSQMGLAMQDMHGGNGTDLGCSSPLGHRGDG
 GNGHGQGTDDSEASYLKSGDSSLN

**SEQ ID NO: 200 *Physcomitrella patens* Phypa_SYT1.4 послідовність
 нуклеїнової кислоти TA29452_3218**

ATGATGCAGCACATGACGACCTATGCCAGCTCCAACATCACACGGAGCTCATTCAGAAGTACT
 TGGACGAGAATAAACAGCTGATTCTCGCCATTCTCGACAACCAAAACCTCGGCAAGCTCAATGA
 GTGTGCGACGTATCAAGCGAAGCTGCAGCAGAACCTCATGTATCTGGCCGCTATAGCTGATGCC
 CAGCCACAAGGCCCATCTACGCAGATGCCAGCGCCCGCCAACTATGCAACCAGCTCAACAAT
 ACATGCAACAGCAGCAACAGCTCCGCATGATGAGCCAACAAAATGCCATGATCCCCCTCTACCT
 GCAGCAAAGCCAACAAGTTTCCAGCAGAACTTCTACAGCCAACAGAGCCTGCTTACCGCGGGT
 GGCAGCTCCATCCACATGATGTCCACTGATCGCGGCATGGGAGGCAATGGGTACACAAGCTCAC
 CTGGATATTCTGACGGAGGGCGAGATCAGAACCAATTGGGTATGACGATGCAGGGCGACATGCA
 TGGTGAAAACGGCACTGACTTGGGTGCTCCTCACCTCTCGGCCACCGGGAGATGGCGGTGGC
 GGCCACGGCCAGGGCAACGACGACTCTGAAGCTTCTTACTTGAAGGGTCCGATGGCAGCAGTC
 TGAAC TAG

**SEQ ID NO: 201 *Physcomitrella patens* Phypa_SYT1.4 трансьована
 поліпептидна послідовність**

MMQHMTTYASSNITTELIQKYLDENKQLILAILDNQNLGKLNECATYQAKLQQNLMYLAAIADA
 QPQGPSTQMPAPAPPTMQPAQQYMQQQQLRMMSQQNAMIPSYLQQSQVVSQQNFYSQQSLLTGG
 GSSIHMMSTDGRMGNGSQASPGYSDGGRDQNLGMTMQDMHGGNGTDLGCSSPLGHRGDGGG
 GHGQGNDDSEASYLKSGDSSLN

**SEQ ID NO: 202 *Picea sitchensis* Pisci_SYT1 послідовність
 нуклеїнової кислоти DR484100 DR478464.1**

ATGCAGCAGCATCTCATGCAAAATGCAGCCCATGATGGCGGCATACGCCTCCAACAACATCACCA
 CTGATCACATCCAGAAGTACCTGGATGAGAACAAGCAGTTGATTCTGGCAATTCTGGACAACCA
 AAATCTTGAAAGCTCAATGAGTGTGCTCAGTACCAAGCAAACTTCAAGCAGAAATTTGATGTAT
 CTGGCTGCGATTGCTGATTCTCAACCACAAGCACAACTGCACATGCTCAGATTCTCTCTAATG
 CAGTGATGCAGTCTGGTGGGCATTACATGCAGCACCAGCAGGCACAGCAACAAGTGACTCTCTCA
 GTCTCTGATGGCAGCTAGATCTTCCATGCTGTATTCTCAGCAGCCGATGGCTGCTTTGCATCAA
 GCTCAGCAACAACAGCAGCAGCAGCATCAGCAGCAACAACAATCTCTTCACAGCCAGCTTGGCA
 TAAATCTGGAGGAAGCAGTGGATTGCATATGTTGCATGGTGAGACAAACATGGGATGTAATGG
 GCCTCTCTCATCTGGGGGCTTCCCTGAATTTGGGCGTGGGTCTGCTACCTCTGCTGAAGGTATG
 CAGGCCAACAGGGGCTTCACTATAGATCGTGGTTCAAATAAGCAGGATGGAGTAGGATCAGAGA
 ATGCCCATCCAGGTGCTGGTGATGGAAGAGGGAGTTCAACTGGAGGGCAGAATGCAGATGAGTC
 AGAACCATCATACCTGAAAGCCTCCGAAGAAGAAGGAACTAG

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 203 *Picea sitchensis* *Picsi_SYT1* транслювана поліпептидна послідовність

MQQHLMQMMPMAAYASNITTDHIQKYLDENKQLILAILDNQNLGKLNCAQYQAKLQONLMY
LAAIADSQPQAQTAHAQIPPAVMQSGGHYMQHQAQQQVTPQSLMAARSSMLYSQQPMAALHQ
AQQQQQQQHQQQQQLHSQGLGINS GGSSGLHMLHGETNMGCNGPLSSGGFPEFGRGSATSAEGM
QANRGFTIDRGSNKQDGVGSENAHPGAGDGRGSSTGGQNADESEPSYLKASEEEGN

SEQ ID NO: 204 *Pinus taeda* *Pinta_SYT1* послідовність нуклеїнової кислоти DT625916

ATGCAGCAGCACCTCATGCAATGCAGCCCATGATGGCGGCCTACGCCTCCAACAATATCACCA
CTGATCAGCATCCAGAAGTACCTGGATGAGAACAAGCAGTTGATTCTGGCAATTTTGGACAACCA
AAATCTCGGAAAGCTCAATGAGTGTCTCAATACCAAGCAAACTTCAGCAGAATTTGATGTAT
CTGGCTGCTATTGCTGATTCTCAACCTCAAGCACAACCTGCACATGCTCAGATTCTCCAAATG
CGTGATGCAGTCTGGTGGGCATTACATGCAGCATCAACAGGCACAGCAACAAGTTACTCCTCA
GTCTCTGATGGCAGCTAGATCTTCCATACTGTATGCTCAGCAACAACAGCAGCAGCAGCATCAG
CAGCATCAGCAGCAACAGCAGCAACAACAGTCTCTTCACAGCCAGCTTGGCATAAATCTGGAG
GAAGCAGCGGTTTGCATATGTTGCATGGTGAGACAAACATGGGATGTAATGGGCTCTGTCTC
TGGGGGATTCCCTGAATTTGGGCGTGGGTCTGCTACCTCTGCTGATGGTATGCAGGTGAACAGG
GGCTTTGCTATAGATCGTGGTTCAAACAAGCAGGATGGAGTTGGATCAGAGAATGCCCATGCTG
GTGCTGGTATGGAAGAGGGAGTTCAACTGGAGGGCAGAATGCAGATGAGTCAGAACCATCATA
CCTGAAGGCCTCCGAGGAAGAAGGAACTAG

SEQ ID NO: 205 *Pinus taeda* *Pinta_SYT1* транслювана поліпептидна послідовність

MQQHLMQMMPMAAYASNITTDHIQKYLDENKQLILAILDNQNLGKLNCAQYQAKLQONLMY
LAAIADSQPQAQTAHAQIPPAVMQSGGHYMQHQAQQQVTPQSLMAARSSILYAQQQQQQHQ
QHQQQQQQQLHSQGLGINS GGSSGLHMLHGETNMGCNGPLSSGGFPEFGRGSATSADGMQVNR
GFAIDRGSNKQDGVGSENAHAGAGDGRGSSTGGQNADESEPSYLKASEEEGN

SEQ ID NO: 206 *Populus trichocarpa* *Poptr_SYT1* послідовність нуклеїнової кислоти DT476906

ATGCAACAGCACCTGATGCAGATGCAGCCCATGATGGCAGCCTATTACCCAGCAACGTCACTA
CTGATCATATTCAACAGTATCTGGACGAAAACAAGTCATTGATTTTGAAGATTGTTGAGAGCCA
GAATTCAGGGAACTCAGTGAGTGTGCAGAGAACCAAGCAAGACTGCAACAAAATCTCATGTAC
TTGGCTGCAATTGCTGATTGTCAAGCCCAACCACCTACCATGCATGCCAGTTCCCTTCCAGCG
GCATTATGCAGCCAGGAGCACATTACATGCAGCATCAACAAGCTCAACAGATGACACCACAAGC
CCTTATGGCTGCACGCTCTTCTATGCTGCAGTATGCTCAACAGCCATTCTCAGCGCTTCAACAA
CAGCAAGCCTTACACAGCCAGCTCGGCATGAGCTCTGGTGGAAGCGCAGGACTTCATATGATGC
AAAGCGAGGCTAACACTGCAGGAGGCAGTGGAGCTCTGGTGCTGGACGATTTCTGATTTTGG
CATGGATGCCTCCAGTAGAGGAATCGCAAGTGGGAGCAAGCAAGATATTCGGAGTGCAGGGTCT
AGTGAAGGGCGAGGAGGAAGCTCTGGAGGCCAGGGTGGTATGGAGGTGAAACCCTTTACTTGA
AATCTGCTGATGATGGGAAGTGA

SEQ ID NO: 207 *Populus trichocarpa* *Poptr_SYT1* транслювана поліпептидна послідовність

MQQHLMQMMPMAAYPSNVTTDHIQQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENQARLQONLMY
LAAIADCQPQPPTMHAQFPSSGIMQPGAHYMQHQAQQMTPOALMAARSSMLQYAQQPFSALQQ
QQALHSQGLMSSGGSAGLHMMQSEANTAGGSGALGAGRFPDFGMDASSRGIASGSKQDIRSAGS
SEGRGGSSGGQGGDGGGETLYLKSADDGN

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 208 *Populus trichocarpa* Poptr_SYT2 послідовність нуклеїнової кислоти scaff XIV.493

ATGCAGCAGCCACCGCAAATGATTCCTGTCAATTTCTCCATTTCCACCAACAAACATCACCACCTG
AGCAGATCCAAAAGTACCTTGACGAAAACAAAAGTTGATTTTGGCTATATTGGACAACCAAAA
CCTTGGAAAACCTGCTGAATGTGCCAGTATCAAGCCAGCTGCAGAGAATTTGATGTATTTG
GCTGCAATTGCTGATGCCCAACCACAGGCACCAGCAATGCCTCCCCAGATGGCCCCGCATCCTG
CAATGCAACAAGGGGCATATTACATGCAACATCCTCAGGCAGCAGCAATGGCTCAGCAGCCAGG
TGTTTTCCCCCAAAGATGCTATTACAATTCATGCTGGACATCAATGCAGGATCCTCAGCAG
TTACACCAACAAGCCATGCAAGGGCAAATAGGAATTAGACCTATAGGGGCTAACAAATGGCATGC
ATCCCATGCACGCTGAGATTGCTCTTGAAGCAGTGGCCCTTCAGCAAGTGTGTCACAAATGA
TGTACGTGGGGGAAGCAAACAGGATGCCTCTGAGGCTGGCACAACCGGTGCTGATGGCCTAGGG
GGCTCTGCTGCTGGGCATAATGGTGTGACGGTTCCGAGGATGCAAAATGA

SEQ ID NO: 209 *Populus trichocarpa* Poptr_SYT2 транскльована поліпептидна послідовність

MQQPPQMIPVISPFPTNITTEQIQKYL DENKKLILAILDNQNLGKLAECAQYQAQLQKNLMYL
AAIADAQPQAPAMPQQMAPHPAMQQGAYYMQHPQAAAMAQQPGVFPQKMLLQFNAGHQMDPQQ
LHQQAMQGGQIGIRPIGANNGMHPMHAETALGSSGPSASAGTNDVRGGSKQDASEAGTTGADGLG
GSAAGHNGADGSEDAK

SEQ ID NO: 210 *Populus trichocarpa* Poptr_SYT1.2 послідовність нуклеїнової кислоти CV257942.1

Atgcagcagtcaccgcaacaatgttgagcatcaccactgagcagattcaaaagtacttagaag
agaacaagcagctgattatggctatactggagaatcagaacaagggaaacgtttctgaatgtgc
ttcgtatcaagccagttacagcagaacctgatgtacctagcaagaattgctgatgcccaccca
caaggaaccacaatgccttctcagatgccccctcagcagcccgcagtgaagcaagagcagtaca
tgagccatctcaagttgctatgactcagcaaccaattttcttcaatcagaagctccctttcca
aacgaactttcagcatgagcagcagcaacagctgccaccacacctccaacagcaacacttcacc
caaggacagatgagaatgagaccggtgtcactgatcaagattctgatgcctaa

SEQ ID NO: 211 *Populus trichocarpa* Poptr_SYT1.2 транскльована поліпептидна послідовність

MQQSPQQML SITTEQIQKYLEENKQLIMAIL ENQNGVSECA SYQAQLQQNL MYLARIADAQP
QGTTPSQMPQQPAVKQE QYMQPSQVAMTQQPIFFNQKLPFQTNFQHEQQQQLPPHLQQQHFT
QQQMRMRPGVTDQSDA

SEQ ID NO: 212 *Prunus persica* Prupe_SYT2 послідовність нуклеїнової кислоти контигу DT454880.1, DT455286.1

ATGCAGCAGCCACAGCAAATGATCCCTGTGATGCCTACTTCATTTCCACCCACTAACATCACCA
CCGAGCAAATTCAGAAGTACCTTGACGAGAACAAAAATTGATTCTGGCAATATTGGATAATCA
AAACCTTGGAACCTTGCTGAGTGTGCCAGTACCAAGCTCAGCTTCAAAAGAATCTGATGTAT
TTAGCAGCTATTGCTGATGCACAACCACAGGCACCAACAGTGCCTGCTCAGATGGCCCCACATC
CTGCTATGCAACAAGCAGGATATTACATGCAACATCCTCAGGCAGCAGCAATGGCTCAGCAACA
GGGTATTTTCCCCCAAAGATGCCATTGCAGTTCAATAACCCGCACCAAAATGCATGATGCAGCA
CAGCAGCTACACCAGCAGCACCACAAGCCATGCAAGGGCAAATGGGAATGAGAGCTGGAGGGG
CCAATGGCATGCCTTCCATGCATCATACTGAAGCCACACTTGGTGGTGGTAGTGGTGGCCCCAC
TTCAGGTGGAGGGGGTCCAAACGATGGGCGTGGAGGAAAGCAGCAAGACTACTCAGAGGCTGGG
ACAGGTGGTGTGATGGCCAGGGGAGCTCAGCCGGCGGGCATGGCAATGGTGTGATGGAGAAGATGGAA
AGTGA

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 213 *Prunus persica* Prupe_SYT2 транслювана
поліпептидна послідовність

MQQPQPMIPVMPTSFPPNTITTEQIQKYLDENKKLILAILDNQNLGKLAECAQYQAQLQKNLMY
LAAIADAQPQAPTVPAPMAPHPAMQQAGYYMQHPQAAAMAQQQGIFFPKMPLQFNNPHQMHDA
QQQHQQHQQAMQGMGRAGGANGMPSMHNTTEATLGGGSGGPTSGGGGPNDGRGGKQQDYSEAG
TGGDGGQSSAGGHNGDGEDGK

SEQ ID NO: 214 *Saccharum officinarum* Sacof_SYT1 послідовність
нуклеїнової кислоти контигу CA078249.1 CA078630 CA082679
CA234526 CA239244 CA083312

ATGCAGCAGCAACACCTGATGCAGATGAACCAGAACATGATTGGGGGCTACACCTCTCTGCGG
CTGTGACAACCGATCTCATCCAGCAGTACCTGGATGAGAACAAGCAGCTGATCCTGGCCATCCT
CGACAACCGAACAATGGCAAGGTGGAGGAGTGCGAACGGCACCAAGCTAAGCTCCAGCACAAC
CTCATGTACCTGGCCGCCATCGCCGACAGCCAGCCACCACAGACTGCACCACTATCACAATACC
CGTCCAACCTGATGATGCAGCCGGGCCCTCGGTACATGCCACCGCAGTCCGGGCAGATGATGAG
CCCGCAGTCGCTAATGGCGGCGCGGTCTCCATGATGTACGCGCACCCGTCCATGTCAACCACTC
CAGCAGCAGCAGGCAGCGCACGGGCAGCTGGGCATGGCTTCAGGGGGCGCGGTGGCACGACCA
GTGGGTTCAACATCCTCCATGGCGAGGCCAGTATGGGCGGTGCTGGTGGCGCTTGTGCCGGCAA
CAACATGATGAACGCCGGCATGTTCTCAGGCTTTGGCCGCGAGCGGCAGTGGCGCCAAGGAGGGA
TCGACCTCGCTGTGCGTTGACGTCCGTGGTGGCACCAGCTCCGGCGCGCAAAGCGGGGACGGCG
AGTACCTGAAAGCAGGCACCGAGGAAGAAGGCAGTTAA

SEQ ID NO: 215 *Saccharum officinarum* Sacof_SYT1 транслювана
поліпептидна послідовність

MQQQHLMQMNQNMIGGYTSPAAVTTDLIQQYLDENKQLILAILDNQNLGKVEECERHQAQLQHN
LMYLAADIADSPQPTAPLSQYPSNLMMPGPRYPMPQSGQMMSPQSLMAARSSMMYAHPSMSPL
QQQQAHHQLGMASGGGGTTSGFNILHGEASMGAGGACAGNNMMNAGMFSGFGRSRSGAKEG
STSLSDVDRGGTSSGAQSGDGEYLKAGTEEEGS

SEQ ID NO: 216 *Saccharum officinarum* Sacof_SYT2 послідовність
нуклеїнової кислоти CA110367

ATGCAGCAGCCGATGCCCATGCAGCCGAGGCGCCGGAGATGACCCCGCCCGCGGAATCACC
CGGAGCAGATCCAAAAGTATCTGGATGAGAATAAGCAGCTTATTTTGGCTATTTTGGAAAATCA
GAACCTAGGAAAATTTGGCAGAATGTGCTCAGTATCAATCACAACCTCAGAAGAACCTCTGTAT
CTCGCTGCAATCGCAGATGCCCAACCACAGACTGCTGTAAGCCGCCCTCAGATGGCGCCCGCTG
GTGCATTGCTGGAGTAGGGCAGTACATGTACAGGTGCCTATGTTCACCCAGGACACCTCT
AACACCCAGCAGATGCAGGAGCAGCAACTTCAGCAGCAGCAGGCTCAGCTGCTAAATTTTCAGT
GGCCTAATGGTTGCTAGACCTGGCATGGTCAACGGCATGCCTCAGTCCATTCAAGTTAGCAAG
CTCAGCCACCAGCAGGGAACAAACAGGATGCTGGTGGGTGCGCTCGGAGCCCTCGGGCAT
TGAGAACCACAGGAGCACTGGTGGTGATAATGATGGTGGAAGCGACTAG

SEQ ID NO: 217 *Saccharum officinarum* Sacof_SYT2 транслювана
поліпептидна послідовність

MQQPMPMPQAPEMTPAAGITTEQIQKYLDENKQLILAILDNQNLGKLAECAQYQSQLQKNLLY
LAAIADAQPQTAVSRPQMAPPGALPGVGYMSQVPMFPPTPLTPQQMQEQQLQQQAQLLNFS
GLMVARPGMVNGMPQSIQVQQAQPPAGNKQDAGGVASEPSGIENHRSTGGDNDGGSD

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 218 *Saccharum officinarum* Sacof_SYT3 послідовність
нуклеїнової кислоти контигу CA161933.1 CA265085

ATGCAGCAGCAGATGCCCATGCCGCCGCGCGCCGCTGCGGCGGCGGCGCCCCGGCGGCGGCA
TCACCACCGAGCAGATCCAAAAGTATTGGACGAAAATAAGCAACTTATTTGGCCATCTGGA
AAATCAGAACTTAGGAAAGTTGGCTGAATGTGCTCAGTATCAAGCTCAACTTCAAAAGAACCTC
TTGTACCTGGCTGCGATTGCTGATGCCCAACCCAGCCACCACAAAACCTGCAGGTGCGCCCTC
AGATGATGCAACCTGGTATAGTGCCAGGTGCGGGGCATTACATGTCAAGTACCAATGTTCCC
TCCAAGAACTCCATTAAACCCACAGCAGATGCAAGAGCAGCAGCAGCAACAGCTTCAGCAGCAG
CAAGCGCAGGCTCTTACATTCCCTGGACAGATGGTCATGAGACCAGCTACCATCAACGGCATA
AGCAGCCTATGCAAGCTGACCTGCCCGGCGAGGCTGCAACAACCCACCTATCCCAGC
TGACGGGCGAGTAAGCAAGCAGCAGGACACAACGGCTGGCGTGAGCTCAGAGCCTTCTGCCAAT
GAGAGCCACAAGACCACAACCTGGAGCAGATAGTGAGGCAGGTGGTGACGTGGCGGAGAAATCCT
AA

SEQ ID NO: 219 *Saccharum officinarum* Sacof_SYT3 транслювана
поліпептидна послідовність

MQQQMPMPAPAAAAAPPAAGITTEQIQKYLDENKQLLAILLENQNLGKLAECAYQYQQLQKNL
LYLAAIADAQPQPQNPAGRPQMMQPGIVPGAGHYMSQVPMFPPTPLTPQQMQEQQQQLQQQ
QAQALTFPGQVMRPATINGIQPQMADPARAAELQPPPIPADGRVSKQDDTTAGVSSEPSAN
ESHKTTTGADSEAGGDVAEKS

SEQ ID NO: 220 *Solanum tuberosum* Soltu_SYT1.1 послідовність
нуклеїнової кислоти CK265597

ATGCAGCAGCACCTGATGCAGATGCAGCCATGATGGCAGCTTACTATCCAACGAACGTCACTA
CTGACCATATTCAACAGTATTTGGATGAGAACAAATCACTCATTCTGAAAATTGTTGAGAGCCA
AAACTCGGGAACCTCAGTGAATGTGAGAGAACCAAGCTAGGCTTCAGAGGAATCTGATGTAC
CTTGCTGCTATTGCTGATTACAAACCTCAGCCTTCTAGCATGCATTCTCAGTTCTCTTGGTG
GGATGATGCAGCCAGGGACACACAGTTACCTGCAGCAGCAGCAGCAGCAACAACGCGCAACA
AATGGCAACACAACAACTCATGGCTGCAAGATCCTCATCAATGCTCTATGGACAACAACAGCAG
CAGCAGCAGCAGTCTCAGTTATCACAATTTCAACAAGGCTTGATAGTAGCCAACCTGGCATGA
GTTCTGGCAGTGGTGAAGCACTGGACTTCATCACATGCTTCAAAGTGAATCATCACCTCATGG
TGGTGGTTTCTCTCATGACTTCGGCCGTGCAATAAGCAAGACATTGGGAGTAGTATGTCTGCT
GAAGGGCGCGCGGAAGCTCAGGTGGTGATGGTGGTGAGAATCTTTATCTGAAAGCTTCTGAGG
ATTGA

SEQ ID NO: 221 *Solanum tuberosum* Soltu_SYT1.1 транслювана
поліпептидна послідовність

MQQHLMQMPMAAAYPTNVTTDHIQQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENQARLQRNLMY
LAAIADSQPQPSSMHSQFSSGGMMPGTHSYLQQQQQQQAQMATQQLMAARSSSMYGGQQQ
QQQQQLSQFQQLHSSQLGMSGSGGSTGLHMLQSESSPHGGGFSHDFGRANKQDIGSSMSA
EGRGGSSGGDGENLYLKASED

SEQ ID NO: 222 *Solanum tuberosum* Soltu_SYT1.2 послідовність
нуклеїнової кислоти BG590990

ATGCAGCAGCAGCACCTGATGCAGATGCAGCCATGATGGCAGCCTATTATCCCAACAATGTCA
CTACTGATCATATTCAACAGTTCTGGATGAGAACAAATCACTTATTCTGAAGATTGTTGAGAG
CCAGAACTCTGGGAAAATAAGTGAATGTGAGAGTCCCAAGCTAACTTCAGAGAAATCTTATG
TACCTTGAGCTATTGCTGATTACAGCCCCAGCCTCCTAGTATGCATTACAGTTAGCTTCTG
GTGGATGATGCAGGAGGGGCACATTATATGCAGCAACAACAAGCTCAACAACCTCACAACGCA
ATCGCTTATGGCTGCAGCAAGATCCTCCTCAATGCTCTATGGACAACAACAACAACAACA
CAACAACAACCTA

ФІГ. 10 (продовження)

TCATCATTGCAACAAAGCAAGCAGCCTTTTCATAGCCAGCAACTCGGAATGAGCAGCTCTGGTG
GAGGAAGCAGTAGTGGACTTCACATGCTACAAAGCGAAAACACTCATAGTGCTAGCACTGGTGG
TGGTGGTTTCCCTGACTTTGGCAGAGGATTAGGCAGTGGAAAACAGCATGAAATGGGAAGTTCT
ATGTCATGATCAAGGACGGGGCGGAAGCTCAGTGGTCATGGTGGTGATGGAGGTGAGAATCTTT
ACTTGAATCTTCTGAGATGGGAATTAG

SEQ ID NO: 223 Solanum tuberosum Soltu_SYT1.2 трансльована
поліпептидна послідовність

MQQQHLMQMMPMAAAYPNVTTDHIQQFLDENKSLILKIVESQNSGKISECAESQAKLQRNLM
YLAAIADSQPQPPSMHSQLASGGMQGGAHYMQQQQAQQLTTQSLMAAARSSSSMLYGQQQQQQ
QQQLSSLQQQQAAFHSQQLGMSSSGGSSSLHMLQSENTHSASTGGGGFPDFGRGLSGSNKHE
MGSSMSDQGRGGSSSGHGGDGGENLYLKSSDGN

SEQ ID NO: 224 Solanum tuberosum Soltu_SYT3 послідовність
нуклеїнової кислоти CK272804

ATGCAGCAACCACCACCCATGATTCCAATGATGCCCTCTTTTCCTTCTCCTAATATCACTACTG
AGCAGATTCAAAAGTACCTGGACGAGAACAAAGACATTGATTTTGGCCATATTGGACCATCAAAA
TCTTGGGAAACTAGCTGAATGTGCACAGTACCAGGCTAAACTTCAGAAGAACTTGATGTACTTG
GCCGCTATTGCTGATGCTCAACCACAATCACCAGCTATTCCAACGCAAATGGCTCCTCATCCTG
CAATGCAACAAGGAGGATTTTACATGCAGCACCCTCAGGCTGCAGCCATGACTCAACAACAAGG
TATGTTTACTTCAAAGATGCCACTGCAGTTCAAACAACCCACAGCAACTACACGATCAGCAGCAG
CTTCAACATCAACATCAACATCAACAACCTACAGCGACAGCAGCAAGGTATGCAACTTGGAGGTG
CCAACAGCTGGAATGCACTCCACTCTTGGTAGTACAAGTAAATGTTAGCCAGCTTACAACCTTCAGG
TGCTGGTGATGCACGCGGAGGAAACAAACAGACAACCTCTGAAGCGGGTGCTGATGGTCAGGCT
AGCTCAGTGACTGCCCAAGTCTCGGAAGAACGCAAGTGA

SEQ ID NO: 225 Solanum tuberosum Soltu_SYT3 трансльована
поліпептидна послідовність

MQQPPPMIPMMPSPFSPENITTEQIQKYLDENKTLILAILDHQNLGKLAECAQYQAKLQKNLMYL
AAIADAQPQSPAIP TQMAPHPAMQQGGFYMQHPQAAAMTQQQGMFTSKMPLQFNNPQQLHDQQQ
LQHQHQHQLQRQQQGMQLGGANSGMHSTLGSTSNVSQLTTSGAGDARGGNKQDNSEAGADGQA
SSVTAQVSEERK

SEQ ID NO: 226 Sorghum bicolor Sorbi_SYT1 послідовність
нуклеїнової кислоти TA40712 4558

ATGTCAGCAGCAACACCTGATGCAGATGAACCAGAAACATGATTGGGGGCTACACCTCTCCTGCCG
CTGTGACCACCGATCTCATCCAGCAGTACCTGGATGAGAACAAGCAGCTGATCCTGGCCATCCT
CGACAACCAGAACAATGGAAAGGTGGAGGAGTGCGAACGGCACCAAGCTAAGCTCCAGCACAAC
CTCATGTACCTGGCGGCCATCGCTGACAGCCAGCCACCACAGACTGCACCCTATCACAGTACC
CGTCCAACCTGATGATGCAGCCAGGCCCTCGGTACATGCCACCGCAGTCCGGGCAGATGATGAG
CCCGCAGTCGCTAATGGCGGCGCGGTCTCCATGATGTACGCGCACCCGTCCATGTGCGCCACTC
CAGCAGCAGCAGGCAGCGCACGGCCAGCTGGGCATGGCTTCAGGGGGCGGCGGTGGCACGACCA
GTGGGTTTCAGCATCCTCCACGGCGAGGCCAGCATGGGCGGTGCTGCTGGCGCAGGCACCGGCAA
CAGCATGATGAACGCCGGCATGTTCTCAGGCTTTGGCCAGCAGCGGCAGTGGCGCCAAGGAGGGA
TCGACCTCGCTGTCTGTTGACGTCCGTGTGGCATTCGGCCAGCTCCGGCGCGCAGAGCGGGACGGCG
AGTACCTGAAAGCAGGCACCGAGGAAGAAGGCAGTTAA

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 227 Sorghum bicolor Sorbi_SYT1 трансльована
поліпептидна послідовність

MQQQHLMQMNQNMIGGYTSPAAVTTDLIQQYLDENKQLILAILDNQNNKGVEECERHQAKLQHN
LMYLAATADSQPPQTAPLSQYPSNLMMPGPRYPMPQSGQMMSPQSLMAARSSMMYAHPSMSPL
QQQQAANGQLGMASGGGGTTSGFSILHGEASMGGAAGAGTGNMNMAGMFSGFGRSRSGAKEG
STSLSDVRGGTSSGAQSGDGEYLKAGTEEEGS

SEQ ID NO: 228 Sorghum bicolor Sorbi_SYT2 послідовність
нуклеїнової кислоти контигу CF482417 CW376917

ATGCAGCAGCCGATGCCCATGCAGCCGAGGCGCCGCGATGACCCCGCCCGCGGAATCACCA
CGGAGCAGATCCAAAAGTATCTGGATGAGAATAAGCAGCTTATTTTGGCTATTTTGGAAAATCA
GAACCTAGGAAAAATTGGCAGAATGTGCTCAGTATCAATCACAACTTCAGAAGAACCTCTGTAT
CTCGCTGCAATCGCAGATGCCCAACCACAGACTGCTGTAAGCCGCCCTCAGATGGCGCCGCTG
GTGCATTGCCTGGAGTAGGGCAGTACATGTCACAGGTGCCTATGTTCCCAACCAAGGACACCTCT
CACACCCCAACAGATGCAGGAGCAGCAACTTCAGCAGCAGCAGGCTCAGTTGCTAAATTTAGT
GGCCAGATGGTTGCTAGACCTGGCATGGTCAACGGCATGCCTCAGTCCATTCAAGCTCAACAAG
CTCAGCCATCACCAGCATTGAACAAACAGGATGCTGGTGGAGTCGCCTCAGAGCCCTCGGGCAC
TGAGAGCCACAGGAGCACTGGTGGTGATAATGATGGTGGAAGCGACTAG

SEQ ID NO: 229 Sorghum bicolor Sorbi_SYT2 трансльована
поліпептидна послідовність

MQQPMMPQAPAMTPAAGITTEQIQKYLDENKQLILAILENQNLGLAECAQYQSQLQKNLLY
LAAIADAAQPTAVSRPQMAPPALPGVGYMSQVPMFPPTPLTPQQMQEQQLQQQAQLLNFS
GQMVARPVMVNGMPQSIQAQQAQPSPALNKQDAGGVASEPSGTESHRSTGGDNDGGSD

SEQ ID NO : 230 Sorghum bicolor Sorbi_SYT3 послідовність
нуклеїнової кислоти CX611128

ATGCAGCAGCAGATGCCCATGCCCGCGCGCCCGCTGCGGCGGCGGCGACGGCGCCCCGGCGG
CCGGCATCACACCGAGCAGATCCAGAAGTATTTGGACGAAAATAAGCAACTTATTTTGGCCAT
CCTAGAAAAATCAGAACTTAGGAAAGTTGGCTGAATGTGCTCAGTATCAAGCTCAACTCAAAAG
AACCTCTTGACCTGGCTGCGATTGCTGATGCCCAACCCCGACACCGCAAAACCTGCAGGTC
GCCCTCAGATGATGCAACCTGGTATAGTGCCAGGTGCAGGGCATTACATGTCAAGTACCAAT
GTTCCCTCCAAGAACTCCATTAACCCACAGCAAAATGCAAGAGCAGCAGCAGCAACAGCTTCAG
CAGCAGCAAGCGCAGGCTCTTGCAATCCCTGGGCAGATGGTCATGAGACCAGCTACCATCAACG
GCATGCAGCAGCCTATGCAGGCTGACCCTGCCCGGCGAGCGGAGCTGCAACAGCCAGCATCTGT
CCCAGCCGACGGGCGAGTAAGCAAGCAGGACACAGCGGCTGGGGTGAGCTCAGAGCCTTCTGCC
AATGAGAGCCACAAGACCACAACCGGAGCAGATAGTGAGGCAGGTGAGACGTGGCGGAGAAAT
CTAA

SEQ ID NO: 231 Sorghum bicolor Sorbi_SYT3 трансльована
поліпептидна послідовність

MQQQMPMPRAPAAAAATAPPAAGITTEQIQKYLDENKQLILAILENQNLGLAECAQYQAQLQK
NLLYLAATADAQPRPPQNPAGRPQMMQPGIVPGAGHYMSQVPMFPPTPLTPQQMQEQQQQLQ
QQQAQALAFPGQVMRPATINGMQQPMQADPARAAELQQPASVPADGRVSKQDTAAGVSSEPSA
NESHKTTTGADSEAGGDVAEKS

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 232 *Taraxacum officinale* Tarof_SYT2 послідовність нуклеїнової кислоти TA1299_50225

ATGAAGCAGCCGATGATGCCTAATCCAATGATGTCTTCTCCGTTTCTCCTTCCAACATCACCACCGATCAGATCCAAAAGTTCTTAGACGAAAACAAGCAACTGATATTAGCAATAATGAACAACCAAACTAGGAAAGCTTGCTGAATGTGCCCAGTATCAAGCTCTACTCCAAAAGAATTTAATGTATCTAGCAGCCATTGCAGATGCTCAACCACCAACACCAACACCAACCAAAATATCTCATCTCAGATGGGCCCGGTTCCACATCCAGGGATGCCACAACAAGGTGGATTCTACATGGGGCAGCACCTCAAGCGCAGTAATGGCGGCTCAGCCACCTTCTGGTTTCCCACAACCAATGCCAGGCATGCAGTTTAAATACCCACAGGGTATCCAAGGTGAGATGGGCGGGAGGTCCGGTGGGCCACCAAACTCAGCTGGCGCGATGTTTGGAGAGGAAGCATGCAAGATGGTGGTGGTGGCGGTGTTGATGGTGGTAAGGATGGTCATGCTGGCGGTGGTCCACCGAGGAAGGAAAGTGA

SEQ ID NO: 233 *Taraxacum officinale* Tarof_SYT2 транслювана поліпептидна послідовність

MKQPMMPNPMSSPFPSPNITTDQIQKFLDENKQLILAIMNNQNLGKLAECAQYQALLQKNLMYLAATADAQPPTPTPTPNISSQMGVPVHPGMPQQGGFYMGQHPQAAMVMAAQPPSGFPQPMGPMQFNTPQGIQQQMGGSGGPPNSAGGDVWRGSMQDGGGGGVDDGGKDGHAGGGPPEEGK

SEQ ID NO: 234 *Taraxacum officinale* Tarof_SYT3 послідовність нуклеїнової кислоти TA5000_50225

ATGCAGCAGCAACAGCATCAACAACCACCGCAATCGCAACTGCAACCGCCACCTTAAACTCCGGTGCTCCATTTTCTCCCAATGCGATCACCTCCGACCAGATTCAAAAGTGTCTGGATGACAACGAGAACCTGATTATAGCAATATTGGAAAATCAAAATCTTGGGAAATTTCAAGAGTGTGCTCAGTATCAAGCCATTCTCCAAAAGAACTTAATGTATTTAGCTGCAATTGCTGATGCTCAACCACCAACACAACAACCATCAACTCCTCAAATGCCACCAAAATTCATTCTCAACAACCAACAATTACATGCAACAACAACCAAAATCACCGCCCTCAACAAGGCGGCATAGGTGGTGGTGGCGGTGTTCCAAAACCTACCTTTTCAACTTAATGCCCTTCGTACACAAGATCAACAACAACAATTACTCCAATTTCAACAACAACAACCTCAAGCACAAATGGGGATGAGACCTAGTTCCCAAGATGGGATGCTTGAATGCATCAAGCTATGCAGTCTGCACTCGCGGGCAATCCGGGCAGTTTGATGGATGGTAGAGGGAACAAGCAAGATGGATCAGAGGCGGCGCTTCTGGTGGTGGTGGTGGTAAATAGAGAATCATGA

SEQ ID NO: 235 *Taraxacum officinale* Tarof_SYT3 транслювана поліпептидна послідовність

MQQQQHQPPQSQQLQPPTLNSGAPFSPNAITSDQIQKCLDDNENLIILAIENQNLGKFQECAQYQAILQKNLMYLAATADAQPPTQQPSTPQMPNPNSIPQQPNNYMQQQHQITAPQQGGIGGGGVPKLPFQLNALRTQDQQQQLLQFQQQQLQAQMGMRPSSQDGM LGMHQAMQSALAGNPGSLMDGRGNKQDGSEAAASGGGGGNRES

SEQ ID NO: 236 *Triticum aestivum* Tria SYT1 послідовність нуклеїнової кислоти TA105893_4565

ATGCAGCAGCAACACCTGATGCAGATGAACCAGAGCATGATGGGGGGCTACGCTTCTCTACCACTGTCAACCACTGATCTCATTACAGCAGTACCTGGATGAGAACAAGCAGCTGATCTGGCCATCCTCGACAACCAGACAACGGCAAGGTGGAGGAGTGCACGGAACCAAGCTAAGCTCCAGCAGAACCTCATGTACCTCGCCGCATCGCCGACAGCCAGCCTCCGCAGACGGCATCGCTGTCTCAGTACCCTGCCAACCTGATGATGCAGTCCGGGCCGCGGTACATGCAGCAGCAGTCCGGCGCAGATGATGTCGCCGAGTCCGTGATGGCGGCGCGTTCGTGATGATGTACGCGCAGCAGGCCATGTCCCGCTCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGCAGGCGCGCGCACGGCCAGCTGGGGATGTCTCCGGCGCGACCAACCGGTTTC

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 237 *Triticum aestivum* Triae_SYT1 трансьована
поліпептидна послідовність
MQQQHLMQMNQSMGGYASSTTVTTDLIQQYLDENKQLILAILDNQNNGKVEECARNQAKLQQN
LMYLAAIADSQPPQTASLSQYPSNLMMQSGPRYMQQSAQMMSPOSLSMAARSSMMYAQQAMSPL
QQQQQQQHQAAAHGQLGMSGGDTGFNLLHGEASMGGGGGGASGNSMAGVFSYRRGGSGAK
EGSTSLADARGANSANSGSDGEYLLKGTEEEGS

ATGCAGCAAGCGATGCCCATGCCGCCGGCGGGCGGGCGCCGGGGATGCCTCCGCTGCTGGCC
TCAGCACCGAGCAGATCCAAAAGTACCTGGATGAAAATAAGCAACTAATTTTGGCTATCTTGGA
AAATCAGAACCTGGGAAAGTTGGCGGAATGTGCTCAGTATCAAGCTCAGCTTCAGAAGAATCTT
TTGTATTTGGCTGCAATCGCTGATACTAGCCACAGACCACTGTAAGCCGTCTTCAGATGGCAC
CACCTAGTGCATCCCCAGGGGCAGGGCAATTACATGTACAGGTGCCAATGTTCCCTCCGAGGAC
CCCTCTAACGCCTCAGCAGATGCAGGAGCAGCAACTACAGCAGCAACAGGCTCAGATGCTTCCG
TTTGCTGGTCAAATGGTTGCGAGACCTGGGGCTGTCAATGGCATGCCTCAGGCCCTCAAGTTG
AACCAGCCTATGACAGCAGGTGGGGCAGTTCTGAGCCTTCTGGCACTGAGAGCCACAGGAGCAC
TGGTGGCCGATAATGACGGGGGGGACGGCGTTGGGCTGATCAGTCTCTAA

MQQAMPMPAAAAAPGMPPSAGLSTEQIQKYL DENKQLILAIL ENQNLGKLAECAQYQAQLQKNL
LYLAAIADTQPQT TVSRPQMAPPSPGAGHYMSQVPMFP PRTP LTPQMQEQQLQQQQAQMLP
FAGOMVARPGAVNGMPOAPOVEPAYAAGGASSEPSGTESHRSTGADNDGGSGWADOS

ATGACGACAGGCGATGTCCTTGCCCCGGGAGCGGTGGCGCGGTGTCTCGCCGGCCGGCATCA
CCACCGAGCAGATCCAAAAGTATTTGGATGAAAATAAGCAACTTATTTTGGCCATCCTTGAAAA
TCAGAACCTAGGAAAGTTGGCTGAATGTGCTCAGTATCAAGCTCAACTCCAAAAGAATCTCTTG
TATCTAGCTGCTATCGCGGATGCCCAACCACAGAACCTTACAAGTACCCTCAGATGGTGC
AGCCTGGTAGTATGCAAGGTGCAGGGCATTACATGTCAAGTACCAATGTTCCCTCCAAGAAC
GCCTTTAACCCACACGACAGATGCAAGAGCAGCAGCACCAGCAGCTTCAGCAGCAGCAAGCCCAG
GCCCTTTCTTTCCCCGCCCAGGTGGTCTATGAGACCAGGCACCGTCAACGGCATGCGCAGCCTA
TGCAAGCAGCCGCGGACCTCCAGGCAGCAGCAGCACCCTGGAGGGAGCAAGCAGGACGCCGCAGT
GGCTGGGGCGAGCTCGGAACCATCTGGCACCAAGAGCCACAAGAACGCGGGAGCAGAGGAGGTG
GGCGCTGATGTAGCAACAACATCCTAA

MQQAMSLPPGAVGAVSSPAGITTEQIQKYL DENKQLILAIL ENQN LGKLAECAQYQAQLQKNLL
YLA AIADAQP PNPTSHPMVQPGSMQGAGHYMSQVPMFP PRTP LTPQQMQEQHQQLQQQQAQ
ALSFP AQVVMRPGTVNGMQQPMQAAGDLQPA AAPGGSKQDA AVAGASSEPSG TKSHKNAGAE EV
GADVAEOS

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 242 Vitis vinifera Vitvi_SYT1.1 послідовність нуклеїнової кислоти DV219834

ATGCAGCAGCACCTGATGCAGATGCAGCCCATGATGGCAGCCTATTACCCAGCAACGTACCA
CTGATCACATTCAGCAGTATCTTGATGAAAAACAAGTCATTGATTCTGAAGATTGTTGAGAGCCA
GAATTCAGGAAAAATTGACTGAATGTGCAGAGAACCAGGCAAGACTACAGAGAAACCTCATGTAC
CTGGCTGCAATTGCTGATTCTCAACCCCCAACCCACCATGCATGCTCAGTTCCTCTCTAGTG
GCATTGTTTCAGCCAGGAGCTCACTACATGCAACACCAACAAGCTCAACAAATGACACCACAGTC
GCTCCTGGCTGCACGCTCCTCCATGCTGTACACCAACAACCATTTTCGGCCCTGCAACAACAA
CAAGCCATCCATAGCCAGCTTGGCATGGGCTCTGGTGGAAGTGCAGGACTTCACATGCTGCAAA
GCGAGGGGAGTAATCCAGGAGGCAATGGAACACTGGGGACTGGTGGGTTTCTGATTTTCAGCCG
TGGAACCTTCTGGAGAAGGCCTGCAGGCTGCAGGCAGGGGAATGGCTGGTGGGAGCAAGCAAGAT
ATGGGAAATGCAGAAGGGCGAGGAGGGAACCTCAGGAGGTGAGGTGGGGATGGAGGTGAGACTC
TTTACTTGAAAGCTGCTGAAGATGGGAATTGA

SEQ ID NO: 243 Vitis vinifera Vitvi_SYT1.1 трансьована поліпептидна послідовність

MQQHLMQMPPMMAAYYPSNVTTDHIQQYLDENKSLILKIVESQNSGKLTECAENQARLQRNLMY
LAAIADSQPPPTMHAQFPPSGIVQPGAHYMQHQQAQQMTPQSLLAARSSMLYTQQPFSAQQQ
QAIHSQLGMGSGGSAGLHMLQSEGSNPGNGTLGTGGFPDFSRGTSGEGLQAAGRGMAGGSKQD
MGNAEGRGNSGGQGGDGETLYLKAEDGN

SEQ ID NO: 244 Vitis vinifera Vitvi_SYT1.2 послідовність нуклеїнової кислоти EE108079

ATGCAGCAACACCTTATGCAGATGCAGCCTATGATGGCAGGAAGCCATAACCTCAGCAGCATCA
CTACTGATCACATCCAACAGTACCTAGATGAGAACAAGTCTTTGATTTTGAATTTCTTGAGAG
CCAAATTCAGGGAACTCAGTGAATGTGCGGAGAACCAGCAAGACTTCAGCGAAACCTTATG
TACCTTGCTGCAATTGCTGATTGCCAACCACAACCACCATCCCTGCAGGCTCAGTTTTCCCCCA
ATATGGTCATGCAACCAGGAGTCAACTACATGCAGCACCACAACATCCCAACAGATGATGCCACA
GTCACTAATGGCAGCCCGAGCACCCATGTTGTATGCTCAGCAGCATCCATATTTGGCATTGCAG
CAACAACAAGCTCTACAAAGCCAGCTTGGCATGAGCTCCACTGGAATGGGTGGAATCCACATGC
TACAAAGTGAACCTAATGTTGGAGGGAATGGGACTGGAGCCTTTTCCGATCTTGGTGCAGCAT
GACTGGGGAGGGCTTGTGCGCTGTGAGCAGGGGACTGGGTAGTGCAAGCAAGCAAGATGTGGGG
AGTGTAGGCTCTGCGGAAGGTGACGTGGCTACTTGGGAGGGCAAGGTGCAGATAAAGGAGAAA
CTCTTTACTTTTAAAGTGTGAAGAAAAGGACTGA

SEQ ID NO: 245 Vitis vinifera Vitvi_SYT1.2 трансьована поліпептидна послідовність

MQQHLMQMPPMAGSHNLSSITTDHIQQYLDENKSLILKILESQNSGKLSECAENQARLQRNLM
YLAADIADCPQPPSLQAQFSPNMVMQPGVNYMQHQQSQQMMPQSLMAARAPMLYAQQHPYLALQ
QQQALQSLGMSSTGMGGIHLQSEPNVGGNGTGAFSDLGRSMTGEGLSAVSRGLGSASKQDVG
SVGSAEGRRGYLGQGGADKGETLYFKSAEEKD

SEQ ID NO: 246 Vitis vinifera Vitvi_SYT2.1 послідовність нуклеїнової кислоти EC939550

ATGCAGCAGAACCCCCAGATGATACCTGTTATGCCTTCTTTTCCACCCAACAACATCACTACCG
AGCAGATTCAGAAGTATCTCGATGAGAATAAAAAATTGATTCTGGCAATATGGACAATCAAAA
CCTTGGAAGCTTGCTGAGTGTGCACAGTACCAAGCTCAGCTTCAAAAGAAATTTGATGTATCTA
GCTGCAATTGCTGATGCTCAGCCACAGGCACCACCGACAATGCCTCCCCAGATGGCCCCACACC
CTGCAATG

ФІГ. 10 (продовження)

CAGCAGGGAGGGTACTACATGCAGCATCCCCAGGCGGCAGCAATGGCTCAGCAACCTGGTCTTT
TCCCTCCCAAGATGCCCTTACAATTTGGTAACCCACATCAACTTCAGGAGCAAGCACAGCAGCT
GCAGCAGCTACAGCAACAAGCCATGCAAGGGCAGATGGGCATGAGACCTGGAGGGGCCAACAAC
GGCATGCATCCCATGCATCCTGAGGCCACTCTTGGTGGTGGCAGCAGTGGTGGCCCTCCACCAT
CTGCCGGCCTCAGTGATGCACGCGGAGGTGGCAAGCAAGACACTTCCGAAGCAGGGGCTTCTGG
TGGTGATGGTCAGGGGAGCTCAGCTGCTGGGCATGGCGGCATGGCGAATCACCTACTTGAAG
GGGTCAGAGGATGGAAGTGA

**SEQ ID NO: 247 Vitis vinifera Vitvi_SYT2.1 трансьована
поліпептидна послідовність**

MQQNPQMIPVMPSPFPNNITTEQIQKYLDENKKLILAILDNQNLGKLAECAQYQAQLQKNLMYL
AAIADAQPAPPTMPQMAPHPAMQQGGYMQHPQAAAMAQQPGLFPPKMPLOFGNPHQLQEQ
QQLQQLQQAMQGMMPGANNMHPMHPEATLGGSSGGPPPSAGLSDARGGGKQDTSEAG
ASGGDQGSSAAGHGGDGPYLGKSEDK

**SEQ ID NO: 248 Vitis vinifera Vitvi_SYT2.2 послідовність
нуклеїнової кислоти**

ATGCAGCAGCAACCACCACAGATGATGAACATTGCGCCTTCATTTCTCCACCGCCATCACCA
CTGAGCAGATTGAGAAGTATCTGGATGAGAACAACAATTGATTCTGGCAATTCTGGAAAACCA
GACCTTTGAAAACTCGCCGAGTGTGCCCAATATCAAGCCAGCTTCAGAAGAACTTGATATAT
CTAGCTGCAATTGCTGATGCCCCAACCCAGCAGCAACAGTGCCTCCTCAGATGCCTATACATC
ATGCCATGCAACAAGGGCATTACATGCAACACCCTCAGGCTGCTGCAGCTCAGCAACAACCAGG
CATGTTTGGTGCAAGTTGCCTTTCCAGCTTAGCGATCAGCAACAGCAGCAGCAGCATCTTTT
TTACACCTCCAACAACAGCAACCCATCCAAGGGCTCATGGGCATGAGGCCATCATCAACAATG
GCATGCATCAGGCCATGCAAACTGGGCTTGGTGCTTTGAGCGGTTTCATGGATGTACGTGGAAG
CAAGCCAGATGGCTCAGAGGTTGGTTTTGGTGATGGCCAAGGAAGTTTGCTTCTGGACATGGC
AGTGGAATAGAGATTCCTAA

**SEQ ID NO: 249 Vitis vinifera Vitvi_SYT2.2 трансьована
поліпептидна послідовність**

MQQQPPQMNIAPSFPPTAITTEQIQKYLDENKQLILAILLENQTLGKLAECAQYQAQLQKNLIY
LAAIADAQPPAPTVPPQMPIHNAHQGHYMQHPQAAAAQQQPGMFGAKLPQLSDQQQQQHHF
LHLQQQPIQGLMGRPIINNGMHQAMQTGLGALSGFMDVRGSKPDGSEVGFQDQGGKFGASGHG
SGNRDS

**SEQ ID NO: 250 Volvox carteri Volca_SYT послідовність
нуклеїнової кислоти контигу JGI_CBH011121.fwd, JGI_CBH011121.rev**

ATGGCGGCAGTGTCAGGTCAGGCCAAGCCAGCCCCAATGACAACGGAGCGAATCCAAGAAATGC
TTGAAGAAAACTTCAAGTTTATCAAGGCACTCGCCGAACAGCAAAACCTTGGTCAATGCAGGA
CGTCATCCAGTTCAGCAGAAGCTTCAAGAAAACCTTATGCTACTAGCAGCTGTGGCGGACACC
TACTCATCAGCGTCTGCAACGGGAGCTGTGCCCAGGCGACTGCAGCTCCCGGCATGGCGGCAC
AGGCGGCCCCGGCGCCGCTGCTGCTCTCCCTGGAACAGCTGTTGCTACGGCGGCGCTCCCGCT
CCCTGGCTTGCCGCAACAACAGCAACCGCAGCAGCAGCAGCAGCCGAGCAGCCAGGGCAG
CCCAGCCCCGCTAATGATGGTCATGCCGGGCTCTTCCGGGACGAGGCGCCTACGCAACTGGGGG
CCATGCAACTCAGCAGCAGCAGATACAAGCTGCGGTACAGCAAGCGCTAGTCCGACAGCAGCA
GCAGCAACAACAACAGCAGCAGCAAAATCCAAATCCGTTTCAGGGGAGCAATTCAGCTGCCA
CAGTCACTTCAGCAGCCGAGTCCCTGGGACAGCAGCCAGTTTAAAGTGCATGGGGGCCCTGG
GAGGGCCCTTGGCTGGTCAGGGGACGGCGGCAGGGCAGGCGGAGCAGGTGGTTTCCAGCTGCC
CGCGGCGCTCCTTTGAACCTTGGGCTTTGA

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 251 Volvox carteri Volca_SYT транслювана поліпептидна послідовність

MAVSGQAKPAPMTTERIQEMLEENFKFIKALAEQQNLGRMQDVIQFQQKLQENLMLLAAVADT
YSSASATGAAAQATAAPGMAAQAARPPAAALPGTAVATAALPLPGLPQQQQPQQQQPQQQPGQ
PSPLMMVMPGSSGTQAPTQLGAMQLTQQQIQAAVQQALVRQQQQQQQQQQNPNPFQGGQFQLP
QSLQQPQSLGQQPVLSAMGALGGPLAGQGTAAGQAGAGGFQLPAAPPLNLGL

SEQ ID NO: 252 Welwitschia mirabilis Welmi_SYT послідовність нуклеїнової кислоти DT598761

ATGCAAAATGCAGCCTATGATAGGGGCAGGATACTCCTCCAATAGCATCACCCTGATCACAATTC
AGAAGTATTTGGATGAGAATAGGCAATTGATTCTGGCAATTCTTGACAACCAAAATCTTGAAA
GTTGAATGAATGTGCACAATACCAAGCCAGGCTTCAACAAAATTTAATGTATTTGGCTGCTATT
GCTGATTTCCCAACCGCAAACACCTGCTGCACATGCCAGATCGCATCCAATGCAATGCTTCAAG
CAGGTGGTCATTATATGCAGCACCAGCAGACAGTAACTCCCCAGTCACTTCTTGCTGCAAGGTC
ATCTATGCTTTACAGTCAGCAACCTATGACTGCATTCCATCAAGCACAGCAGCAGCAACAA
CAATCTCTCCATGGCCAGTTGGGGATAAATTTCAGGAGGAAACAATGGATTACATATTCTTCATG
GTGAAACAAGCATGGGTAGTAATGGACCTCTCACGACAGGAAGCTTTCCTGATTTTGGGCGAGG
TTCAGTAAATTGTGATCTATTGCAGGGCAATAGGAGCTTGACTATTGACCGTGGCTCTAGCAAG
ATTGATGGGCTTGGAACAGAGAATACGCACCCTGTAGAAGGGCGAGGAGGAGCAAGTGTGGGCC
AAAACACAGAAGAAGGGGCACCATCTTATTTGAAAGCTTCTGAGGATGAGGGAAGCTAG

SEQ ID NO: 253 Welwitschia mirabilis Welmi_SYT транслювана поліпептидна послідовність

MQMQPMIGAGYSSNSITTDHIQKYLDENRQLILAILDNQNLGKLNECAQYQARLQQNLMYLAAI
ADSQPQTPAHAQIASNAMLQAGGHYMQHQQTVPQSLLAARSSMLYSQQPMTAFHQAAQQQQQ
QSLHGQLGINSNGNGLHILHGETSMGSNGPLTTGSFPDFGRGSVNCDDLQGNRSLTIDRGSSK
IDGLGTENTHPVEGRGGASVGQNTTEGAPSYLKASEDEGS

SEQ ID NO: 254 Zea mays Zeama_SYT1 послідовність нуклеїнової кислоти контигу BG874129.1, CA409022.1

ATGCAGCAGCAACACCTGATGCAGATGAACCAGAACATGATGGGGGGCTACACCTCTCCTGCCG
CCGTGACCACCGATCTCATCCAGCAGCACCTGGACGAGAACAAGCAGCTGATCCTGGCCATCCT
CGACAACCAGAACAAATGGCAAGGCGGAGGAGTGCGAACGGCACCAAGCTAAGCTCCAGCACAAC
CTCATGTACCTGGCCGCCATCGCTGACAGCCAGCCGCCACAGACCGGCCACTATCACAGTACC
CGTCCAACCTGATGATGCAGCCGGGCCCTCGGTACATGCCACCGCAGTCCGGGCAGATGATGAA
CCCGCAGTCGCTGATGGCGGCGCGGTCTCCATGATGTACGCGCACCCGTCCCTGTGCGCACTC
CAGCAGCAGCAGGCGGCGCACGACAGCTGGGTATGGCTCCAGGGGGCGGCGGTGCGCGCACGA
CCAGCGGGTTCAGCATCCTCCACGCGGAGGCCAGCATGGGCGGTGGTGGTGTGCGCAGGCGC
CGGCAACAACATGATGAACGCCGCGCATGTTCTCGGGCTTTGGCCGCGAGCGGCGAGTGGCGCAAG
GAAGGGTCGACCTCTGTGCGGTTGACGTCCGGGTGGAACCAGCTCCGGCGCGCAGAGCGGGG
ACGGCGAGTACCTCAAAGTCGGCACCGAGGAAGAAGGCAGTTAG

SEQ ID NO: 255 Zea mays Zeama_SYT1 транслювана поліпептидна послідовність

MQQQHLMQMNQNMGGYTSPAAVTTDLIQQHLDENKQLILAILDNQNNNGKAEECERHQAKLQHN
LMYLAADIADSPPTAPLSQYPSNLMMPGPRYMPPQSGQMMNPQSLMAARSSMMYAHPSLSPL
QQQQAANGQLGMAPGGGGGGTTSGFSLHGEASMGGGGAGAGAGNNMMNAGMFSGFGRSGSGAK
EGSTSLSVDVRGGTSSGAQSGDGEYLVKVGTEEEGS

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO:256 Zea Mays Zeama_SYT2 послідовність нуклеїнової кислоти AY106697

ATGCAGCAGCCGATGCACATGCAGCCACAGGCGCCGCGGATAACCCAGCTGCCGGAATCAGCA
CGGAGCAGATCCAAAAGTATCTGGATGAGAATAAGCAGCTTATTTTGGCTATTTTGAAAAATCA
GAACSTAGGAAAATTGGCAGAATGTGCTCAGTATCAATCACAACCTTCAGAAGAACCTCTTGAT
CTCGCTGCAATCGCAGATGCTCAACCGCAGACTGCTGTAAGCCGCCCTCAGATGGCGCCGCTG
GTGGATCGCCTGGAGTAGGGCAGTACATGTCAAGGTGCCTATGTTCCACCGAGGACACCTCT
TACACCCAGCAGATGCAGGAGCAGCAGCTTCAGCAGCAGCAGGCTCAGTTGCTAAACTTCAGT
GGCCAAATGGTTGCTAGACCAGGCATGGTCAACGGCATGGCTCAGTCCATGCAAGCTCAGCTAC
CACCGGGTGTGAACAAGCAGGATGCTGGTGGGTGCGCTCTGAGCCCTCGGGCACCAGAGCCA
CAGGAGCACTGGTGGTGACGATGGTGAAGCGACTAG

SEQ ID NO: 257 Zea mays Zeama_SYT2 трансьована поліпептидна послідовність

MQQPMHMQPQAPAITPAAGISTEQIQKYLDENKQLILAILLENQNLGKLAECAQYQSQLQKNLLY
LAAIADAQPQTAVSRPQMAPPGGSPGVGQYMSQVPMFPPTPLTPQQMQEQQLQQQAQLLNFS
GQMVARPGMVNGMAQSMQAQLPPGVNKKDAGGVASEPSGTESHRTSGDDGGSD

SEQ ID NO: 258 Zea mays Zeama_SYT3 послідовність нуклеїнової кислоти C0468901

ATGCAGCAGCAGATGCCCATGCCCGCCGCGCCCGCTGCCCGCCGCGGCGGCGGCGCCCCGGCGG
CAGGCATCACTACCGAGCAGATCCAGAAGTATTTGGACGAAAAAAGCAACTTATTTTGGCCAT
CCTGGAAAAATCAGAACTTAGGGAAGTTGGCTGAATGTGCTCAGTATCAAGCTCAACTTCAAAAG
AACCTCTTGACCTGGCTGCGATTGCTGATGCCCAACCCAGCCTCCGCAAAACCTGCAGGTC
GCCCTCAGATGATGCAGCCTGGTATAGTGCCAGGTGCGGGGCATTACATGTCAAGTACCAAT
GTTCCCTCCAAGAACCCCATTAACCCACAGCAGATGCAGGAGCAGCAGCAACAACAAGATTT
CAGCAGCAGCAGCAGCAAGTGAGGCTCTTACATTTCTGGACAGATGGTCATGAGACCAGGCA
CCATCAACGGCATGCAGCAGCAGCAGCCTATGCAGGCTGACCTTGCCCGGCGAGCAGCGGAGCT
GCAGCAGGCAGCACCTATCCAGCTGACGGGCGAGGAAGCAAGCAGGACACCGCGGGTGGGGCG
AGCTCAGAGCCTTCTGCCAATGAGAGCCACAAGAGCGCCACCGAGCAGATACCGAGGCAGGTG
GCGACGTGGCCGAGAAATCCTAA

SEQ ID NO: 259 Zea mays Zeama_SYT3 трансьована поліпептидна послідовність

MQQQMPMPAPAAAAAAPPAAGITTEQIQKYLDENKQLILAILLENQNLGKLAECAQYQAQLQK
NLLYLAAIADAQPQPPQNPAGRPQMMPGIVPGAGHYMSQVPMFPPTPLTPQQMQEQQQQQQF
QQQQQQVQALTFFPGQVMVRPGTINGMQQQQPMQADPARAAAELOQAAPIPADGRGSKQDTAGGA
SSEPSANESHKSATGADTEAGGDVAEKS

SEQ ID NO: 260 Homo sapiens SYT послідовність нуклеїнової кислоти CR542103

ATGGGCGGCAACATGTCTGTGGCTTTTCGCGGCCCGAGGCAGCGAGGCAAGGGGAGATCACTC
CCGCTGCGATTGAGAAGATGTTGGATGACAATAACCATCTTATTCAGTGTATAATGGACTCTCA
GAATAAAGGAAAGACCTCAGAGTGTTCTCAGTATCAGCAGATGTTGCACACAACTTGGTATAC
STTGCTACAATAGCAGATTCTAATCAAAATATGCAGTCTCTTTTACCAGCACCACCCACACAGA
ATATGCCTATGGGTCTGAGGGATGAATCAGAGCGGCCCTCCCCACCTCCACGCTCTCACAA
CATGCCTTCAGATGGAATGGTAGGTGGGGTCTCTCTGCACCGCACATGCAGAACCAGATGAAC
GGCCAGATGCCTGGGCCTAACCATATGCCTATGCAGGGACCTGGACCCAATCAACTCAATATGA
CAACAGTTCATGAATATGCCTTCAAGTAGCCATGGATCCATGGGAGGTACAAACCATCTGT
GCCATCATCAGAGCATGCCAGTACAGAATCAGATGACAATGAGTCAGGGACAACCAATGGGA
AACTATGGTCCCAGACCAATATGAGTATGCAGCCAAACCAAGGTCCAATGATGCATCAGCAGC
CTCCTTCTCAGCAATACAATATGCCACAGGGAGGCGGACAGCATTACCAAGGACAGCAGACC
TATGGGAATGATGGGTCAAGTTAAACCAAGGCAATCATATGATGGGTGAGAGACAGATTCCTCC
TATAGACCTCTCAACAGGGCCCA

ФІГ. 10 (продовження)

CCACAGCAGTACTCAGGCCAGGAAGACTATTACGGGGACCAATACAGTCATGGTGGAACAAGGTC
CTCCAGAAGGCATGAACCAGCAATATTACCCTGATGGAAATTCACAGTATGGCCAACAGCAAGA
TGCATACCAGGGACCACCTCCACAACAGGGATATCCACCCACAGCAGCAGTACCCAGGGCAG
CAAGGTTACCCAGGACAGCAGCAGGGCTACGGTCCTTCACAGGGTGGTCCAGGTCCTCAGTATC
CTAACTACCCACAGGGACAAGGTCAGCAGTATGGAGGATATAGACCAACACAGCCTGGACCACC
ACAGCCACCCACAGCAGAGGCCTTATGGATATGACCAGGGACAGTATGGAAATTACCAGCAG

SEQ ID NO: 261 Homo sapiens SYT транслювана поліпептидна послідовність CAG46900.1

MGGNMSVAFAPRQRGKGEITPAAIQKMLDDNNHLIQCMDSQNKGKTSECSQYQOMLHTNLVY
LATIADSNQNMQSLLPAPPTQNMMPMGPGGMNQSGPPPPRSHNMPSDGMVGGGPPAPHMQNQMN
GQMPGPNHMPMQGPGPNQLNMTNSSMNPSSSHGSMGGYNHNSVPSSQSMVPQNQMTMSQGGPMG
NYGPRPNMSMQPNQGPMMHQQPPSQQYNMPQGGGQHYQGQQPPMGMMGQVNGNHMMGQRQIPP
YRPPQQGPPQQYSGQEDYYGDQYSHGGQGPPEGMNQYYPDGNSQYGGQQDAYQGPPPPQQGYPP
QQQQYFGQQGYPGQQQGYGPSQGGPGPYPNYPQGGQQQYGGYRPTQPGPPQPPQRPYGYDQG
QYGNYYQQ

SEQ ID NO: 262 SNH домен з Arath_SYT1 (comprised in SEQ ID NO: 121)

VTSDHIQQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENQARLQRNLMYLAADAQT

SEQ ID NO: 263 найбільш консервативні залишки SNH домену

QXXLXXNXXIXXXXXXXXXXXGXXXXXXXXXQXXLXXNLXXLAXXAD

SEQ ID NO: 264 SSXT домен InterPro007726 (PFam05030) включений у

SEQ ID NO: 121

QMPPMAGYYPSNVTSDHIQQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENQARLQRNLMYLAADIAD
SQPQPPSVHS

SEQ ID NO : 265 Prm06681

GGGGACAAGTTTGTACAAAAAGCAGGCTTAAACAATGCAACAGCACCTGATG

SEQ ID NO : 266 Prm06682

GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGTCATCATTAGATTCTCTTGTGC

SEQ ID NO: 267 SEQ ID NO: 1 + SEQ ID NO: 120

ATGATGAGTCTAAGTGGAAGTAGCGGGAGAACAATAGGAAGGCCTCCATTTACACCAACACAAT
GGGAAGAACTGGAACATCAAGCCCTAATCTACAAGTACATGGTCTCTGGTGTCTCTGTCCCACC
TGAGCTCATCTTCTCCATTAGAAGAAGCTTGGACACTTCTTGGTCTCTAGACTCCTTCTCCTCAC
CAATCCCTTGGATGGGGGTGTTACCAGATGGGATTTGGGAGAAAACCAGATCCAGAGCCAGGAA
GATGCAGAAGAACAGATGGTAAGAAATGGAGATGCTCAAGAGAAGCTTACCCAGATTCTGAAGTA
CTGTGAAAAACACATGCACAGAGGAAGAAACCGTGCCAGAAAATCTCTTGATCAGAATCAGACA
ACAACAACCTCTTTAATCATCACCATCTCTCTCATTCACCAACAACAACAACCCCAAGTCCACCT
TGTCTTCTCTCTCTCTCTAATCTCTCTCTACTACTTATCTGCTTCTCTCTCTCTCAATGGA
TGCCTACAGTAACAGTAATAGGTTTGGGCTTGGTGGAAGTAGTAGTAACACTAGAGGTTATTTCT
AACAGCCATTCTCTTGATTATCCTTATCTCTTCTACTTCAACCCAAACAACAACAACAACTCTTC
ATCATGCTTCCGCTTTGTCACTTCATCAAAATACTAATTTCACTTCTCAGTTCAATGTCTTAGC
CTCTGCTACTGACCACAAAGACTTCAGGTACTTTCAAGGGATTGGGGAGAGAGTTGGAGGAGTT
GGGGAGAGAACGTTCTTTCCAGAAGCATCTAGAAGCTTTCAAGATTCTCCATACCATCATCACC
AACAACCGTTAGCAACAGTGATGAAT

ФІГ. 10 (продовження)

GATCCGTACCACCACTGTAGTACTGATCATAATAAGATTGATCATCATCACATACTCATCCT
 CATCATCATCTCAACATCTTCATCATGATCATGATCATAGACAGCAACAGTGTGTTTGGG
 CGCCGACATGTTCAACAAACCTACAAGAAGTGTCCTTGCAAACCTCATCAAGACAAGATCAAAAT
 CAAGAAGAAGATGAGAAAGATTTCATCAGAGTCGTCCAAGAAGTCTCTACATCACTTCTTTGGTG
 AGGACTGGGCACAGAAACAAGAACAGTTTCAGATTCTTGGCTTGACCTTTCTTCCCACTCAAGACT
 CGACACTGGTAGCTAATGCAACAGCACCTGATGCAGATGCAGCCCATGATGGCTGGTTACTA
 CCCCAGCAATGTTACCTCTGATCATATCCAACAGTACTTGGACGAAAACAAATCGTTGATTCTG
 AAGATTGTTGAGTCTCAAACTCTGGAAAGCTTAGCGAATGCGCCGAGAATCAAGCAAGGCTTC
 AACGCAACCTAATGTACCTAGCTGCAATAGCAGATTCTCAGCCTCAGCCACCAAGTGTGCATAG
 CCAGTATGGATCTGCTGGTGGTGGGATGATTGAGGAGAAAGAGGGTCACTATTTGCAGCAG
 CAACAAGCGACTCAACAGCAACAGATGACTCAGCAGTCTTAATGGCGGCTCGATCTTCAATGT
 TGTATGCTCAGCAACAGCGGCAGCAGCAGCCTTACGCGACGCTTCAGCATCAGCAATCGCACC
 TAGCCAGCTTGAATGAGCTCGAGCAGCGGAGGAGGAGGAAGCAGTGGTCTCCATATCTTTCAG
 GGAGAGGCTGGTGGGTTTCATGATTTTGGCCGTGGGAAGCCGGAATGGGAAGTGGTGGTGGCG
 GTGAAGGCAGAGGAGGAAGTTTCAGGGGATGGTGGAGAAACCCCTTACTTGAAATCATCAGATGA
 TGGGAATTGA

де **N** не може бути нуклеотидом з будь-якої кількості нуклеотидів

SEQ ID NO: 268 SEQ ID NO: 120 + SEQ ID NO: 1

ATGCAACAGCACCTGATGCAGATGCAGCCATGATGGCTGGTTACTACCCAGCAATGTTACCT
 CTGATCATATCCAACAGTACTTGGACGAAAACAAATCGTTGATTCTGAAGATTGTTGAGTCTCA
 AAACCTCTGGAAAGCTTAGCGAATGCGCCGAGAATCAAGCAAGGCTTCAACGCAACCTAATGTAC
 CTAGCTGCAATAGCAGATTCTCAGCCTCAGCCACCAAGTGTGCATAGCCAGTATGGATCTGCTG
 GTGGTGGGATGATTGAGGAGAAAGAGGGTCACTATTTGCAGCAGCAACAAGCGACTCAACA
 GCAACAGATGACTCAGCAGTCTTAATGGCGGCTCGATCTTCAATGTTGTATGCTCAGCAACAG
 CGGCAGCAGCAGCCTTACGCGACGCTTCAGCATCAGCAATCGCACCATAGCCAGCTTGAATGA
 GCTCGAGCAGCGGAGGAGGAGGAAGCAGTGGTCTCCATATCTTTCAGGGAGAGGCTGGTGGGTT
 TCATGATTTTGGCCGTGGGAAGCCGGAATGGGAAGTGGTGGTGGCGGTGAAGGCAGAGGAGGA
 AGTTTCAGGGGATGGTGGGAGAAACCCCTTTACTTGAAATCATCAGATGATGGGAATTGATGATG
 AGTCTAAGTGAAGTAGCGGAGAGAACAATAGGAAGGCCTCCATTTACACCAACACAATGGGAAG
 AACTGGAACATCAAGCCCTAATCTACAAGTACATGGTCTCTGGTGTCTCTGTCCTCCACCTGAGCT
 CATCTTCTCCATTAGAAGAAGCTTGGACACTTCCTTGGTCTCTAGACTCTTCTCCTCACCATCC
 CTTGGATGGGGGTGTTACAGATGGGATTTGGGAGAAAACAGATCCAGAGCCAGGAAGATGCA
 GAAGAACAGATGGTAAGAAATGGAGATGCTCAAGAGAAGCTTACCCAGATTGCAAGTACTGTGA
 AAAACACATGCACAGAGGAAGAAACCGTGCCAGAAAATCTCTTGATCAGAATCAGACAACAACA
 ACTCCTTTAACATCACCATCTCTCTCATTCACCAACAACAACAACCCCAAGTCCCACTTGTCTT
 CTTCTTCTTCTCTAATTCCTCTTCTACTACTTATTCTGCTTCTTCTTCTTCAATGGATGCCTA
 CAGTAACAGTAATAGGTTTGGGCTTGGTGAAGTAGTAGTAACACTAGAGGTATTTCAACAGC
 CATTCTCTTGATTATCCTTATCCTTCTACTTCAACCAACAACAACAACCAACTCTTCATCATG
 CTTCCGCTTTGTCACTTCATCAAAATACTAATTCATCTCTCAGTTCAATGTCTTAGCCTCTGC
 TACTGACCACAAAGACTTCAGGTACTTTCAAGGGATTGGGGAGAGAGTTGGAGGAGTTGGGGAG
 AGAACGTTCTTTCCAGAAGCATCTAGAAGCTTTCAAGATTCTCCATACCATCATCACCACAAC
 CGTTAGCAACAGTGATGAATGATCCGTACCACCACTGTAGTACTGATCATAATAAGATTGATCA
 TCATCACACATACTCATCCTCATCATCATCTCAACATCTTCATCATGATCATGATCATAGACAG
 CAACAGTGTGTTTGGTGGGCGCGACATGTTCAACAAACCTACAAGAAGTGTCCTTGCAAACCT
 CATCAAGACAAGATCAAAATCAAGAAGAAGATGAGAAAGATTTCATCAGAGTCGTCCAAGAAGTC
 TCTACATCACTTCTTTGGTGAGGACTGGGCACAGAAACAAGAACAGTTTCAGATTCTTGGCTTGAC
 CTTTCTTCCCACTCAAGACTCGACACTGGTAGCTAA

де **N** не може бути нуклеотидом з будь-якої кількості нуклеотидів

ФІГ. 10 (продовження)

SEQ ID NO: 269 SEQ ID NO: 2 + SEQ ID NO: 121

MMSLSGSSGRTIGRPPFTPTQWEELEHQALIYKYMVSGVPVPPPELIFSIRRLSLDTSLVSRLLP
 QSLGWGQYQMGFGRKPDPEPGRCRRTDGKKWRCSREAYPDSKYCEKMHMRGRNRARKSLDQNT
 TTTPLTSPSLSFNTNNNPSPTLSSSSSSNSSSTTYSASSSSMDAYSNSNRFGGLGSSSNTRGYF
 NSHSLDYPPSTSPKQQQOTLHHSALSLHQNTNSTSQFNVLASATDHKDFRYFQIGIGERVGGV
 GERTFFPEASRSFQDSPYHHHQPLATVMNDPYHHCSTDHNNKIDHHHTYSSSSSSQHLHHDHDH
 RQQQCFVLGADMFNKPTRSVLANSSRQDQNEDEKDSSESSKKSLHHFFGEDWAQNKNSDSW
 LDLSHSLRLDTGSXMQQHLMQMPMMAGYYPNSVTSQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSE
 CAENQARLQRNLMYLAAIADSQPQPPSVHSQYGSAGGGMIOGEGGSHYLQQQATQQQMTQQS
 LMAARSSMLYAAQQQRQQPYATLQHQQSHHSQGLMSSSSGGGGSSGLHILQGEAGGFHDFGRGK
 PEMGSGGGGEGRGSSGDGETLYLKSSDDGN

де ☒ не може бути амінокислотою з будь-якої кількості амінокислот

SEQ ID NO: 270 SEQ ID NO: 121 + SEQ ID NO: 2

MQQHLMQMPMMAGYYPNSVTSQYLDENKSLILKIVESQNSGKLSECAENQARLQRNLMY
 LAAIADSQPQPPSVHSQYGSAGGGMIOGEGGSHYLQQQATQQQMTQQSLMAARSSMLYAAQQ
 RQQQPYATLQHQQSHHSQGLMSSSSGGGGSSGLHILQGEAGGFHDFGRGKPEMGSGGGGEGRG
 SSGDGGETLYLKSSDDGNXMMMSLSGSSGRTIGRPPFTPTQWEELEHQALIYKYMVSGVPVPPPEL
 IFSIRRLSLDTSLVSRLLPQSLGWGQYQMGFGRKPDPEPGRCRRTDGKKWRCSREAYPDSKYCE
 KMHMRGRNRARKSLDQNTTTTPTLSPSLSFNTNNNPSPTLSSSSSSNSSSTTYSASSSSMDAY
 SNSNRFGGLGSSSNTRGYFNHSLDYPPSTSPKQQQOTLHHSALSLHQNTNSTSQFNVLASA
 TDHKDFRYFQIGIGERVGGVGERTFFPEASRSFQDSPYHHHQPLATVMNDPYHHCSTDHNNKIDH
 HHTYSSSSSSQHLHHDHHRQQQCFVLGADMFNKPTRSVLANSSRQDQNEDEKDSSESSKKSL
 LHHFFGEDWAQNKNSDSWLDLSHSLRLDTGS

де ☒ не може бути амінокислотою з будь-якої кількості амінокислот

ФІГ. 10 (продовження)

ПЕРЕЛІК ПОСЛІДОВНОСТЕЙ

<110> БАСФ Планта Саенс ГмбХ
 <120> Рослини з підвищеними показниками врожайності та способи їх отримання
 <130> PF60170
 <150> EP 07116988.2
 <151> 2007-09-21
 <150> US 60/975,882
 <151> 2007-09-28
 <160> 270
 <170> PatentIn version 3.3
 <210> 1
 <211> 1194
 <212> ДНК
 <213> *Arabidopsis thaliana*
 <400> 1
 atgatgagtc taagtggaag tagcgggaga acaataggaa ggcctccatt tacaccaaca 60
 caatgggaag aactggaaca tcaagcccta atctacaagt acatggtctc tgggtgtcct 120
 gtcccacctg agctcatctt ctccattaga agaagcttgg acacttcctt ggtctctaga 180
 ctcttctctc accaatccct tggatggggg tgttaccaga tgggatttgg gagaaaacca 240
 gatccagagc caggaagatg cagaagaaca gatggtaaga aatggagatg ctcaagagaa 300
 gcttaccag attcgaagta ctgtgaaaaa cacatgcaca gaggaagaaa ccgtgccaga 360
 aaatctcttg atcagaatca gacaacaaca actcctttaa catcaccatc tctctcattc 420
 accaacaaca acaacccaag tcccaccttg tcttcttctt cttctcttaa ttctcttctt 480
 actacttatt ctgcttcttc ttcttcaatg gatgcctaca gtaacagtaa taggtttggg 540
 cttggtggaa gtagtagtaa cactagaggt tatttcaaca gccattctct tgattatcct 600
 tatcttctta cttcacccaa acaacaacaa caaactcttc atcatgcttc cgctttgtca 660
 cttcatcaaa atactaatte tacttctcag ttcaatgtct tagcctctgc tactgaccac 720
 aaagacttca ggtactttca agggattggg gagagagttg gaggagttgg ggagagaacg 780
 ttcttctccag aagcatctag aagctttcaa gattctccat accatcatca ccaacaaccg 840
 ttagcaacag tgatgaatga tccgtaccac cactgtagta ctgatcataa taagattgat 900
 catcatcaca catactcatc ctcatcatca tctcaacatc ttcacatga tcatgatcat 960
 agacagcaac agtgttttgt ttggggcgcc gacatgttca acaaacctac aagaagtgtc 1020
 cttgcaaact catcaagaca agatcaaaat caagaagaag atgagaaaga ttcacagag 1080
 tcgtccaaga agtctctaca tcacttcttt ggtgaggact gggcacagaa caagaacagt 1140

tcagattctt ggcttgacct ttcttccac tcaagactcg acactggtag ctaa
 <210> 2
 <211> 397
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

1194

<400> 2

Met	Met	Ser	Leu	Ser	Gly	Ser	Ser	Gly	Arg	Thr	Ile	Gly	Arg	Pro	Pro
1			5					10					15		
Phe	Thr	Pro	Thr	Gln	Trp	Glu	Glu	Leu	Glu	His	Gln	Ala	Leu	Ile	Tyr
		20				25						30			
Lys	Tyr	Met	Val	Ser	Gly	Val	Pro	Val	Pro	Pro	Glu	Leu	Ile	Phe	Ser
		35				40					45				
Ile	Arg	Arg	Ser	Leu	Asp	Thr	Ser	Leu	Val	Ser	Arg	Leu	Leu	Pro	His
	50				55					60					
Gln	Ser	Leu	Gly	Trp	Gly	Cys	Tyr	Gln	Met	Gly	Phe	Gly	Arg	Lys	Pro
65				70					75					80	
Asp	Pro	Glu	Pro	Gly	Arg	Cys	Arg	Arg	Thr	Asp	Gly	Lys	Lys	Trp	Arg
			85					90						95	
Cys	Ser	Arg	Glu	Ala	Tyr	Pro	Asp	Ser	Lys	Tyr	Cys	Glu	Lys	His	Met
			100				105						110		
His	Arg	Gly	Arg	Asn	Arg	Ala	Arg	Lys	Ser	Leu	Asp	Gln	Asn	Gln	Thr
		115				120						125			
Thr	Thr	Thr	Pro	Leu	Thr	Ser	Pro	Ser	Leu	Ser	Phe	Thr	Asn	Asn	Asn
		130				135					140				
Asn	Pro	Ser	Pro	Thr	Leu	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Ser	Asn	Ser	Ser	Ser
145				150					155					160	
Thr	Thr	Tyr	Ser	Ala	Ser	Ser	Ser	Ser	Met	Asp	Ala	Tyr	Ser	Asn	Ser
			165					170						175	
Asn	Arg	Phe	Gly	Leu	Gly	Gly	Ser	Ser	Ser	Asn	Thr	Arg	Gly	Tyr	Phe
		180					185					190			
Asn	Ser	His	Ser	Leu	Asp	Tyr	Pro	Tyr	Pro	Ser	Thr	Ser	Pro	Lys	Gln
		195				200						205			
Gln	Gln	Gln	Thr	Leu	His	His	Ala	Ser	Ala	Leu	Ser	Leu	His	Gln	Asn
		210				215					220				
Thr	Asn	Ser	Thr	Ser	Gln	Phe	Asn	Val	Leu	Ala	Ser	Ala	Thr	Asp	His
225				230					235					240	
Lys	Asp	Phe	Arg	Tyr	Phe	Gln	Gly	Ile	Gly	Glu	Arg	Val	Gly	Gly	Val
		245					250						255		
Gly	Glu	Arg	Thr	Phe	Phe	Pro	Glu	Ala	Ser	Arg	Ser	Phe	Gln	Asp	Ser
		260					265						270		
Pro	Tyr	His	His	His	Gln	Gln	Pro	Leu	Ala	Thr	Val	Met	Asn	Asp	Pro
		275				280						285			
Tyr	His	His	Cys	Ser	Thr	Asp	His	Asn	Lys	Ile	Asp	His	His	His	Thr

```

290                295                300
Tyr Ser Ser Ser Ser Ser Ser Gln His Leu His His Asp His Asp His
305                310                315                320

Arg Gln Gln Gln Cys Phe Val Leu Gly Ala Asp Met Phe Asn Lys Pro
325                330                335

Thr Arg Ser Val Leu Ala Asn Ser Ser Arg Gln Asp Gln Asn Gln Glu
340                345                350

Glu Asp Glu Lys Asp Ser Ser Glu Ser Ser Lys Lys Ser Leu His His
355                360                365

Phe Phe Gly Glu Asp Trp Ala Gln Asn Lys Asn Ser Ser Asp Ser Trp
370                375                380

Leu Asp Leu Ser Ser His Ser Arg Leu Asp Thr Gly Ser
385                390                395

<210> 3
<211> 735
<212> ДНК
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 3
atggctacaa ggattccatt cacagaatca caatgggaag aacttgaaaa ccaagctctt      60
gtgttcaagt acttagctgc aaatatgcct gttccacctc atcttctctt cctcatcaaa      120
agaccctttc tttctcttc tttctcttct tcactcttct cttcaagctt cttctctccc      180
actctttctc cacactttgg gtggaatgtg tatgagatgg gaatgggaag aaagatagat      240
gcagagccag gaagatgtag aagaactgat ggcaagaaat ggagatgctc taaagaagct      300
taccctgact ctaagtactg tgagagacat atgcatagag gcaagaaccg ttcttctctca      360
agaaagcctc ctctactca attcactcca aatctctttc tcgactcttc ttccagaaga      420
agaagaatg gatacatgga tgatttcttc tccatagaac cttccgggtc aatcaaaaagc      480
tgctctggct cagcaatgga agataatgat gatggctcat gtagaggcat caacaacgag      540
gagaagcagc cggatcgaca ttgcttcac cttggtactg acttgaggac acgtgagagg      600
ccattgatgt tagaggagaa gctgaaacaa agagatcatg ataatgaaga agagcaagga      660
agcaagaggt ttatataggt tcttgatgaa tggccttctt ctaaactctc tgtttctact      720
tcactcttca ttgga                                         735

<210> 4
<211> 244
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 4
Met Ala Thr Arg Ile Pro Phe Thr Glu Ser Gln Trp Glu Glu Leu Glu
1                5                10                15

Asn Gln Ala Leu Val Phe Lys Tyr Leu Ala Ala Asn Met Pro Val Pro
20                25                30

```

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

<210> 5
<211> 1593
<212> ДНК
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 5
atggatcttg gagttcgtgt ttctgggtcat gaaaccgttt cttctccggg tcaaaactgaa 60
ctcggatctg gtttcagtaa caagcaagaa agatccggtt tcgatggtga agattgctgg 120
agaagttaa agctctcacg aacatcaact gatggattct cttcttcccc tgctctgct 180
aaaacgctgt cgtttcatca aggcacccct ttactgagat ctaccactat taatgatcct 240
cgtaaaggac aagaacacat gcttagcttc tcttctgctt caggcaaate agatgtctca 300
ccttatcttc agtactgtag aaactcagga tatggtttag gaggaatgat gaacacaagc 360
aacatgcatg gaaacttggt gacaggagta aaaggacctt tttcattgac tcagtgggca 420


```

gagctagagc aacaggcggt gatctataag tatatcacag ccaatgtccc tgttccatct 480
agtttacttc tctctctcaa gaaatctttt tccccttatg gttccttgcc tcctaattct 540

tttggatggg gctcttttca tctgggcttt tccggtggtg acatggatcc cgagccaggg 600
agatgtcgcc ggacagatgg aaagaaatgg cggtgctcga gggacgctgt tcccgatcaa 660
aagtactgtg aacgacatat taacagaggc cgccatcggt caagaaagcc tgtggaaggc 720
caaaatggcc acaataactaa tgctgccgcc gctgcttctg ctgctgccgc ttctaccgct 780
gctgctgtgt ccaaagcggc agcggggact tcagctgttg cgatgcgtgg atcagataat 840
aacaatagcc ttgccgctgc tgttggaaca caacatcata ccaataatca atctacagat 900
tctttggcta acagagttca aaattctcga ggggcttcg tttttcctgc cagcatgaac 960
ttacagtcca aggaaactca tccgaaacaa agcaataatc cctttgaatt cggactcatc 1020
tcttctgatt cgttacttaa tccgtcgcat aaacaagcct cgtatgcaac ctcttccaaa 1080
ggctttggat cgtatcttga cttcggcaac caagccaagc acgcggggaa tcacaacaat 1140
gtcgattctt ggccgaaga gctgaaatcg gattggactc agctctcaat gtcaatccct 1200
atggctccat ctccctctgt tcaagataaa cttgcactct cacccttaag gttatcgctg 1260
gagtttgacc ccgcgatcca catgggatta ggcgtcaaca ccgagtttct tgaccccggg 1320
aaaaagacga ataactggat accaatctcc tggggtaata acaactccat gggagggtcca 1380
ctcggcgagg tactaaacag cagcaccaat agtcccaagt ttggttcctc tccaacaggc 1440
gtcttgcaaa agtcgacatt tggttctctt tctaacagca gctcggaag cagcaccatc 1500
attggcgata acaacaataa gaacgggtgat ggaaaagatc cgcttgcccc gaccacgctg 1560
atgaatactt ctgctactgc tccttctctg tga 1593

```

```

<210> 6
<211> 530
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

```

```

<400> 6

```

```

Met Asp Leu Gly Val Arg Val Ser Gly His Glu Thr Val Ser Ser Pro
1          5          10          15

Gly Gln Thr Glu Leu Gly Ser Gly Phe Ser Asn Lys Gln Glu Arg Ser
20          25          30

Gly Phe Asp Gly Glu Asp Cys Trp Arg Ser Ser Lys Leu Ser Arg Thr
35          40          45

Ser Thr Asp Gly Phe Ser Ser Ser Pro Ala Ser Ala Lys Thr Leu Ser
50          55          60

Phe His Gln Gly Ile Pro Leu Leu Arg Ser Thr Thr Ile Asn Asp Pro
65          70          75          80

Arg Lys Gly Gln Glu His Met Leu Ser Phe Ser Ser Ala Ser Gly Lys
85          90          95

```

```

Ser Asp Val Ser Pro Tyr Leu Gln Tyr Cys Arg Asn Ser Gly Tyr Gly
    100                      105                      110

Leu Gly Gly Met Met Asn Thr Ser Asn Met His Gly Asn Leu Leu Thr
    115                      120                      125

Gly Val Lys Gly Pro Phe Ser Leu Thr Gln Trp Ala Glu Leu Glu Gln
    130                      135                      140

Gln Ala Leu Ile Tyr Lys Tyr Ile Thr Ala Asn Val Pro Val Pro Ser
    145                      150                      155                      160

Ser Leu Leu Leu Ser Leu Lys Lys Ser Phe Phe Pro Tyr Gly Ser Leu
    165                      170                      175

Pro Pro Asn Ser Phe Gly Trp Gly Ser Phe His Leu Gly Phe Ser Gly
    180                      185                      190

Gly Asn Met Asp Pro Glu Pro Gly Arg Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys
    195                      200                      205

Lys Trp Arg Cys Ser Arg Asp Ala Val Pro Asp Gln Lys Tyr Cys Glu
    210                      215                      220

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

Gln Asn Gly His Asn Thr Asn Ala Ala Ala Ala Ala Ser Ala Ala Ala
    245                      250                      255

Ala Ser Thr Ala Ala Ala Val Ser Lys Ala Ala Ala Gly Thr Ser Ala
    260                      265                      270

Val Ala Met Arg Gly Ser Asp Asn Asn Asn Ser Leu Ala Ala Ala Val
    275                      280                      285

Gly Thr Gln His His Thr Asn Asn Gln Ser Thr Asp Ser Leu Ala Asn
    290                      295                      300

Arg Val Gln Asn Ser Arg Gly Ala Ser Val Phe Pro Ala Thr Met Asn
    305                      310                      315                      320

Leu Gln Ser Lys Glu Thr His Pro Lys Gln Ser Asn Asn Pro Phe Glu
    325                      330                      335

Phe Gly Leu Ile Ser Ser Asp Ser Leu Leu Asn Pro Ser His Lys Gln
    340                      345                      350

Ala Ser Tyr Ala Thr Ser Ser Lys Gly Phe Gly Ser Tyr Leu Asp Phe
    355                      360                      365

Gly Asn Gln Ala Lys His Ala Gly Asn His Asn Asn Val Asp Ser Trp
    370                      375                      380

Pro Glu Glu Leu Lys Ser Asp Trp Thr Gln Leu Ser Met Ser Ile Pro
    385                      390                      395                      400

Met Ala Pro Ser Ser Pro Val Gln Asp Lys Leu Ala Leu Ser Pro Leu
    405                      410                      415

Arg Leu Ser Arg Glu Phe Asp Pro Ala Ile His Met Gly Leu Gly Val
    420                      425                      430

```

Asn Thr Glu Phe Leu Asp Pro Gly Lys Lys Thr Asn Asn Trp Ile Pro
 435 440 445
 Ile Ser Trp Gly Asn Asn Asn Ser Met Gly Gly Pro Leu Gly Glu Val
 450 455 460
 Leu Asn Ser Thr Thr Asn Ser Pro Lys Phe Gly Ser Ser Pro Thr Gly
 465 470 475 480
 Val Leu Gln Lys Ser Thr Phe Gly Ser Leu Ser Asn Ser Ser Ser Ala
 485 490 495
 Ser Ser Thr Ile Ile Gly Asp Asn Asn Asn Lys Asn Gly Asp Gly Lys
 500 505 510
 Asp Pro Leu Gly Pro Thr Thr Leu Met Asn Thr Ser Ala Thr Ala Pro
 515 520 525
 Ser Leu
 530

<210> 7
 <211> 1197
 <212> ДНК
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 7
 atggatttgc aactgaaaca atggagaagc cagcagcagc aacaacatca gacagagtca 60
 gaagaacaac cttctgcagc taagatacca aaacatgtct ttgaccagat tcattctcac 120
 actgcaactt ctactgctct tcctctcttt acccctgagc ctactctctc taaactctcc 180
 tctttgtctc ctgattcttc ctccaggttc cccaagatgg ggagcttctt tagctgggca 240
 cagtggcaag aacttgaact acaagctctg atctacaggt acatgttggc tgggtgctgt 300
 gttcctcagg agctcctttt accaatcaag aaaagccttc tccatctatc tccttcttac 360
 tttcttcacc atcctcttca acacctacct cattaccaac ctgcttggtg tttgggaagg 420
 gcagcgatgg atcctgagcc aggcagatgc aggagaacgg atggtaagaa gtggagatgt 480
 tcaagagacg tcttcgctgg ccacaagtat tgcgagcgcc acatgcaccg tggccgcaac 540
 cgttcaagaa agcctgtgga aactccaacc accgtcaatg caactgccac gtccatggct 600
 tcatacagtag cagccgcagc caccactaca acagcaacaa caacatctac gtttgccttt 660
 ggtggtggtg gtggtagtga ggaagtgggt ggtcaaggag gatctttctt cttctctggc 720
 tcttctaact cttcatctga actctccac cttagtcaaa gttgttcgga gatgaagcaa 780
 gaaagcaaca acatgaacaa caagaggcca tacgagtcac acatcggtat cagtaacaac 840
 agatcagatg gaggacacat cctgaggccc ttctttgacg attggcctcg ttcttcgctc 900
 caagaagctg acaatagtgc aagccccatg agctcagcca cttgtctctc catctccatg 960
 cccgggaact cttcctcaga cgtctctctg aagctgtcca caggcaacga agagggagcc 1020
 cggagcaaca acaatgggag agatcagcaa aacatgagct ggtggagcgg tggaggttcc 1080
 aaccaccatc atcacaacat gggcggacca ttggccgaag ccctgagatc ttcttctca 1140

tcttccccaa ccagtgttct ccatcagctt ggtgtctcga cacaagcctt tcattga 1197

<210> 8
 <211> 398
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 8

```

Met Asp Leu Gln Leu Lys Gln Trp Arg Ser Gln Gln Gln Gln Gln His
 1          5          10          15

Gln Thr Glu Ser Glu Glu Gln Pro Ser Ala Ala Lys Ile Pro Lys His
 20          25          30

Val Phe Asp Gln Ile His Ser His Thr Ala Thr Ser Thr Ala Leu Pro
 35          40          45

Leu Phe Thr Pro Glu Pro Thr Ser Ser Lys Leu Ser Ser Leu Ser Pro
 50          55          60

Asp Ser Ser Ser Arg Phe Pro Lys Met Gly Ser Phe Phe Ser Trp Ala
 65          70          75          80

Gln Trp Gln Glu Leu Glu Leu Gln Ala Leu Ile Tyr Arg Tyr Met Leu
 85          90          95

Ala Gly Ala Ala Val Pro Gln Glu Leu Leu Leu Pro Ile Lys Lys Ser
100          105          110

Leu Leu His Leu Ser Pro Ser Tyr Phe Leu His His Pro Leu Gln His
115          120          125

Leu Pro His Tyr Gln Pro Ala Trp Tyr Leu Gly Arg Ala Ala Met Asp
130          135          140

Pro Glu Pro Gly Arg Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys
145          150          155          160

Ser Arg Asp Val Phe Ala Gly His Lys Tyr Cys Glu Arg His Met His
165          170          175

Arg Gly Arg Asn Arg Ser Arg Lys Pro Val Glu Thr Pro Thr Thr Val
180          185          190

Asn Ala Thr Ala Thr Ser Met Ala Ser Ser Val Ala Ala Ala Ala Thr
195          200          205

Thr Thr Thr Ala Thr Thr Thr Ser Thr Phe Ala Phe Gly Gly Gly Gly
210          215          220

Gly Ser Glu Glu Val Val Gly Gln Gly Gly Ser Phe Phe Phe Ser Gly
225          230          235          240

Ser Ser Asn Ser Ser Ser Glu Leu Leu His Leu Ser Gln Ser Cys Ser
245          250          255

Glu Met Lys Gln Glu Ser Asn Asn Met Asn Asn Lys Arg Pro Tyr Glu
260          265          270

Ser His Ile Gly Phe Ser Asn Asn Arg Ser Asp Gly Gly His Ile Leu
275          280          285
    
```

Arg Pro Phe Phe Asp Asp Trp Pro Arg Ser Ser Leu Gln Glu Ala Asp
 290 295 300
 Asn Ser Ser Ser Pro Met Ser Ser Ala Thr Cys Leu Ser Ile Ser Met
 305 310 315 320
 Pro Gly Asn Ser Ser Ser Asp Val Ser Leu Lys Leu Ser Thr Gly Asn
 325 330 335
 Glu Glu Gly Ala Arg Ser Asn Asn Asn Gly Arg Asp Gln Gln Asn Met
 340 345 350
 Ser Trp Trp Ser Gly Gly Gly Ser Asn His His His His Asn Met Gly
 355 360 365
 Gly Pro Leu Ala Glu Ala Leu Arg Ser Ser Ser Ser Ser Ser Pro Thr
 370 375 380
 Ser Val Leu His Gln Leu Gly Val Ser Thr Gln Ala Phe His
 385 390 395

<210> 9
 <211> 1290
 <212> ДНК
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 9
 atgcagagcc ctaaaatgga gcaggaggag gttgaggagg agaggatgag gaataagtgg 60
 ccgtggatga aggcggcgca gttaatggag tttcggatgc aagctttggt gtatagatac 120
 atagaggctg gtctccgtgt gcctcatcat ctctgtggtgc ctattttgaa cagtcttgct 180
 ctctcttctt cctccaatta caactatcac tcttcttctc tgttgagtaa caagggagta 240
 acccatatcg acacgttgga aactgaacca actaggtgca ggagaacaga tgggaagaaa 300
 tggcgctgta gcaacacggt ccttctattc gagaagtact gtgaacggca catgcataga 360
 ggctgtaaac gttcaagaaa gcttggtgaa tcttcttctg aggttgcttc atcatcaacc 420
 aaatacgaca acacttatgg tttggatagg tataacgaga gtcagagtca tcttcatggg 480
 acaatctcgg gttctagtaa tgccgaggta gttaccattg cttcactgcc tagtgccaga 540
 tctctgtaaa atgtcattcg tccgtcttta gtgatctctg aattcacaaa caaaagtgtg 600
 agtcacggca gaaagaacat ggagatgagt tatgatgact ttattaatga aaaagaggcg 660
 agtatgtgtg ttggagtgtg tctcttcaa ggtgatgaga gcaaaccctc ggttcaaaaag 720
 ttcttccctg aggtatctga taaatgctta gaagctgcaa aattctcaag caacaggaag 780
 aatgatataa ttgcaagaag cagagaatgg aagaatatga atgttaatgg tggtttgttt 840
 catggtatcc acttttctcc agacactgtt cttcaagaac gtgggtgttt tcgtttacaa 900
 ggagttgaaa cagacaatga accaggaagg tgccgaagaa cagatgggaa gaagtggaga 960
 tgcagcaaag atgttttgtc tggtcagaag tactgcgata agcacatgca tagaggatag 1020
 aagaagaagc atccagtga tactactaac tcacatgaga atgccggggt tagcccggtta 1080

```

accgtggaaa cagctgttag atcggttggtg ccttgcaaag atggagatga ccagaagcat 1140
tctgttttcag tcatgggaat tacactgccc cgagtttctg atgagaagag cactagcagt 1200
tgcagtaccg acactaccat tactgacaca gctttaaggg gtgaagacga cgatgaggag 1260
tacttgtctt tgttttcacc aggtgttttag 1290

<210> 10
<211> 429
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 10

Met Gln Ser Pro Lys Met Glu Gln Glu Val Glu Glu Glu Arg Met
1 5 10 15

Arg Asn Lys Trp Pro Trp Met Lys Ala Ala Gln Leu Met Glu Phe Arg
20 25 30

Met Gln Ala Leu Val Tyr Arg Tyr Ile Glu Ala Gly Leu Arg Val Pro
35 40 45

His His Leu Val Val Pro Ile Trp Asn Ser Leu Ala Leu Ser Ser Ser
50 55 60

Ser Asn Tyr Asn Tyr His Ser Ser Ser Leu Leu Ser Asn Lys Gly Val
65 70 75 80

Thr His Ile Asp Thr Leu Glu Thr Glu Pro Thr Arg Cys Arg Arg Thr
85 90 95

Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Ser Asn Thr Val Leu Leu Phe Glu Lys
100 105 110

Tyr Cys Glu Arg His Met His Arg Gly Arg Lys Arg Ser Arg Lys Leu
115 120 125

Val Glu Ser Ser Ser Glu Val Ala Ser Ser Ser Thr Lys Tyr Asp Asn
130 135 140

Thr Tyr Gly Leu Asp Arg Tyr Asn Glu Ser Gln Ser His Leu His Gly
145 150 155 160

Thr Ile Ser Gly Ser Ser Asn Ala Gln Val Val Thr Ile Ala Ser Leu
165 170 175

Pro Ser Ala Arg Ser Cys Glu Asn Val Ile Arg Pro Ser Leu Val Ile
180 185 190

Ser Glu Phe Thr Asn Lys Ser Val Ser His Gly Arg Lys Asn Met Glu
195 200 205

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

Gly Val Val Pro Leu Gln Gly Asp Glu Ser Lys Pro Ser Val Gln Lys
225 230 235 240

Phe Phe Pro Glu Val Ser Asp Lys Cys Leu Glu Ala Ala Lys Phe Ser
245 250 255

```

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

<210> 11
<211> 1647
<212> ДНК
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 11
atggacttgc aactgaaaca atggagaagt cagcagcaga atgagtcaga agaacaaggc 60
tctgctgcaa ctaagatata aaactttttc ttgatcaga ttcagtcaca aactgctact 120
tctgctgctg cggtcctctt tcctctcttt gtccctgaac ccacttcttc ctcttctttc 180
tcttgcttct ctcttgactc ttctaattct tcttcttctt ccaggttctc caagatggga 240
aacttcttca gctgggcaca gtggcaagaa cttgagctac aagcactgat ctatagatac 300
atgttggtgt gtgcttctgt tcctcaagag cttctcttac ctattaagaa aagtctcttc 360
catcaatctc ctatgcattt ccttcacat cctcttcaac atagttttcc tcatcaccaa 420
ccttcttggt attggggaag aggagcaatg gatcctgagc caggaggtg taagagaact 480
gacggcaaga aatggagatg ttcaaggat gttgtagcgg gccacaagta ttgtgaccgc 540
cacattcacc gtggaagaaa ccgttcaaga aagcctgtgg aaaccgccac aaccaccatc 600
acaacgacag ccacaacaac cgcattctct tttgtcttag gtgaggagct tggatcatgga 660
ccaaacaaca accacttctt ctctctggt tcattctaac ctctccacct tagtcatcaa 720


```

caaagttggt cttcagagat gaaacaagaa agcaacaaca acaaggaggcc atatgaagct 780
aacagtggat tcagcaatgg aagatcagac gatggtcaca tcttgaggca tttctttgac 840
gattggccac gatcatcaga ctctacctcc agtccaatga gctcatccac ttgtcatctt 900
tcaatctcca tgcccggtaa caacacgtcc tcagatgttt ctctaaaact ttccacaggc 960
aatgaagaag aagaagagaa catgagaaat aacaacaatg agaggaggca aatgaattgg 1020
tgaggaatg gagggaaatca ccacaacaat atgggaggac cattagctga ggctttgagg 1080
tcagcttctt cgacgtcaag tgttcttcat cagatgggaa tctctactca agaatgaag 1140
tatgtgaagc cattgagctt attgggtaat gcgctgaaga ccaaagtgtc agtccctggt 1200
cggtttctgg gtttagatgt tgggtataag tatgttggat tagctatctc agatccttca 1260
aatatgggtg cttctccatt gagtgttttg ctcagaaaga aatcaaacat tgacctgatg 1320
gctacagatt tccagaacct ggtcaaagca ttttctgtgt cgggattagt cgttggttat 1380
ccatttgcca aactgaacaa tgtagaggat gttgtcactg tgaatctttt cattgaggaa 1440
cttcgtaaga ccgaaaaact caaggatgtg aaatacacat attgggacga gcgattatca 1500
tcaaagaccg ttgaactgat gttgaagccc ttgaatttgc atcctgttca agagaagaca 1560
atgttggaag agttagccgc agtagttata cttcaggagt atttagatta cgcgaaacagg 1620
tatgtaaaca ctgagccagc agagtaa 1647

```

```

<210> 12
<211> 548
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

```

```

<400> 12

```

```

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

```

```

His His Pro Leu Gln His Ser Phe Pro His His Gln Pro Ser Trp Tyr
130                      135                      140

Trp Gly Arg Gly Ala Met Asp Pro Glu Pro Gly Arg Cys Lys Arg Thr
145                      150                      155                      160

Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Ser Arg Asp Val Val Ala Gly His Lys
165                      170                      175

Tyr Cys Asp Arg His Ile His Arg Gly Arg Asn Arg Ser Arg Lys Pro
180                      185                      190

Val Glu Thr Ala Thr Thr Thr Ile Thr Thr Thr Ala Thr Thr Thr Ala
195                      200                      205

Ser Ser Phe Val Leu Gly Glu Glu Leu Gly His Gly Pro Asn Asn Asn
210                      215                      220

His Phe Phe Ser Ser Gly Ser Ser Gln Pro Leu His Leu Ser His Gln
225                      230                      235                      240

Gln Ser Cys Ser Ser Glu Met Lys Gln Glu Ser Asn Asn Asn Lys Arg
245                      250                      255

Pro Tyr Glu Ala Asn Ser Gly Phe Ser Asn Gly Arg Ser Asp Asp Gly
260                      265                      270

His Ile Leu Arg His Phe Phe Asp Asp Trp Pro Arg Ser Ser Asp Ser
275                      280                      285

Thr Ser Ser Pro Met Ser Ser Ser Thr Cys His Leu Ser Ile Ser Met
290                      295                      300

Pro Gly Asn Asn Thr Ser Ser Asp Val Ser Leu Lys Leu Ser Thr Gly
305                      310                      315                      320

Asn Glu Glu Glu Glu Glu Asn Met Arg Asn Asn Asn Asn Glu Arg Glu
325                      330                      335

Gln Met Asn Trp Trp Ser Asn Gly Gly Asn His His Asn Asn Met Gly
340                      345                      350

Gly Pro Leu Ala Glu Ala Leu Arg Ser Ala Ser Ser Thr Ser Ser Val
355                      360                      365

Leu His Gln Met Gly Ile Ser Thr Gln Glu Met Lys Tyr Val Lys Pro
370                      375                      380

Leu Ser Leu Leu Gly Asn Ala Leu Lys Thr Lys Val Ser Val Pro Gly
385                      390                      395                      400

Arg Phe Leu Gly Leu Asp Val Gly Asp Lys Tyr Val Gly Leu Ala Ile
405                      410                      415

Ser Asp Pro Ser Asn Met Val Ala Ser Pro Leu Ser Val Leu Leu Arg
420                      425                      430

Lys Lys Ser Asn Ile Asp Leu Met Ala Thr Asp Phe Gln Asn Leu Val
435                      440                      445

Lys Ala Phe Ser Val Ser Gly Leu Val Val Gly Tyr Pro Phe Gly Lys
450                      455                      460

```

Leu Asn Asn Val Glu Asp Val Val Thr Val Asn Leu Phe Ile Glu Glu
 465 470 475 480

Leu Arg Lys Thr Glu Lys Leu Lys Asp Val Lys Tyr Thr Tyr Trp Asp
 485 490 495

Glu Arg Leu Ser Ser Lys Thr Val Glu Leu Met Leu Lys Pro Leu Asn
 500 505 510

Leu His Pro Val Gln Glu Lys Thr Met Leu Asp Lys Leu Ala Ala Val
 515 520 525

Val Ile Leu Gln Glu Tyr Leu Asp Tyr Ala Asn Arg Tyr Val Asn Thr
 530 535 540

Glu Pro Ala Glu
 545

<210> 13
 <211> 1482
 <212> ДНК
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 13
 atgaggatgc ttcttgggat tccttacgta gacaagtcgg ttctttccaa ctctgttctt 60
 gagagaggca agcaggataa aagcaaaacta ttgttagtcg acaaagcca ttatgagctt 120
 gatgttgaag aacgcaagga agattttgtt ggtgggtttg gatttggtgt tgtagaaaaat 180
 tcgcataaag acgttatggt gctacctcat catcactatt atccatcata ttcacacct 240
 tcctcttctt ctttgtgtta ctgttctgct ggtgttagcg atcccatggt ctctgtttct 300
 agcaatcagg cttacacttc ttctcacagt ggtatgttca caccgcggg ttctggttct 360
 gctgctgtga ctgtagcaga tccttttttc tccttgagct cttcagggga aatgagaaga 420
 agtatgaacg aagatgctgg tgcagcttcc agcgaagctc aatggcatga gcttgagagg 480
 cagaggaata tatacaagta catgatggct tctgttctg ttctccaga gcttctcaca 540
 ccctttccca agaaccacca atcaaacact aacccggatg tggatacata taggagtggg 600
 atgttttagta tttatgctga ttacaagaat ctgccgttgt ctatgtggat gacagtaact 660
 gtggcagtg cgcagaggag ctcatcgag ctggggattg cttcaagcgc aagcaataac 720
 acggctgatc tggagccatg gaggtgcaag agaacagatg ggaagaaatg gaggtgctct 780
 agaaacgtga ttctgatca gaaatactgt gagagacaca cacacaagag ccgtcctcgt 840
 tcaagaaagc atgtggaatc atctcaccaa tcatctcacc acaatgacat tcgtacggct 900
 aagaatgata ctagccagct tgtgagaact tatcctcagt ttacggaca acctataagc 960
 cagatccctg tgctttctac tcttccgtct gcctcctctc catatgatca ccacagagga 1020
 ctgaggtggt ttacgaaaga agatgatgcc attggaacct taaacccgga gactcaagaa 1080
 gctgtccagc tgaaagtgg atcaagcaga gagctcaaac ggggattcga ttatgatctg 1140
 aatttcaggc agaaagagcc aatagtagac cagagctttg gagcattgca gggctctatta 1200

```

agtctaaacc agacaccaca acataaccaa gaaacaagac agtttgttgt agaaggaaag 1260
caagatgaag cgatgggaag ctctctgaca ctctcaatgg ctggaggagg catggaggaa 1320
acagagggaa caaaccagca tcagtgggtt agccatgaag gtccatcatg gctctattca 1380
acaacaccag gtggaccatt ggctgaagca ctgtgtctcg gtgtctccaa caaccgaagt 1440
tctagtacta ctactagtag ctgcagcaga agctcaagct aa 1482

<210> 14
<211> 493
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 14

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

```

Thr Ala Asp Leu Glu Pro Trp Arg Cys Lys Arg Thr Asp Gly Lys Lys
245 250 255

Trp Arg Cys Ser Arg Asn Val Ile Pro Asp Gln Lys Tyr Cys Glu Arg
260 265 270

His Thr His Lys Ser Arg Pro Arg Ser Arg Lys His Val Glu Ser Ser
275 280 285

His Gln Ser Ser His His Asn Asp Ile Arg Thr Ala Lys Asn Asp Thr
290 295 300

Ser Gln Leu Val Arg Thr Tyr Pro Gln Phe Tyr Gly Gln Pro Ile Ser
305 310 315 320

Gln Ile Pro Val Leu Ser Thr Leu Pro Ser Ala Ser Ser Pro Tyr Asp
325 330 335

His His Arg Gly Leu Arg Trp Phe Thr Lys Glu Asp Asp Ala Ile Gly
340 345 350

Thr Leu Asn Pro Glu Thr Gln Glu Ala Val Gln Leu Lys Val Gly Ser
355 360 365

Ser Arg Glu Leu Lys Arg Gly Phe Asp Tyr Asp Leu Asn Phe Arg Gln
370 375 380

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

Ser Leu Asn Gln Thr Pro Gln His Asn Gln Glu Thr Arg Gln Phe Val
405 410 415

Val Glu Gly Lys Gln Asp Glu Ala Met Gly Ser Ser Leu Thr Leu Ser
420 425 430

Met Ala Gly Gly Gly Met Glu Glu Thr Glu Gly Thr Asn Gln His Gln
435 440 445

Trp Val Ser His Glu Gly Pro Ser Trp Leu Tyr Ser Thr Thr Pro Gly
450 455 460

Gly Pro Leu Ala Glu Ala Leu Cys Leu Gly Val Ser Asn Asn Pro Ser
465 470 475 480

Ser Ser Thr Thr Thr Ser Ser Cys Ser Arg Ser Ser Ser
485 490

<210> 15
<211> 1608
<212> DHK
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 15
atggatattg gtgttcattg tcttgggtcg gttactagta atgaaaatga gtcacttggt 60
ctaaaagagc ttataggaac taaacaagat agatccggat tcatcggtga ggattgcttg 120
caacgaagct tgaagctagc aagaacgaca actagagcgg aagaagaaga aaacttgtct 180
tcttctgttg cagctgctta ttgcaaaacg atgtcgtttc accaaggcat tctctctcatg 240
agatctgctt ctctctcttc ctctgattct cgccgtcaag aacaaatgct tagcttctca 300

```

gataaaccag acgctcttga tttcagtaaa tatgtcgggt tggataatag cagtaataac 360
aagaactctc tctcgccgtt tcttcaccag attcctccac cttcttactt tagaagctca 420
ggaggatatg gttctggtgg aatgatgatg aacatgagca tgcaagggaa cttcacaggt 480
gttaaaggac cttttacatt gactcaatgg gctgagttag agcaacaggc gttgatctat 540
aagtacatca cagccaatgt ccctgttcct tctagtttgc tcatctctat caagaagtct 600
ttttatcctt acggatcttt gcctcctagt tccttcggat ggggaacttt ccatctcggt 660
ttcgcaggcg gtaacatgga ccctgagcca gggagatgcc gcagaacaga tgggaagaaa 720
tggcggtgct caagagacgc cgttcctgat cagaaatact gtgaaagaca catcaacaga 780
ggcgcgtcatc gttcaagaaa gcctgtggaa gtccaatctg gccaaaacca aaccgccgct 840
gctgcatcca aagcggttac tacaccacaa cagcctgttg tcgctggtaa tactaacaga 900
agcaatgccc gtgcatcaag caaccgcagc ctcgccattg gaagtcaata tatcaatcct 960
tctacagaat ctttacctaa caacagagga gtttcgatat atccttccac cgtcaactta 1020
caaccaagg aatctccggt tattcatcag aaacacagaa acaacaacaa cccttttgag 1080
tttgacaca tatectctga ttcgttactc aaccgaata ccgcaaagac ctatggatca 1140
tcgttcttgg atttcagcag caaccaagag aagcattcag ggaatcacia tcacaattct 1200
tggcctgaag agctgacatc agattggaca cagctctcaa tgtcaattcc aatagcatca 1260
tcatccccct cctccacaca caacaacaac aatgctcaag aaaaaacaac actctcgcct 1320
ctcaggctat cccgcgagct tgacctatcg atccaaaccg atgaaacaac aatcgagcct 1380
actgtgaaaa aggtgaatac ttggatacca atctcatggg gaaactcctt aggaggctct 1440
ctaggatgaag tactaaacag tacaacgaat agtccaacat ttggatcttc tcctacaggg 1500
gttttgcaaa agtcacatt ttgttactc tetaacaaca gctccgtgag cagccccatt 1560
gcagagaaca acagacacaa tggcgattac tttcattaca caacctga 1608

```

```

<210> 16
<211> 535
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

```

```

<400> 16

```

```

Met Asp Ile Gly Val His Val Leu Gly Ser Val Thr Ser Asn Glu Asn
1           5           10           15

Glu Ser Leu Gly Leu Lys Glu Leu Ile Gly Thr Lys Gln Asp Arg Ser
20           25           30
Gly Phe Ile Gly Glu Asp Cys Leu Gln Arg Ser Leu Lys Leu Ala Arg
35           40           45

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

```

Ala Ala Tyr Cys Lys Thr Met Ser Phe His Gln Gly Ile Pro Leu Met
65 70 75 80

Arg Ser Ala Ser Pro Leu Ser Ser Asp Ser Arg Arg Gln Glu Gln Met
85 90 95

Leu Ser Phe Ser Asp Lys Pro Asp Ala Leu Asp Phe Ser Lys Tyr Val
100 105 110

Gly Leu Asp Asn Ser Ser Asn Asn Lys Asn Ser Leu Ser Pro Phe Leu
115 120 125

His Gln Ile Pro Pro Pro Ser Tyr Phe Arg Ser Ser Gly Gly Tyr Gly
130 135 140

Ser Gly Gly Met Met Met Asn Met Ser Met Gln Gly Asn Phe Thr Gly
145 150 155 160

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

Ala Leu Ile Tyr Lys Tyr Ile Thr Ala Asn Val Pro Val Pro Ser Ser
180 185 190

Leu Leu Ile Ser Ile Lys Lys Ser Phe Tyr Pro Tyr Gly Ser Leu Pro
195 200 205

Pro Ser Ser Phe Gly Trp Gly Thr Phe His Leu Gly Phe Ala Gly Gly
210 215 220

Asn Met Asp Pro Glu Pro Gly Arg Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys
225 230 235 240

Trp Arg Cys Ser Arg Asp Ala Val Pro Asp Gln Lys Tyr Cys Glu Arg
245 250 255

His Ile Asn Arg Gly Arg His Arg Ser Arg Lys Pro Val Glu Val Gln
260 265 270

Ser Gly Gln Asn Gln Thr Ala Ala Ala Ser Lys Ala Val Thr Thr
275 280 285

Pro Gln Gln Pro Val Val Ala Gly Asn Thr Asn Arg Ser Asn Ala Arg
290 295 300

Ala Ser Ser Asn Arg Ser Leu Ala Ile Gly Ser Gln Tyr Ile Asn Pro
305 310 315 320

Ser Thr Glu Ser Leu Pro Asn Asn Arg Gly Val Ser Ile Tyr Pro Ser
325 330 335

Thr Val Asn Leu Gln Pro Lys Glu Ser Pro Val Ile His Gln Lys His
340 345 350

Arg Asn Asn Asn Asn Pro Phe Glu Phe Gly His Ile Ser Ser Asp Ser
355 360 365

Leu Leu Asn Pro Asn Thr Ala Lys Thr Tyr Gly Ser Ser Phe Leu Asp
370 375 380

Phe Ser Ser Asn Gln Glu Lys His Ser Gly Asn His Asn His Asn Ser
385 390 395 400

Trp Pro Glu Glu Leu Thr Ser Asp Trp Thr Gln Leu Ser Met Ser Ile
405 410 415
Pro Ile Ala Ser Ser Ser Pro Ser Ser Thr His Asn Asn Asn Asn Ala
420 425 430
Gln Glu Lys Thr Thr Leu Ser Pro Leu Arg Leu Ser Arg Glu Leu Asp
435 440 445
Leu Ser Ile Gln Thr Asp Glu Thr Thr Ile Glu Pro Thr Val Lys Lys
450 455 460
Val Asn Thr Trp Ile Pro Ile Ser Trp Gly Asn Ser Leu Gly Gly Pro
465 470 475 480
Leu Gly Glu Val Leu Asn Ser Thr Thr Asn Ser Pro Thr Phe Gly Ser
485 490 495
Ser Pro Thr Gly Val Leu Gln Lys Ser Thr Phe Cys Ser Leu Ser Asn
500 505 510
Asn Ser Ser Val Ser Ser Pro Ile Ala Glu Asn Asn Arg His Asn Gly
515 520 525
Asp Tyr Phe His Tyr Thr Thr
530 535
<210> 17
<211> 1098
<212> ДНК
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 17
atggactttc tcaaagtttc agacaagaca acaattccat atagaagtga ttctttgttt 60
agtttgaatc agcaacaata caaagagtct tcttttggat tcagagacat ggagattcat 120
ccgcataccta ctccatatgc aggaatgga cttttgggtt gttattacta ttaccctttc 180
acaaacgcac aattgaagga gcttgagaga caagcaatga tctacaagta catgatcgca 240
tctattcctg ttcctttcga tctacttggt tcttcacccat cctctgcctc tccctgtaac 300
aataaaaaaca tcgccggaga tttagagccg ggaagatgcc ggagaacaga cggaagaaaa 360
tgagagatgcg cgaaagaagt cgtctctaata cacaataact gtgagaaaca cttacacaga 420
ggtcgtcctc gttcaagaaa gcatgtggaa cctccttatt ctgcgcctaa caacaatggt 480
ggttctgtga aaaacagaga tctcaaaaag ctctctcaaa agttatctag tagttccatc 540
aaagacaaaa cacttgagcc aatggaggtt tcatcatcaa tctcaaaacta tagagactcc 600
agaggaagtg agaaatttac tgtattggca acaacagagc aagagaacaa gtatctgaat 660
ttcatagatg tatgggtccga tggagtaaga tcatctgaaa aacagagtac aacttcaaca 720
cctgtttctt cttccaatgg caatctctct ctttactcgc ttgatctctc aatgggagga 780
aacaacttaa tgggccaaga cgaaatgggc ctgatacaaa tgggcttagg tgtaatcggg 840
tcgggtagtg aggatcatca cgggtatggt ccttatggtg tgacttcttc actagaggag 900
atgtcaagct ggcttgctcc gatgtctacc acacctggtg gaccattagc ggagatactg 960

```
aggccgagta cgaatttggc gatctctggt gatatcgaat cgtatagctt gatggagact 1020
cccactccaa gctcgtcccc gtctagagtg atgaagaaga tgactagttc agtgtccgac 1080
gaaagcagcc aggttttag 1098
```

```
<210> 18
<211> 365
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana
```

```
<400> 18
```

```
Met Asp Phe Leu Lys Val Ser Asp Lys Thr Thr Ile Pro Tyr Arg Ser
1          5          10          15

Asp Ser Leu Phe Ser Leu Asn Gln Gln Gln Tyr Lys Glu Ser Ser Phe
          20          25          30

Gly Phe Arg Asp Met Glu Ile His Pro His Pro Thr Pro Tyr Ala Gly
          35          40          45

Asn Gly Leu Leu Gly Cys Tyr Tyr Tyr Tyr Pro Phe Thr Asn Ala Gln
          50          55          60

Leu Lys Glu Leu Glu Arg Gln Ala Met Ile Tyr Lys Tyr Met Ile Ala
65          70          75          80

Ser Ile Pro Val Pro Phe Asp Leu Leu Val Ser Ser Pro Ser Ser Ala
          85          90          95

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

Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Ala Lys Glu Val Val
          115          120          125

Ser Asn His Lys Tyr Cys Glu Lys His Leu His Arg Gly Arg Pro Arg
          130          135          140

Ser Arg Lys His Val Glu Pro Pro Tyr Ser Arg Pro Asn Asn Asn Gly
145          150          155          160

Gly Ser Val Lys Asn Arg Asp Leu Lys Lys Leu Pro Gln Lys Leu Ser
          165          170          175

Ser Ser Ser Ile Lys Asp Lys Thr Leu Glu Pro Met Glu Val Ser Ser
          180          185          190

Ser Ile Ser Asn Tyr Arg Asp Ser Arg Gly Ser Glu Lys Phe Thr Val
          195          200          205

Leu Ala Thr Thr Glu Gln Glu Asn Lys Tyr Leu Asn Phe Ile Asp Val
          210          215          220

Trp Ser Asp Gly Val Arg Ser Ser Glu Lys Gln Ser Thr Thr Ser Thr
225          230          235          240

Pro Val Ser Ser Ser Asn Gly Asn Leu Ser Leu Tyr Ser Leu Asp Leu
          245          250          255
```

Ser Met Gly Gly Asn Asn Leu Met Gly Gln Asp Glu Met Gly Leu Ile
260 265 270
Gln Met Gly Leu Gly Val Ile Gly Ser Gly Ser Glu Asp His His Gly
275 280 285
Tyr Gly Pro Tyr Gly Val Thr Ser Ser Leu Glu Glu Met Ser Ser Trp
290 295 300
Leu Ala Pro Met Ser Thr Thr Pro Gly Gly Pro Leu Ala Glu Ile Leu
305 310 315 320
Arg Pro Ser Thr Asn Leu Ala Ile Ser Gly Asp Ile Glu Ser Tyr Ser
325 330 335
Leu Met Glu Thr Pro Thr Pro Ser Ser Ser Pro Ser Arg Val Met Lys
340 345 350
Lys Met Thr Ser Ser Val Ser Asp Glu Ser Ser Gln Val
355 360 365

<210> 19
<211> 1658
<212> ДНК
<213> Aquilegia formosa x Aquilegia pubescens

<400> 19
acttaaaaga ccagtccttag cttcttcat taattcctac tactgttctc agtgttgctc 60
tttgagtta tagatatttt tcttacaatg atgatgagtg ctagaaacag aaatcctttc 120
actgtaactc aatggcaaga acttgaacat caagctctca ttataagta tatggcttca 180
ggaatgccta taccacctga tctcatcttc cctattaaga gaagtcttga ttcttcaaga 240
ttctttcttc atcaaccaat ggattggggg tgttttcaga tgggttatgg caggaaagtt 300
gatccagaac ctggaagggt cagaagaaca gatggaaaga agtggagatg ctcaaaggaa 360
gcataccag actcaaagta ctgtgagaga cacatgcaca gaggcagaaa ccgttcaaga 420
aagcctgtgg aagttaatac tacatcaaat tcctcattac cactttcatc ttttacctct 480
agaactcctt ctagtaccat tacttcaa atcaaccctt cttcttattc cttttcttca 540
tctctaacat ctgacaaatc tcagcaagaa catcatcacc cttatcataa caccctctt 600
cattcctttc tcaatcctag tagaacttct tgttcttctc ctagaactca taatattgat 660
ttctcacctc atagcaataa caatgccaat ttggtattag actctgggtc ttactctaac 720
tcttatgaag atcacagaaa caggatggt catggtctaa aagaagaggt agatgaaaga 780
gctttctttt cagaagcatc aggaacatta agaagtgtac cagaatcaac tttgaaagat 840
ccatggcggt taacaccatt aagaatgagt tcttcaactc ataaccaacc aaaagatgga 900
aattttctg atttacaag aggtattct cagtttcaac tccaacataa acaacaaca 960
cagcaacaag aagaagaaca gcattgtttt attttaggta ctgatttcaa atctgacagg 1020
tttatgaaaa ctagtactac tactactgag aaagaagaat cacaacaacc acttcgccat 1080

```

ttctttgatg aatggccacc taagagtaaa gattcttggg tgggtttaga agaagataga 1140
tcagatcaag gttcacattc aacaactcaa ctttcaatat ctattcctat gtcttctcat 1200
gagttctcag ttccaaattc cagaacctaa caataagatg atgggttgatt tacttaaagt 1260
gggattatta tggaaagatt aatgacaaca aggagttgat tcaaggttgg gttcagtgtc 1320
tttgacttg tattgtcttt atttaattga tgatgagaag tttaggtaga gagtgtatg 1380
tgttattttt ttttttgta tgtgtgtgga gtgattgaaa agtgtgtctt taaacagtaa 1440
gattcctgtc ttgtgttttc ttgatagctg ttagaacttt gtttgaatga ctgatgaaca 1500
aatatttggg atttggggat ttgtttgtat caatattagg tgttttttct gtctttttgg 1560
cttcttccat gattgccaaa gaccatttgt tcaacctaaa aatgataatg aagggggggc 1620
caatttgata tcatgagctt ggtgtcagt taggaaag 1658

```

<210> 20

<211> 377

<212> PRT

<213> Aquilegia formosa x Aquilegia pubescens

<400> 20

```

Met Met Met Ser Ala Arg Asn Arg Asn Pro Phe Thr Val Thr Gln Trp
1          5          10          15

Gln Glu Leu Glu His Gln Ala Leu Ile Tyr Lys Tyr Met Ala Ser Gly
20          25          30

Met Pro Ile Pro Pro Asp Leu Ile Phe Pro Ile Lys Arg Ser Leu Asp
35          40          45

Ser Ser Arg Phe Phe Pro His Gln Pro Met Asp Trp Gly Cys Phe Gln
50          55          60

Met Gly Tyr Gly Arg Lys Val Asp Pro Glu Pro Gly Arg Cys Arg Arg
65          70          75          80

Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Ser Lys Glu Ala Tyr Pro Asp Ser
85          90          95

Lys Tyr Cys Glu Arg His Met His Arg Gly Arg Asn Arg Ser Arg Lys
100         105         110

Pro Val Glu Val Asn Thr Thr Ser Asn Ser Ser Leu Pro Leu Ser Ser
115         120         125

Phe Thr Ser Arg Thr Pro Ser Ser Thr Ile Thr Ser Asn Thr Asn Pro
130         135         140

Ser Ser Tyr Ser Leu Ser Ser Ser Leu Thr Ser Asp Lys Ser Gln Gln
145         150         155         160

Glu His His His Pro Tyr His Asn Thr Pro Leu His Ser Phe Leu Asn
165         170         175

Pro Ser Arg Thr Ser Cys Ser Ser Pro Arg Thr His Asn Ile Asp Phe
180         185         190

```

Ser Pro His Ser Asn Asn Asn Ala Asn Leu Val Leu Asp Ser Gly Ser
195 200 205

Tyr Ser Asn Ser Tyr Glu Asp His Arg Asn Arg Tyr Val His Gly Leu
210 215 220

Lys Glu Glu Val Asp Glu Arg Ala Phe Phe Ser Glu Ala Ser Gly Thr
225 230 235 240

Leu Arg Ser Val Pro Glu Ser Thr Leu Lys Asp Pro Trp Arg Leu Thr
245 250 255

Pro Leu Arg Met Ser Ser Ser Thr His Asn Gln Pro Lys Asp Gly Asn
260 265 270

Phe Ser Asp Leu Gln Arg Gly Tyr Ser Gln Phe Gln Leu Gln His Lys
275 280 285

Gln Gln Gln Gln Gln Gln Glu Glu Gln His Cys Phe Ile Leu Gly
290 295 300

Thr Asp Phe Lys Ser Asp Arg Phe Met Lys Thr Ser Thr Thr Thr Thr
305 310 315 320

Glu Lys Glu Glu Ser Gln Gln Pro Leu Arg His Phe Phe Asp Glu Trp
325 330 335

Pro Pro Lys Ser Lys Asp Ser Trp Leu Gly Leu Glu Glu Asp Arg Ser
340 345 350

Asp Gln Gly Ser His Ser Thr Thr Gln Leu Ser Ile Ser Ile Pro Met
355 360 365

Ser Ser His Glu Phe Ser Val Ser Asn
370 375

<210> 21
<211> 1286
<212> ДНК
<213> Brassica napus

<400> 21
gaagaaagat gatgggtcta agtggaaatg gtgggagaac aatagagagg cctccattta 60
caccaacaca atggcaagaa ctggagaatc aagccctaatt ttacaagtac atggtctcag 120
gagttcctgt cccacctgag ctcattctct ccattagaag aagcttggac tcttccttgg 180
tctctagact cctccctcac caatccattg ggtggggatg ctatcagatg gggtttggtg 240
gaaaaccaga tccagaacca ggaagggtgca gaagaacaga tggtaagaaa tggagatgct 300
caagagaagc ataccctgat tcaaagtact gtgaaaaaca catgcacaga ggaaggaacc 360
gtgccagaaa atctattgat cagaatcaga caactgctcc tttaacatca ccatctctct 420
ctttcccca caacaacaac ccaagcccta ccttgtcttc ttctctctct acttattcag 480
ctgcttcttc atctccttcc attgatgctt acagtaatat caataggctt ggtgttggtg 540
gtagtaacag tagaggttac ttcaacaacc attcccttga ctatccttat cctttgtcct 600
cacctaaca gcaacaacaa cagcaacaaa ctcttagtca tgtttctgct ttgtcacttc 660

atcaaaacac atctacacct cagctcaatg tctttgctc tgcaactgac cacaagact 720
 tcagatattt tcaagggatt ggggagagag ttggagtgg ggaaagaact tttttccag 780
 aagcttctag aagctttcaa gattctccat accatcacca acaaccgtta gcaacggtag 840
 tggataatcc gtacgactgt actactgac ataagttga tcatcatcat acatactcat 900
 catcatctca acatcatcat catgaccaag atcatcgaca acaacaacaa tgttttgtt 960
 tgggcccga catgttcaac aaaccacaa gaactatctt ggaaaacaca tcgagacaag 1020
 attatcttaa tcaagaagag gaagagaaag attcatcgga cacgaagaag tcccttcac 1080
 atttcttgg tgaagagtgg acacagaaca agaacagttc agattcttgg cttgacctt 1140
 ctccccagtc aagactcgac actggtagct gattgatgag gccagatagc atcagtgatg 1200
 ggtctgcacc aacacacaca caaacacgtt tgaagggtca catttcacat ctatttccgt 1260
 ggaacattga gacagacaag aactg 1286

<210> 22
 <211> 387
 <212> PRT
 <213> Brassica napus

<400> 22

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

Gly Ser Ser Asn Ser Arg Gly Tyr Phe Asn Asn His Ser Leu Asp Tyr
180 185 190

Pro Tyr Pro Leu Ser Ser Pro Lys Gln Gln Gln Gln Gln Gln Thr
195 200 205

Leu Ser His Val Ser Ala Leu Ser Leu His Gln Asn Thr Ser Thr Pro
210 215 220

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

Phe Gln Gly Ile Gly Glu Arg Val Gly Val Gly Glu Arg Thr Phe Phe
245 250 255

Pro Glu Ala Ser Arg Ser Phe Gln Asp Ser Pro Tyr His His Gln Gln
260 265 270

Pro Leu Ala Thr Val Val Asp Asn Pro Tyr Asp Cys Thr Thr Asp His
275 280 285

Lys Phe Asp His His His Thr Tyr Ser Ser Ser Ser Gln His His His
290 295 300

His Asp Gln Asp His Arg Gln Gln Gln Gln Cys Phe Val Leu Gly Ala
305 310 315 320

Asp Met Phe Asn Lys Pro Thr Arg Thr Ile Leu Glu Asn Thr Ser Arg
325 330 335

Gln Asp Tyr Leu Asn Gln Glu Glu Glu Glu Lys Asp Ser Ser Asp Thr
340 345 350

Lys Lys Ser Leu His His Phe Phe Gly Glu Glu Trp Thr Gln Asn Lys
355 360 365

Asn Ser Ser Asp Ser Trp Leu Asp Leu Ser Ser Gln Ser Arg Leu Asp
370 375 380

Thr Gly Ser
385

<210> 23
<211> 1559
<212> ДНК
<213> Hordeum vulgare

<400> 23
gggcagccgc agccgcagcc gcagcagagg agagagagag ggagggagaa gcatatatgg 60
cgatgccctt tgccctccctg tcgccggcag ccgaccacca ccgctcctcc cccatcttcc 120
ccttctgccg ctctctccct ctctactcgg taggggagga ggcggcgcat cagcatcctc 180
atcctcagca gcagcagcag cagcacgcga tgagcggcgc gcggtgggcg gcgaggccgg 240
cgcccttcac ggcggcgag tacgaggagc tggagcagca ggcgctcatc tacaagtacc 300
tcgtcgccgg cgtcccgctc ccgcaggacc tctcctctcc catccgccgc ggcttcgaga 360
ccctcgctc gcgcttctac caccaccacg cccttgggta cgggtcctac ttcggaaga 420
agctggatcc ggagccgggg cggtgccggc ggacggacgg caagaagtgg cggtgctcca 480


```

aggaggccgc tcaggactcc aagtactgcy agcgccacat gcaccgcggc cgcaaccgtt 540
caagaaaagcc tgtggaaacg cagctcgctc ccagctccca ctcccagtc cagcagcacg 600
ccaccgcggc cttccacaac cactcgccgt atccggcgat cgccactggc ggtggctcct 660
tcgccctggg gtctgctcag ctgcacatgg aactgctgc gccttacgcy acgaccgcgc 720
gtgctgcccg aaacaaagat ttcaggtatt ctgcctatgg agtgaggacg tcggcgatcg 780
aggagcacia ccagttcatc accgcggcca tggacaccgc catggacaac tactcgtggc 840
gcctgatgcc gtcccaggcc tcggcattct cgtctccag ctaccccatg ctgggcacgc 900
tgagcgacct ggaccagagc gcgatctgct cgctggccaa gactgagagg gagccactgt 960
ccttcttcgg cggcggcgcc gacttcgacg acgactcggc tgcggtgaag caggagaacc 1020
agacgctgcy gcccttcttc gacgagtggc ccaaggacag ggactcgtgg ccggagctgc 1080
aagaccacga cgccaacaac aacagcaacg ccttctcagc caccaagctg tccatctcca 1140
tgccggtcac cagctccgac ttctctggca ccaccgcggc ctcccgctcg cccaacggta 1200
tatactcccg gtgaacggcg tcggccggcc tgatctctgc tgatttgccg tggtcacgac 1260
ggcgctctc aaatcatcac agatgagcga accggccgac ccgatcgaat gtgtctgtga 1320
gccgactgca gcttgcttgc tcattttgta tggatcgctc tgcagcagga acgaaacact 1380
actccttta tttcctttct ttaatttcac aacgtttttt ctgggttttg ccgtgtatcg 1440
gccggaactg tactaccaag tttctatag cctcgatggt catgcacgac atcgttgact 1500
gtttcccgcy cacttactgt tgaaataatc ttccattttt ggcaaaaaaa aaaaaaaa 1559

```

```

<210> 24
<211> 385
<212> PRT
<213> Hordeum vulgare

```

```
<400> 24
```

```

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

Ser Ser Pro Ile Phe Pro Phe Cys Arg Ser Ser Pro Leu Tyr Ser Val
          20           25           30

Gly Glu Glu Ala Ala His Gln His Pro His Pro Gln Gln Gln Gln
35           40           45

Gln His Ala Met Ser Gly Ala Arg Trp Ala Ala Arg Pro Ala Pro Phe
50           55           60

Thr Ala Ala Gln Tyr Glu Glu Leu Glu Gln Gln Ala Leu Ile Tyr Lys
65           70           75           80

Tyr Leu Val Ala Gly Val Pro Val Pro Gln Asp Leu Leu Leu Pro Ile
          85           90           95

```

Arg Arg Gly Phe Glu Thr Leu Ala Ser Arg Phe Tyr His His His Ala
 100 105 110
 Leu Gly Tyr Gly Ser Tyr Phe Gly Lys Lys Leu Asp Pro Glu Pro Gly
 115 120 125
 Arg Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Ser Lys Glu Ala
 130 135 140
 Ala Gln Asp Ser Lys Tyr Cys Glu Arg His Met His Arg Gly Arg Asn
 145 150 155 160
 Arg Ser Arg Lys Pro Val Glu Thr Gln Leu Val Ala Ser Ser His Ser
 165 170 175
 Gln Ser Gln Gln His Ala Thr Ala Ala Phe His Asn His Ser Pro Tyr
 180 185 190
 Pro Ala Ile Ala Thr Gly Gly Gly Ser Phe Ala Leu Gly Ser Ala Gln
 195 200 205
 Leu His Met Asp Thr Ala Ala Pro Tyr Ala Thr Thr Ala Gly Ala Ala
 210 215 220
 Gly Asn Lys Asp Phe Arg Tyr Ser Ala Tyr Gly Val Arg Thr Ser Ala
 225 230 235 240
 Ile Glu Glu His Asn Gln Phe Ile Thr Ala Ala Met Asp Thr Ala Met
 245 250 255
 Asp Asn Tyr Ser Trp Arg Leu Met Pro Ser Gln Ala Ser Ala Phe Ser
 260 265 270
 Leu Ser Ser Tyr Pro Met Leu Gly Thr Leu Ser Asp Leu Asp Gln Ser
 275 280 285
 Ala Ile Cys Ser Leu Ala Lys Thr Glu Arg Glu Pro Leu Ser Phe Phe
 290 295 300
 Gly Gly Gly Gly Asp Phe Asp Asp Asp Ser Ala Ala Val Lys Gln Glu
 305 310 315 320
 Asn Gln Thr Leu Arg Pro Phe Phe Asp Glu Trp Pro Lys Asp Arg Asp
 325 330 335
 Ser Trp Pro Glu Leu Gln Asp His Asp Ala Asn Asn Asn Ser Asn Ala
 340 345 350
 Phe Ser Ala Thr Lys Leu Ser Ile Ser Met Pro Val Thr Ser Ser Asp
 355 360 365
 Phe Ser Gly Thr Thr Ala Gly Ser Arg Ser Pro Asn Gly Ile Tyr Ser
 370 375 380
 Arg
 385
 <210> 25
 <211> 1521
 <212> ДНК
 <213> Lycopersicon esculentum
 <400> 25

```

gatgataaga aacacacaaa tgacttaact ttgcaggttt caccgcactc gacactgcaa      60
aaaagataca tataaaaaaa aaggteccact caactctctg caaaaataaa aaaaattaaa      120
aacttttgtc caagacttaa ctttctcttc agaaataaat ttgccttcac attaataatt      180
tgttgttagt aacaaaaatc attctcaatc gaaacatgga cttcaatatg aagcaatgga      240
gtaatcaaca tgagtcagaa aatcaagaat caccaacaaa gttaccaaga cttcttcttg      300
acttccactc tgtttcttct gattctgctt ctgctgctgc tctaccattg tttgtatctg      360
aaccaacaac atcaacaaca acttgtagca aattaatgtc agattcagca accactgtca      420
ccaccaaatt tccaaggatt ggaagtgggt gtgggttactt cagcttgggt caatggcaag      480
aacttgaact acacagtttg atttttaggc atttttagtc tgggtgccct gttccttctg      540
aactacttca tcttgtaag aaaagtatta ttgcttctcc tcctcctcct ccttcatatt      600
actttgtctc tccatatcaa cagtatctc attatcaaca agctttgatg cagtcagggt      660
actggggtag agccgccatg gatccagaac caggaagggt taggaggact gatggcaaga      720
aatggagggt ctcaagggat gtagtggctg gccagaaata ctgcgagcgc cacgttctatc      780
gtggccgcag ccgttcaaga aagcctgtgg aaattccac acctgccaac aatggcagta      840
aaaacaacaa cactgtttct catcatcaag cctttggaaa atgactgga catgctcatg      900
ctgggtggtg tgetcctcag ttttctctt cgggacattc accttcact aatgcgcctt      960
ttcatctcaa tcaaaggcca attaagggtc caccacaaga agtacttcaa aaagatgtat     1020
ctattggtga tggtaaata tctagtggcc aaatcctacg ccatttcttc gacgattggc     1080
ctagacaaca acttcaagaa ggcgacaatg ctgcaaccag cctgtccatt tcgatgcccg     1140
gtgtaggggg taaccctcgc tcagacttct cgttgaagct ttcaactggg aattactatg     1200
attcagggtac tcaagttagt aatgttgaac ggtctacatg ggggacgagt caccaccacg     1260
tagcctcaat ggggtgtcca cttgccgagg ccttaagggt atcaacaact aactcgctcc     1320
ctactagcgt gttgcatcaa ttggcacgag gtagcgcgtc cgaggccagc tatattagca     1380
cttgatttct gcaagtgttc ttgttaaatg ttttttctt ttggacttta ttgtttttta     1440
acttggttgt gttgtgttct attgttctt attggtattg atatacctaa ctgtcacctg     1500
tacaaaaaaa aaaaaaaaaa a                                             1521

```

<210> 26

<211> 389

<212> PRT

<213> *Lycopersicon esculentum*

<400> 26

```

Met Asp Phe Asn Met Lys Gln Trp Ser Asn Gln His Glu Ser Glu Asn
1          5          10          15

Gln Glu Ser Pro Thr Lys Leu Pro Arg Leu Leu Leu Asp Phe His Ser
          20          25          30

```

```

Val Ser Ser Asp Ser Ala Ser Ala Ala Ala Leu Pro Leu Phe Val Ser
    35              40              45

Glu Pro Thr Thr Ser Thr Thr Cys Thr Lys Leu Met Ser Asp Ser
    50              55              60

Ala Thr Thr Val Thr Thr Lys Phe Pro Arg Ile Gly Ser Gly Gly Gly
    65              70              75              80

Tyr Phe Ser Leu Ala Gln Trp Gln Glu Leu Glu Leu His Ser Leu Ile
    85              90              95

Phe Arg His Phe Val Ala Gly Ala Pro Val Pro Ser Glu Leu Leu His
    100             105             110

Leu Val Lys Lys Ser Ile Ile Ala Ser Pro Pro Pro Pro Pro Ser Tyr
    115             120             125

Tyr Phe Ala His Pro Tyr Gln Gln Tyr Pro His Tyr Gln Gln Ala Leu
    130             135             140

Met Gln Ser Gly Tyr Trp Gly Arg Ala Ala Met Asp Pro Glu Pro Gly
    145             150             155             160

Arg Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Ser Arg Asp Val
    165             170             175

Val Ala Gly Gln Lys Tyr Cys Glu Arg His Val His Arg Gly Arg Ser
    180             185             190

Arg Ser Arg Lys Pro Val Glu Ile Pro Thr Pro Ala Asn Asn Gly Ser
    195             200             205

Lys Asn Asn Asn Thr Val Ser His His Gln Ala Phe Gly Lys Met Thr
    210             215             220

Gly His Ala His Ala Gly Gly Gly Ala Pro Gln Phe Ser Leu Ser Gly
    225             230             235             240

His Ser Pro Ser Thr Asn Ala Pro Phe His Leu Asn Gln Arg Pro Ile
    245             250             255

Lys Gly Pro Pro Gln Glu Val Leu Gln Lys Asp Val Ser Ile Gly Asp
    260             265             270

Gly Lys Ser Ser Ser Gly Gln Ile Leu Arg His Phe Phe Asp Asp Trp
    275             280             285

Pro Arg Gln Gln Leu Gln Glu Gly Asp Asn Ala Ala Thr Ser Leu Ser
    290             295             300

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

Lys Leu Ser Thr Gly Asn Tyr Tyr Asp Ser Gly Thr Gln Val Ser Asn
    325             330             335

Val Glu Arg Ser Thr Trp Gly Thr Ser His His His Val Ala Ser Met
    340             345             350

Gly Gly Pro Leu Ala Glu Ala Leu Arg Ser Ser Thr Thr Asn Ser Ser
    355             360             365

```

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

Ser Tyr Ile Ser Thr
385

<210> 27
<211> 1100
<212> ДНК
<213> Medicago truncatula

<400> 27
atgatgagtg caagttcaag aaatagggtca cttttcacac caaatcaatg gcaagaactt 60
gaacaacaag ccctagtttt taaatacatg gttactggaa cacctattcc accagatctc 120
atatactcta ttaagagaag tttagacact tcaatatctt caagaatctt tcctcatcca 180
ccaattgggt ggggatgttt tgaaatggga tttggcagaa aagtagaccc agagccaggg 240
aggtgcagaa gaacagatgg caagaaatgg agatgctcaa aggaagcata tccagactca 300
aagtactgtg aaagacacat gcacagaggt agaaaccgtt caagaaagcc tgtggaacta 360
gtagttttctt cttcaacaac aacaccaaca aataacacaa acacagcatc ttcttacagc 420
aacagaacaa tctccttgaa caacaacagc agcagcataa actcaccttc ttctttccct 480
ttctctactt catccatggc ttgtcatgat cagtcacaat ctttttcaca atcctaccaa 540
aactcttctt taaacctta ctattactct caatcaatta cctctactaa cccacttgat 600
cattctcatt ttcaaactca agatgctact actcatcacc tctttttgga ctcaacatct 660
tattctcagg atgacaagga ctttaggtat gtacaagttc aaggaataag agatggtact 720
gtggatgaga gaactttctt tccagaagct acagggtcat ctaggagctg ttatcatgat 780
tcatatcaac aacaactatc aatgaatccc ttttaagtctt actcaagctc acagtttcag 840
aatatcaatg atgataattc aagacaacaa caagaacaac actgttttgt tttaggcact 900
gacatcaagt caacaagaac aacaacaag gacaaagaaa gtgagacaac tcagaaacca 960
cttcatcatt tctttgtgta gtggacacca aagaacacag attcctggct agatcttgct 1020
tctaactcca gaattccaac aggttgatta tcatttatca tcattcctat gtttttgttt 1080
tttttttggt attattaata 1100

<210> 28
<211> 348
<212> PRT
<213> Medicago truncatula

<400> 28

Met Met Ser Ala Ser Ser Arg Asn Arg Ser Leu Phe Thr Pro Asn Gln
1 5 10 15

Trp Gln Glu Leu Glu Gln Gln Ala Leu Val Phe Lys Tyr Met Val Thr
20 25 30

Gly Thr Pro Ile Pro Pro Asp Leu Ile Tyr Ser Ile Lys Arg Ser Leu
 35 40 45
 Asp Thr Ser Ile Ser Ser Arg Ile Phe Pro His Pro Pro Ile Gly Trp
 50 55 60
 Gly Cys Phe Glu Met Gly Phe Gly Arg Lys Val Asp Pro Glu Pro Gly
 65 70 75 80
 Arg Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Ser Lys Glu Ala
 85 90 95
 Tyr Pro Asp Ser Lys Tyr Cys Glu Arg His Met His Arg Gly Arg Asn
 100 105 110
 Arg Ser Arg Lys Pro Val Glu Leu Val Val Ser Ser Ser Thr Thr Thr
 115 120 125
 Pro Thr Asn Asn Thr Asn Thr Ala Ser Ser Tyr Ser Asn Arg Asn Ile
 130 135 140
 Ser Leu Asn Asn Asn Ser Ser Ser Ile Asn Ser Pro Ser Ser Phe Pro
 145 150 155 160
 Phe Ser Thr Ser Ser Met Ala Cys His Asp Gln Ser Gln Ser Phe Ser
 165 170 175
 Gln Ser Tyr Gln Asn Ser Ser Leu Asn Pro Tyr Tyr Tyr Ser Gln Ser
 180 185 190
 Ile Thr Ser Thr Asn Pro Leu Asp His Ser His Phe Gln Thr Gln Asp
 195 200 205
 Ala Thr Thr His His Leu Phe Leu Asp Ser Thr Ser Tyr Ser Gln Asp
 210 215 220
 Asp Lys Asp Phe Arg Tyr Val Gln Val Gln Gly Ile Arg Asp Gly Thr
 225 230 235 240
 Val Asp Glu Arg Thr Phe Phe Pro Glu Ala Thr Gly Ser Ser Arg Ser
 245 250 255
 Cys Tyr His Asp Ser Tyr Gln Gln Gln Leu Ser Met Asn Pro Phe Lys
 260 265 270
 Ser Tyr Ser Ser Ser Gln Phe Gln Asn Ile Asn Asp Asp Asn Ser Arg
 275 280 285
 Gln Gln Gln Glu Gln His Cys Phe Val Leu Gly Thr Asp Ile Lys Ser
 290 295 300
 Thr Arg Thr Thr Asn Lys Asp Lys Glu Ser Glu Thr Thr Gln Lys Pro
 305 310 315 320
 Leu His His Phe Phe Gly Glu Trp Thr Pro Lys Asn Thr Asp Ser Trp
 325 330 335
 Leu Asp Leu Ala Ser Asn Ser Arg Ile Pro Thr Gly
 340 345

<210> 29
 <211> 1302
 <212> ДНК

<213> *Medicago truncatula*

<400> 29

```

atgcatatgt tgacaatgga agctaaacct cttcaacttg ttccctcttc acacaacagc      60
acaactgggtg gtggacccca gatgaagatt gagaatgggtg aagttgatga agagaaaagg      120
gttggtgttg gagtgaagga agatatagaa aacaagcctt tgatcacaga agctcaaagg      180
cgtgaacttg atcatcaagt ttttatTTTT aatcattttg cttataatct tcctcttctc      240
tattaccttt tgcaatttcc aagtaatatg tcagagtaca gtcgtcgtgg gtctgattat      300
gtgactatgg tggatcaaga accacatagg tgtagaagaa ctgacggaaa gaaatggagg      360
tgcggaagg acacagtacc taatcagaag tattgtgaac gtcacatgca cagaggtcga      420
aatcgttcaa gaaagcttgt ggaaacatct caacttaact ctcttttgaa aacaatcct      480
agtgggtggg gcaagtcaca tgcaaaacta gtcccaaaca ttaaattctc agtttcaa      540
ccaaaccctt tgattattca tcacaatggc acattctcat acaatccgag gaccttctgc      600
gttgtagata cttcttctgt ttgtgatcgg tcgagacatg tcatagatta tggtgccact      660
gcagtgacaa cttcggaag cacgacatcc gtttctttgg ataacagagt ttgtcctaac      720
gtatgcaagc aagatgagca gatcaagagg tgtatcaccg acaacgtggg tattaagaag      780
ggtcggaaag gaagcatatc ttgtgaaagt attggcatct ctactggaat aggcttttcc      840
ccaaagagtg ttcttccagt ttctggttgc aatgattcat acctcaacaa cagaacaat      900
atattagaac ctgaaccgg tagatgccga agaacagatg gtaagaagtg gcgatgcaag      960
agtgcggttc ttccaggtea gaagtattgt gcaacacata tgcataaggg tgctaaaagg      1020
cgtttttaca acctcgaatc tcctctctc gccaccactg ttattcctaa aactactgat      1080
attagttcag ctgttaccat tgctcagttg cccgaccctt cggctccaat cgacatccag      1140
aaagcgaatt gttggtctcc gagcactaag ctttcaatgt cggttcaaga aagtgcgccc      1200
tttggtgatt gtaatgagaa aagtgttagc agcggtgaca cggatggtac tagtaccacc      1260
atcactgaca ccatgaatga gtgtagctat ctttcttct aa                          1302

```

<210> 30

<211> 433

<212> PRT

<213> *Medicago truncatula*

<400> 30

```

Met His Met Leu Thr Met Glu Ala Lys Pro Leu Gln Leu Val Pro Ser
1           5           10           15

Ser His Asn Ser Thr Thr Gly Gly Gly Pro Gln Met Lys Ile Glu Asn
          20           25           30

Gly Glu Val Asp Glu Glu Lys Arg Val Val Val Gly Val Lys Glu Asp
35           40           45

```



```

Ile Glu Asn Lys Pro Leu Ile Thr Glu Ala Gln Arg Arg Glu Leu Asp
 50                      55                      60

His Gln Val Phe Ile Phe Asn His Phe Ala Tyr Asn Leu Pro Leu Pro
 65                      70                      75                      80

Tyr Tyr Leu Leu Gln Phe Pro Ser Asn Met Ser Glu Tyr Ser Arg Arg
                      85                      90                      95

Gly Ser Asp Tyr Val Thr Met Val Asp Gln Glu Pro His Arg Cys Arg
                      100                      105                      110

Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Gly Lys Asp Thr Val Pro Asn
                      115                      120                      125

Gln Lys Tyr Cys Glu Arg His Met His Arg Gly Arg Asn Arg Ser Arg
                      130                      135                      140

Lys Leu Val Glu Thr Ser Gln Leu Asn Ser Pro Leu Lys Thr Asn Pro
145                      150                      155                      160

Ser Gly Gly Gly Lys Ser His Ala Lys Leu Val Pro Asn Ile Lys Ser
                      165                      170                      175

Ser Val Ser Asn Pro Asn Pro Leu Ile Ile His His Asn Gly Thr Phe
                      180                      185                      190

Ser Tyr Asn Pro Arg Thr Phe Cys Val Val Asp Thr Ser Ser Val Cys
                      195                      200                      205

Asp Arg Ser Arg His Val Ile Asp Tyr Gly Ala Thr Ala Val Thr Thr
210                      215                      220

Ser Gly Ser Thr Thr Ser Val Ser Leu Asp Asn Arg Val Cys Pro Asn
225                      230                      235                      240

Val Cys Lys Gln Asp Glu Gln Ile Lys Arg Cys Ile Thr Asp Asn Val
                      245                      250                      255

Gly Ile Lys Ser Gly Arg Lys Gly Ser Ile Ser Cys Glu Ser Ile Gly
                      260                      265                      270

Ile Ser Thr Gly Ile Gly Phe Ser Pro Lys Ser Val Leu Pro Val Ser
                      275                      280                      285

Gly Cys Asn Asp Ser Tyr Leu Asn Asn Arg Asn Asn Ile Leu Glu Pro
                      290                      295                      300

Glu Pro Gly Arg Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Lys
305                      310                      315                      320

Ser Ala Val Leu Pro Gly Gln Lys Tyr Cys Ala Thr His Met His Arg
                      325                      330                      335

Gly Ala Lys Arg Arg Phe Thr Asn Leu Glu Ser Pro Pro Pro Ala Thr
                      340                      345                      350

Thr Val Ile Pro Lys Thr Thr Asp Ile Ser Ser Ala Val Thr Ile Ala
                      355                      360                      365

Gln Leu Pro Asp Pro Ser Ala Pro Ile Asp Ile Gln Lys Ala Asn Cys
370                      375                      380

```

Trp Ser Pro Ser Thr Lys Leu Ser Met Ser Val Gln Glu Ser Ala Pro
385 390 395 400

Phe Val Asp Cys Asn Glu Lys Ser Val Ser Ser Gly Asp Thr Asp Gly
405 410 415

Thr Ser Thr Thr Ile Thr Asp Thr Met Asn Glu Cys Ser Tyr Leu Ser
420 425 430

Phe

<210> 31
<211> 1185
<212> ДНК
<213> Oryza sativa

<400> 31
atggcgatgc cgtatgcctc cctgtctccg gcggtggccg accaccgctc gtccccggca 60
gccgcgaccg cctccctcct ccccttctgc cgctccaccc cgctctccgc gggcggtggt 120
ggcgctcgca tgggggagga cgcgccgatg accgcgaggt ggccgcccgc ggcggcggcg 180
aggctgccgc cgttcaccgc ggcgcagtac gaggagctgg agcagcaggc gctcatatac 240
aagtacctgg tggcaggcgt gcccgctccg ccgcatctcg tgcctcccat ccgcgcggga 300
ctcgactccc tcgcgcgccg cttctacaac catcccgccc ttggatatgg tccgtacttc 360
ggcaagaagc tggaccaga gccagggcgg tgccggcgta cggacggcaa gaaatggcgg 420
tgctcgaagg aggccgcgcc ggattccaag tactgcgagc gccacatgca ccgcggccgc 480
aaccgttcaa gaaagcctgt ggaacgcag ctggtcgccc agtcccaacc gccctcatct 540
gttgctgggt ctgcggcggc gcccttgct gctgcctcca atggcagcag cttccaaaac 600
cactctcttt accctgctat tgccggcagc aatggcgggg gcggggggag gaacatgcc 660
agctcatttg gctcggcggt gggttctcag ctgcacatgg ataatgctgc cccttatgca 720
gctgttggtg gtggaacagg caaagatctc aggtatactg cttatggcac aagatctttg 780
gcggatgagc agagtcaact cactactgaa gctatcaaca catctattga aaatccatgg 840
cggtgctgc catctcagaa ctcgccattt cccctttcaa gctattctca gctgggggca 900
ctaagtgacc ttggtcagaa cacccccagc tcactttcaa aggttcagag gcagccactt 960
tcgttctttg ggaacgacta tgccgctgtc gattctgtga agcaagagaa ccagacgtg 1020
cgctcccttct ttgatgagtg gccaaaggga agggattcat ggtcagacct cgctgatgag 1080
aatgctaate ttctgtcatt ctcaggcacc caactgtcga tctccatacc aatggcatcc 1140
tctgaattct cggcggccag ttctcgatca actaatggtg actga 1185

<210> 32
<211> 394
<212> PRT
<213> Oryza sativa

<400> 32

```

Met Ala Met Pro Tyr Ala Ser Leu Ser Pro Ala Val Ala Asp His Arg
1          5          10          15

Ser Ser Pro Ala Ala Ala Thr Ala Ser Leu Leu Pro Phe Cys Arg Ser
20          25          30

Thr Pro Leu Ser Ala Gly Gly Gly Gly Val Ala Met Gly Glu Asp Ala
35          40          45

Pro Met Thr Ala Arg Trp Pro Pro Ala Ala Ala Ala Arg Leu Pro Pro
50          55          60

Phe Thr Ala Ala Gln Tyr Glu Glu Leu Glu Gln Gln Ala Leu Ile Tyr
65          70          75          80

Lys Tyr Leu Val Ala Gly Val Pro Val Pro Pro Asp Leu Val Leu Pro
85          90          95

Ile Arg Arg Gly Leu Asp Ser Leu Ala Ala Arg Phe Tyr Asn His Pro
100         105         110

Ala Leu Gly Tyr Gly Pro Tyr Phe Gly Lys Lys Leu Asp Pro Glu Pro
115         120         125

Gly Arg Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Ser Lys Glu
130         135         140

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

Asn Arg Ser Arg Lys Pro Val Glu Thr Gln Leu Val Ala Gln Ser Gln
165         170         175

Pro Pro Ser Ser Val Val Gly Ser Ala Ala Ala Pro Leu Ala Ala Ala
180         185         190

Ser Asn Gly Ser Ser Phe Gln Asn His Ser Leu Tyr Pro Ala Ile Ala
195         200         205

Gly Ser Asn Gly Gly Gly Gly Gly Arg Asn Met Pro Ser Ser Phe Gly
210         215         220

Ser Ala Leu Gly Ser Gln Leu His Met Asp Asn Ala Ala Pro Tyr Ala
225         230         235         240

Ala Val Gly Gly Gly Thr Gly Lys Asp Leu Arg Tyr Thr Ala Tyr Gly
245         250         255

Thr Arg Ser Leu Ala Asp Glu Gln Ser Gln Leu Ile Thr Glu Ala Ile
260         265         270

Asn Thr Ser Ile Glu Asn Pro Trp Arg Leu Leu Pro Ser Gln Asn Ser
275         280         285

Pro Phe Pro Leu Ser Ser Tyr Ser Gln Leu Gly Ala Leu Ser Asp Leu
290         295         300

Gly Gln Asn Thr Pro Ser Ser Leu Ser Lys Val Gln Arg Gln Pro Leu
305         310         315         320

```

Ser Phe Phe Gly Asn Asp Tyr Ala Ala Val Asp Ser Val Lys Gln Glu
325 330 335
Asn Gln Thr Leu Arg Pro Phe Phe Asp Glu Trp Pro Lys Gly Arg Asp
340 345 350
Ser Trp Ser Asp Leu Ala Asp Glu Asn Ala Asn Leu Ser Ser Phe Ser
355 360 365
Gly Thr Gln Leu Ser Ile Ser Ile Pro Met Ala Ser Ser Asp Phe Ser
370 375 380
Ala Ala Ser Ser Arg Ser Thr Asn Gly Asp
385 390

<210> 33
<211> 1194
<212> ДНК
<213> Oryza sativa

<400> 33
atgatgatga tgagcgggtcg cccgagcggc ggccgcccgc gaggtcggta cccgttcacg 60
gcgtcgcagt ggcaggagct ggagcaccag gcgctcatct acaagtacat ggcgtccggg 120
actcccatcc cctccgacct catcctcccc ctccgccgca gcttcctcct cgactccgcc 180
ctcgccacct ccccttcctt cgccttcctt ccccaacctt cactgggggtg ggggttgcttt 240
ggcatgggggt ttggggcgaa ggcggaggac ccggagccag ggcatgcccg gcgtacggac 300
ggcaagaagt ggcggtgctc caaggaggcg taccgggact ccaagtactg cgagaagcac 360
atgcaccgtg gcaagaaccg ttcaagaaaag cctgtggaaa tgccttggc cacgccgccg 420
ccgccgtcct cctccgccac ctccgccgcg tcgaacacct ccgccggcgt cgcgccacc 480
accaccacca cctcctcccc ggcgccctcc tacagccgcc cggcgccgca cgacgcggcg 540
ccgtaccagg cgctctacgg cgggccctac gccgcggcca ccgcgcgcac cccgcgcgcc 600
gcggcggtacc acgcgcaggt gagcccgctt cacctccagc tcgacaccac ccacccgcac 660
ccgccgccgt cctactactc catggaccac aaggagtacg cgtacgggca cgccaccaag 720
gaggtgcacg ggcgagcacgc cttcttctcc gatggcaccg agagggagca ccaccacgcc 780
gccgccgggc acggccagtg gcagtccaag cagctcggca tggagcccaa gcagagcacc 840
acgcctctct tcccgggcgc cggctacggc cacaccgcgg cgtcgccgta cgccattgat 900
ctttcaaaag aggacgacga tgagaaagag aggcggcaac agcagcagca gcagcagcag 960
cagcactgct tcctcctggg cgcgcacctc cgtctggaga agccggcggg ccacgaccac 1020
gcggcgggcg cgagaaacc tctccgccac ttcttcgacg agtggccgca tgagaagaac 1080
agcaagggct cctggatggg gctcgaaggc gagacgcagc tgtccatgct catcccatg 1140
gccccaacg acctcccgat caccaccacc tcccgtacc acaatgatga ttaa 1194
<210> 34
<211> 397

<212> PRT

<213> Oryza sativa

<400> 34

```

Met Met Met Met Ser Gly Arg Pro Ser Gly Gly Ala Gly Gly Gly Arg
 1           5           10           15

Tyr Pro Phe Thr Ala Ser Gln Trp Gln Glu Leu Glu His Gln Ala Leu
 20           25           30

Ile Tyr Lys Tyr Met Ala Ser Gly Thr Pro Ile Pro Ser Asp Leu Ile
 35           40           45

Leu Pro Leu Arg Arg Ser Phe Leu Leu Asp Ser Ala Leu Ala Thr Ser
 50           55           60

Pro Ser Leu Ala Phe Pro Pro Gln Pro Ser Leu Gly Trp Gly Cys Phe
 65           70           75           80

Gly Met Gly Phe Gly Arg Lys Ala Glu Asp Pro Glu Pro Gly Arg Cys
 85           90           95

Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Ser Lys Glu Ala Tyr Pro
100           105           110

Asp Ser Lys Tyr Cys Glu Lys His Met His Arg Gly Lys Asn Arg Ser
115           120           125

Arg Lys Pro Val Glu Met Ser Leu Ala Thr Pro Pro Pro Pro Ser Ser
130           135           140

Ser Ala Thr Ser Ala Ala Ser Asn Thr Ser Ala Gly Val Ala Pro Thr
145           150           155           160

Thr Thr Thr Thr Ser Ser Pro Ala Pro Ser Tyr Ser Arg Pro Ala Pro
165           170           175

His Asp Ala Ala Pro Tyr Gln Ala Leu Tyr Gly Gly Pro Tyr Ala Ala
180           185           190

Ala Thr Ala Arg Thr Pro Ala Ala Ala Ala Tyr His Ala Gln Val Ser
195           200           205

Pro Phe His Leu Gln Leu Asp Thr Thr His Pro His Pro Pro Pro Ser
210           215           220

Tyr Tyr Ser Met Asp His Lys Glu Tyr Ala Tyr Gly His Ala Thr Lys
225           230           235           240

Glu Val His Gly Glu His Ala Phe Phe Ser Asp Gly Thr Glu Arg Glu
245           250           255

His His His Ala Ala Ala Gly His Gly Gln Trp Gln Phe Lys Gln Leu
260           265           270

Gly Met Glu Pro Lys Gln Ser Thr Thr Pro Leu Phe Pro Gly Ala Gly
275           280           285

Tyr Gly His Thr Ala Ala Ser Pro Tyr Ala Ile Asp Leu Ser Lys Glu
290           295           300

```

Asp Asp Asp Glu Lys Glu Arg Arg Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln
 305 310 315 320
 Gln His Cys Phe Leu Leu Gly Ala Asp Leu Arg Leu Glu Lys Pro Ala
 325 330 335
 Gly His Asp His Ala Ala Ala Ala Gln Lys Pro Leu Arg His Phe Phe
 340 345 350
 Asp Glu Trp Pro His Glu Lys Asn Ser Lys Gly Ser Trp Met Gly Leu
 355 360 365
 Glu Gly Glu Thr Gln Leu Ser Met Ser Ile Pro Met Ala Ala Asn Asp
 370 375 380
 Leu Pro Ile Thr Thr Thr Ser Arg Tyr His Asn Asp Asp
 385 390 395

<210> 35
 <211> 1371
 <212> ДНК
 <213> Oryza sativa

<400> 35
 atgcaggggtg caatggccag ggtgaggggt cccttcacgc cgtctcagtg gatcgagctg 60
 gagcaccagg cgctgatata caagtacttg gctgcgaata gccctgtacc acacagcctc 120
 ctcaccccca tcaggaggag cctcacatcg ccctactcac ctgcctactt tggctcaagc 180
 acattgggat ggggatcttt ccagctgggc tactccggca gcgcggatcc ggagcccggc 240
 cggtgccgcc ggacggacgg caagaaatgg cggtgctcga gggatgcggg cgcgcaccag 300
 aagtactgtg agcgacacat gaaccgggga cgccaccgtt caagaaagca tgtggaaggc 360
 cagcctggcc atgccgcgaa agcgaatgcc gcggcgggtg cagcagccgc tgctctgct 420
 acccagccta gtgctccggc cgccacacagt ggcggagctg ttgctggcct cgctatcaac 480
 catcagcacc agcaaatgaa gaactacgct gccaacactg ccaatccttg ctctctgcaa 540
 tatagcaggg atctggcaaa caagcataat gagagtgaac aagtgcaga ctcagacagt 600
 ctctcgatgc tgacttccat tagcacgaga aatacgggca gcctgtttcc gttctcaaaa 660
 caacataatc cttttgaagt gtccaactca aggccagatt ttggcctagt atcacctgat 720
 tcaactgatga gttctcctca tagctccttg gagaacgtca atttgctcac ttcgcagagt 780
 ctgaatgaac aacagagttc agtttccctt caacactttg tggactggcc aaggacacct 840
 gcacaaggag ctctcgcatg gcctgatgct gaagacatgc aagctcagag aagccagctc 900
 tcaatatctg ctccaatggc gtcttctgac ctgtcatcag cctcaacatc tcccatccat 960
 gagaagctga tgtgttcacc acttaaaactg agccgtgaat atagtcctat tggctctcgg 1020
 tttgcagcaa atagagatga ggttaaccag ggagaagcaa actggatgcc tatgttccgt 1080
 gattctttga tgggcggacc attgggagag gttttaacca agaataacaa catggaagca 1140
 aggaattgcc tatcggagtc tctgaatctt ttaaagtatg gctgggatcc aagctcaggg 1200

```

tttgattcat cccagttgg tgttctgcag aagaccacct ttggatcagt atccagtagc 1260
accggaagca gtcctagact ggagaatcat agtgtttatg atggcaacag taacctgcgg 1320
gatgatctcg gttcagttgt tgtaaatacat ccgagcatcc gcctggtgtg a 1371

```

```

<210> 36
<211> 456
<212> PRT
<213> Oryza sativa

```

```

<400> 36

```

```

Met Gln Gly Ala Met Ala Arg Val Arg Gly Pro Phe Thr Pro Ser Gln
1          5          10          15

Trp Ile Glu Leu Glu His Gln Ala Leu Ile Tyr Lys Tyr Leu Ala Ala
20        25        30

Asn Ser Pro Val Pro His Ser Leu Leu Ile Pro Ile Arg Arg Ser Leu
35        40        45

Thr Ser Pro Tyr Ser Pro Ala Tyr Phe Gly Ser Ser Thr Leu Gly Trp
50        55        60

Gly Ser Phe Gln Leu Gly Tyr Ser Gly Ser Ala Asp Pro Glu Pro Gly
65        70        75        80

Arg Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Ser Arg Asp Ala
85        90        95

Val Ala Asp Gln Lys Tyr Cys Glu Arg His Met Asn Arg Gly Arg His
100       105       110

Arg Ser Arg Lys His Val Glu Gly Gln Pro Gly His Ala Ala Lys Ala
115       120       125

Met Pro Ala Ala Val Ala Ala Ala Ala Ser Ala Thr Gln Pro Ser
130       135       140

Ala Pro Ala Ala His Ser Gly Gly Ala Val Ala Gly Leu Ala Ile Asn
145       150       155       160

His Gln His Gln Gln Met Lys Asn Tyr Ala Ala Asn Thr Ala Asn Pro
165       170       175

Cys Ser Leu Gln Tyr Ser Arg Asp Leu Ala Asn Lys His Asn Glu Ser
180       185       190

Glu Gln Val Gln Asp Ser Asp Ser Leu Ser Met Leu Thr Ser Ile Ser
195       200       205

Thr Arg Asn Thr Gly Ser Leu Phe Pro Phe Ser Lys Gln His Asn Pro
210       215       220

Phe Glu Val Ser Asn Ser Arg Pro Asp Phe Gly Leu Val Ser Pro Asp
225       230       235       240

Ser Leu Met Ser Ser Pro His Ser Ser Leu Glu Asn Val Asn Leu Leu
245       250       255

```


Thr Ser Gln Ser Leu Asn Glu Gln Gln Ser Ser Val Ser Leu Gln His
260 265 270

Phe Val Asp Trp Pro Arg Thr Pro Ala Gln Gly Ala Leu Ala Trp Pro
275 280 285

Asp Ala Glu Asp Met Gln Ala Gln Arg Ser Gln Leu Ser Ile Ser Ala
290 295 300

Pro Met Ala Ser Ser Asp Leu Ser Ser Ala Ser Thr Ser Pro Ile His
305 310 315 320

Glu Lys Leu Met Leu Ser Pro Leu Lys Leu Ser Arg Glu Tyr Ser Pro
325 330 335

Ile Gly Leu Gly Phe Ala Ala Asn Arg Asp Glu Val Asn Gln Gly Glu
340 345 350

Ala Asn Trp Met Pro Met Phe Arg Asp Ser Leu Met Gly Gly Pro Leu
355 360 365

Gly Glu Val Leu Thr Lys Asn Asn Asn Met Glu Ala Arg Asn Cys Leu
370 375 380

Ser Glu Ser Leu Asn Leu Leu Asn Asp Gly Trp Asp Ser Ser Ser Gly
385 390 395 400

Phe Asp Ser Ser Pro Val Gly Val Leu Gln Lys Thr Thr Phe Gly Ser
405 410 415

Val Ser Ser Ser Thr Gly Ser Ser Pro Arg Leu Glu Asn His Ser Val
420 425 430

Tyr Asp Gly Asn Ser Asn Leu Arg Asp Asp Leu Gly Ser Val Val Val
435 440 445

Asn His Pro Ser Ile Arg Leu Val
450 455

<210> 37
<211> 711
<212> ДНК
<213> Oryza sativa

<400> 37
atggtggccg agggaaaggca agtctacttg ccgccgccgc cgccgtccaa gcttcctcgt 60
ctctccggca ccgatccaac cgacggcgtg gtgacgatgg cagcgccgtc gccgctggtt 120
cttgggctgg gtctcgggtct gggcggcagc ggcagcgaca gcagtgggag cgacgcggaa 180
gcgtctgcgg ccaccgtgcg ggaggcgcg cgcgcgtcgg cgtgacgtt catgcagcgg 240
caggagctgg agcagcaggt gctcatctac cgctacttcg ccgccggcgc gcctgtgccg 300
gttcacctcg tgctgcccac atggaagagc atcgccgccg cctcctcgtt cggcccgcga 360
agctttccct cctgacggg cctggggagc ctgtgcttcg actacaggag cagcatggag 420
ccggagccgg ggcggtgccg gcgcacggac ggcaagaagt ggcggtgctc gcgcgacgtg 480
gtgccggggc acaagtattg cgacgggcac gtccaccgtg gccgcggcgc ttcaagaaag 540

cctatggaag cctctgcagc agtcgtctcc acatatctcc cggtcgggcc ggcaactccac 600
accgtcgcca ccctcgccac cagcgcgcca tcgctgtcgc acctcggttt ctctcgcgc 660
agcaaagtgc tcctcgccca caccaccacc ggcaccacgc gcgtacttg a 711

<210> 38
<211> 236
<212> PRT
<213> Oryza sativa

<400> 38

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

<210> 39
<211> 1164
<212> ДНК
<213> Oryza sativa

```

<400> 39
atggcgatgc cctttgcctc cctgtgcgag gcagccgacc accggccctc cttcatcttc 60

ccctttctgcc gctcctcccc tctctccgag gtcggggagg aggcgcagca gcacatgatg 120

ggcgcgaggt gggcggcggc ggtggccagg ccgcgcgcct tcacggcggc gcagtacgag 180

gagctggagc agcaggcgct catatacaag tacctcgtcg ccggcggtgcc cgtcccggcg 240

gatctcctcc tccccatccg ccgtggcctc gactcactcg cctcgcgctt ctaccaccac 300

cctgtccttg gatacggttc ctacttcggc aagaagctgg acccgagacc cggacggtgc 360

cggcgtagcg acggcaagaa gtggcggtgc tccaaggagg ccgcgcggga ctccaagtac 420

tgtgagcgac acatgcaccg ccggccgaac cgttcaagaa agcctgtgga agcgcagctc 480

gtcgccccc actcgcagcc ccccgccagc gcgcgggccc ccgcgcgtac ctccaccgcc 540

ttcagaacc actcgtgta ccggcgatt gctaattggc gcggcgccaa cggaggcggt 600

gggtggtggtg gcggtggcgg cagcgcgccct ggctcggtcg ccttggggtc taatactcag 660

ctgcacatgg acaatgctgc gtcttactcg actgttctg ctggtgccgg aaacaaagat 720

ttcaggtatt ctgcttatgg agtgagacca ttggcagatg agcacagccc actcatcact 780

ggagctatgg atacctctat tgacaattcg tgggtcctgc tgccttctca gacctccaca 840

ttttcagttt cgagctaccc tatgcttggg aatctgagtg agctggacca gaacaccatc 900

tgctcgctgc cgaagggtga gagggagcca ttgtcattct tcgggagcga ctatgtgacc 960

gtcgactccg ggaagcagga gaaccagacg ctgcgcacct ttttcgacga gtggccaaag 1020

gcaagggact cctggcctga tctagctgat gacaacagcc ttgccacctt ctctgccact 1080

cagctctcga tctccattcc aatggcaacc tctgacttct cgaccaccag ctcacgatca 1140

cacaacggta tatactcccg atga 1164

```

```

<210> 40
<211> 387
<212> PRT
<213> Oryza sativa

```

```

<400> 40

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

Ser Phe Ile Phe Pro Phe Cys Arg Ser Ser Pro Leu Ser Ala Val Gly
          20          25          30

Glu Glu Ala Gln Gln His Met Met Gly Ala Arg Trp Ala Ala Ala Val
          35          40          45

Ala Arg Pro Pro Pro Phe Thr Ala Ala Gln Tyr Glu Glu Leu Glu Gln
          50          55          60

Gln Ala Leu Ile Tyr Lys Tyr Leu Val Ala Gly Val Pro Val Pro Ala
65          70          75          80

```

Asp Leu Leu Leu Pro Ile Arg Arg Gly Leu Asp Ser Leu Ala Ser Arg
 85 90 95
 Phe Tyr His His Pro Val Leu Gly Tyr Gly Ser Tyr Phe Gly Lys Lys
 100 105 110
 Leu Asp Pro Glu Pro Gly Arg Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp
 115 120 125
 Arg Cys Ser Lys Glu Ala Ala Pro Asp Ser Lys Tyr Cys Glu Arg His
 130 135 140
 Met His Arg Gly Arg Asn Arg Ser Arg Lys Pro Val Glu Ala Gln Leu
 145 150 155 160
 Val Ala Pro His Ser Gln Pro Pro Ala Thr Ala Pro Ala Ala Val
 165 170 175
 Thr Ser Thr Ala Phe Gln Asn His Ser Leu Tyr Pro Ala Ile Ala Asn
 180 185 190
 Gly Gly Gly Ala Asn Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ser
 195 200 205
 Ala Pro Gly Ser Phe Ala Leu Gly Ser Asn Thr Gln Leu His Met Asp
 210 215 220
 Asn Ala Ala Ser Tyr Ser Thr Val Ala Ala Gly Ala Gly Asn Lys Asp
 225 230 235 240
 Phe Arg Tyr Ser Ala Tyr Gly Val Arg Pro Leu Ala Asp Glu His Ser
 245 250 255
 Pro Leu Ile Thr Gly Ala Met Asp Thr Ser Ile Asp Asn Ser Trp Cys
 260 265 270
 Leu Leu Pro Ser Gln Thr Ser Thr Phe Ser Val Ser Ser Tyr Pro Met
 275 280 285
 Leu Gly Asn Leu Ser Glu Leu Asp Gln Asn Thr Ile Cys Ser Leu Pro
 290 295 300
 Lys Val Glu Arg Glu Pro Leu Ser Phe Phe Gly Ser Asp Tyr Val Thr
 305 310 315 320
 Val Asp Ser Gly Lys Gln Glu Asn Gln Thr Leu Arg Pro Phe Phe Asp
 325 330 335
 Glu Trp Pro Lys Ala Arg Asp Ser Trp Pro Asp Leu Ala Asp Asp Asn
 340 345 350
 Ser Leu Ala Thr Phe Ser Ala Thr Gln Leu Ser Ile Ser Ile Pro Met
 355 360 365
 Ala Thr Ser Asp Phe Ser Thr Thr Ser Ser Arg Ser His Asn Gly Ile
 370 375 380
 Tyr Ser Arg
 385
 <210> 41
 <211> 1071
 <212> ДНК

<213> Oryza sativa

<400> 41

```

atgctgagct cgtcgccctc ggcggcggcg ccggggatag gagggtagca gccgcagcgc      60
ggggcggcgg tcttcacggc ggcgcagtgg gcggagctgg agcagcaggc gctcatttac      120
aagtacctcg tcgccgtgtg ccccgccccg ggcgatctcc tcctcccaat ccgccccac      180
tcctcgcgcg ccgccacctc ctctctcgcc aacccgcgcg ccgcgcctt ctaccaccac      240
caccaccacc cctctctgag ctattatgcc tactatggca agaagcttga ccctgagccg      300
tgggcgttgc gccgcaccga cggcaagaag tggcgggtgct ccaaggaggc gcaccccgac      360
tccaagtact gcgagcgcca catgcaccgt ggccgcaacc gttcaagaaa gcctgtggaa      420
tccaagaccg ctgccctgc gccccagtcg cagccccagc tgtccaatgt cagcaccgcg      480
actcagcaca ccgatgcgcc tctcccgta ctactgtgg gtgctaaaac ccacggtctg      540
tccttggtg gtgctggctc gtcgcagttc catgtcgacg caccatcgta cggcagcaag      600
tactctcttg gagctaaagc tgatgtgggt gaactgagct tcttctcagg agcatcagga      660
aacaccaggg gcttcaccat tgattctcca acagatagct catggcattc actgccttcc      720
agtgtacccc cataccgat gtcaaagcca agggactctg gcctcctacc aggtgectac      780
tcctactccc accttgaacc ttcacaggaa cttggccagg tcaccatcgc ctgctgtcc      840
caagagcagg agcgcgcgtc ttttggtggt ggagcggggg ggatgctagg aaatgtgaag      900
cacgagaacc agccgctgag gcctttcttc gatgagtggc ctgggaggcg agactcgtgg      960
tcggagatgg atgaggagag gtccaaccag acctccttct cgacaacca gctctcgatc     1020
tccatcccgga tgcccagatg tgggtcccct atcggtccgc gtctaccttg a             1071

```

<210> 42

<211> 356

<212> PRT

<213> Oryza sativa

<400> 42

```

Met Leu Ser Ser Ser Pro Ser Ala Ala Ala Pro Gly Ile Gly Gly Tyr
1          5          10          15

Gln Pro Gln Arg Gly Ala Ala Val Phe Thr Ala Ala Gln Trp Ala Glu
20        25        30

Leu Glu Gln Gln Ala Leu Ile Tyr Lys Tyr Leu Val Ala Gly Val Pro
35        40        45

Val Pro Gly Asp Leu Leu Leu Pro Ile Arg Pro His Ser Ser Ala Ala
50        55        60

Ala Thr Tyr Ser Phe Ala Asn Pro Ala Ala Ala Pro Phe Tyr His His
65        70        75        80

His His His Pro Ser Leu Ser Tyr Tyr Ala Tyr Tyr Gly Lys Lys Leu
85        90        95

```

Asp Pro Glu Pro Trp Arg Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg
 100 105 110
 Cys Ser Lys Glu Ala His Pro Asp Ser Lys Tyr Cys Glu Arg His Met
 115 120 125
 His Arg Gly Arg Asn Arg Ser Arg Lys Pro Val Glu Ser Lys Thr Ala
 130 135 140
 Ala Pro Ala Pro Gln Ser Gln Pro Gln Leu Ser Asn Val Thr Thr Ala
 145 150 155 160
 Thr His Asp Thr Asp Ala Pro Leu Pro Ser Leu Thr Val Gly Ala Lys
 165 170 175
 Thr His Gly Leu Ser Leu Gly Gly Ala Gly Ser Ser Gln Phe His Val
 180 185 190
 Asp Ala Pro Ser Tyr Gly Ser Lys Tyr Ser Leu Gly Ala Lys Ala Asp
 195 200 205
 Val Gly Glu Leu Ser Phe Phe Ser Gly Ala Ser Gly Asn Thr Arg Gly
 210 215 220
 Phe Thr Ile Asp Ser Pro Thr Asp Ser Ser Trp His Ser Leu Pro Ser
 225 230 235 240
 Ser Val Pro Pro Tyr Pro Met Ser Lys Pro Arg Asp Ser Gly Leu Leu
 245 250 255
 Pro Gly Ala Tyr Ser Tyr Ser His Leu Glu Pro Ser Gln Glu Leu Gly
 260 265 270
 Gln Val Thr Ile Ala Ser Leu Ser Gln Glu Gln Glu Arg Arg Ser Phe
 275 280 285
 Gly Gly Gly Ala Gly Gly Met Leu Gly Asn Val Lys His Glu Asn Gln
 290 295 300
 Pro Leu Arg Pro Phe Phe Asp Glu Trp Pro Gly Arg Arg Asp Ser Trp
 305 310 315 320
 Ser Glu Met Asp Glu Glu Arg Ser Asn Gln Thr Ser Phe Ser Thr Thr
 325 330 335
 Gln Leu Ser Ile Ser Ile Pro Met Pro Arg Cys Gly Ser Pro Ile Gly
 340 345 350
 Pro Arg Leu Pro
 355

<210> 43
 <211> 1230
 <212> ДНК
 <213> Oryza sativa

<400> 43
 atgctgagct cttgtggtgg ccatggccat ggaaatccaa gaagcttgca agaagaacac 60
 catggcagat gtggtgagca gcaaggtgga ggaggaggag gagggcaaga gcaagagcaa 120
 gatgggttct tggtgagaga ggcaagggca tccccacat ctccatcttc ttcatcattt 180

```

cttgatcca caagctcttc ttgttctgga ggaggaggag gagggcagat gttgagcttc 240
tcctccccca atggaacagc agggttgggc ttgagctcag gaggaagcat gcagggggtc 300
ttggcaaggg tcagggggcc gttcacccca acacagtgga tggagctgga gcaccaggca 360
ctgatctaca agcacattgc tgcaaatgtt tctgtccctt ccagcttgct cctccccatc 420
aggagaagcc tccatccatg gggatgggga tcattccctc ctggctgtgc tgatgtagaa 480
cccagaagat gccgccgcac agacggcaag aagtggcggg gctccagaga tgctgttggg 540
gatcagaagt attgtgagcg acacataaac cgtggtcgcc atcgttcaag aaagcatgtg 600
gaagccgaa aggcgacact caccattgca gaaccatcca cggttattgc tgctggtgta 660
tcattctcgc gccacactgt ggctcggcag aagcagggtga aaggctcagc tgctactgtc 720
tctgatcctt tctcgagaca atccaacagg aaatttcttg agaaacagaa cgttgtcgac 780
caattgtctc ccatggattc atttgatttc tcatccacac aatcttctcc aaactatgac 840
aatgtagcat tgtcaccact gaagtgcac catgatcatg atgaatctta catcgggcat 900
ggagcaggca gttcatcaga aaaaggcagt atgatgtacg aaagtcgggt aacagtctct 960
aaggaaacac ttgatgatgg acctttaggt gaagttttca aaagaagaa ttgccaatca 1020
gcttctacag aaatcttaac tgaaaaatgg actgagaacc ccaacttaca ttgccatct 1080
ggaatcctac aaatggctac taagttcaat tcaatttcca gcggcaacac agtaaatagt 1140
gggtggcaccg cagtggagaa tcttatcact gataatggat atcttactgc aagaatgatg 1200
aatcctcata ttgtcccaac acttctctaa 1230

```

```

<210> 44
<211> 409
<212> PRT
<213> Oryza sativa

```

```

<400> 44

```

```

Met Leu Ser Ser Cys Gly Gly His Gly His Gly Asn Pro Arg Ser Leu
1          5          10          15

Gln Glu Glu His His Gly Arg Cys Gly Glu Gln Gln Gly Gly Gly Gly
20          25          30

Gly Gly Gly Gln Glu Gln Glu Gln Asp Gly Phe Leu Val Arg Glu Ala
35          40          45

Arg Ala Ser Pro Pro Ser Pro Ser Ser Ser Ser Phe Leu Gly Ser Thr
50          55          60

Ser Ser Ser Cys Ser Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gln Met Leu Ser Phe
65          70          75          80

Ser Ser Pro Asn Gly Thr Ala Gly Leu Gly Leu Ser Ser Gly Gly Ser
85          90          95

```



```

Met Gln Gly Val Leu Ala Arg Val Arg Gly Pro Phe Thr Pro Thr Gln
      100                      105                      110

Trp Met Glu Leu Glu His Gln Ala Leu Ile Tyr Lys His Ile Ala Ala
      115                      120                      125

Asn Val Ser Val Pro Ser Ser Leu Leu Leu Pro Ile Arg Arg Ser Leu
      130                      135                      140

His Pro Trp Gly Trp Gly Ser Phe Pro Pro Gly Cys Ala Asp Val Glu
      145                      150                      155                      160

Pro Arg Arg Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Ser Arg
      165                      170                      175

Asp Ala Val Gly Asp Gln Lys Tyr Cys Glu Arg His Ile Asn Arg Gly
      180                      185                      190

Arg His Arg Ser Arg Lys His Val Glu Gly Arg Lys Ala Thr Leu Thr
      195                      200                      205

Ile Ala Glu Pro Ser Thr Val Ile Ala Ala Gly Val Ser Ser Arg Gly
      210                      215                      220

His Thr Val Ala Arg Gln Lys Gln Val Lys Gly Ser Ala Ala Thr Val
      225                      230                      235                      240

Ser Asp Pro Phe Ser Arg Gln Ser Asn Arg Lys Phe Leu Glu Lys Gln
      245                      250                      255

Asn Val Val Asp Gln Leu Ser Pro Met Asp Ser Phe Asp Phe Ser Ser
      260                      265                      270

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

Leu His His Asp His Asp Glu Ser Tyr Ile Gly His Gly Ala Gly Ser
      290                      295                      300

Ser Ser Glu Lys Gly Ser Met Met Tyr Glu Ser Arg Leu Thr Val Ser
      305                      310                      315                      320

Lys Glu Thr Leu Asp Asp Gly Pro Leu Gly Glu Val Phe Lys Arg Lys
      325                      330                      335

Asn Cys Gln Ser Ala Ser Thr Glu Ile Leu Thr Glu Lys Trp Thr Glu
      340                      345                      350

Asn Pro Asn Leu His Cys Pro Ser Gly Ile Leu Gln Met Ala Thr Lys
      355                      360                      365

Phe Asn Ser Ile Ser Ser Gly Asn Thr Val Asn Ser Gly Gly Thr Ala
      370                      375                      380

Val Glu Asn Leu Ile Thr Asp Asn Gly Tyr Leu Thr Ala Arg Met Met
      385                      390                      395                      400

Asn Pro His Ile Val Pro Thr Leu Leu
      405

```

```

<210> 45
<211> 1293
<212> ДНК

```

<213> Oryza sativa

<400> 45

```

atggcaatgg cgaccctac gaccaacggc agcttccttc ttggatcagg tggctatccc      60
ggtgcccaga ttctaagctt ctctcctca ggtcacagcg gcaatggggtt ggattgtgga      120
agctcagatg tggcaagaat gcaggggggtt ttagcaaggg ttaggggggcc attcacacca      180
acacaatgga tggagctgga gcaccaggct ctgatctaca agcacattgt ggcgaatgcg      240
ccggtagccg ccggcttgct cctccccatc aggagaagcc tccatccacc agtggtccca      300
cacttctcct ctgggtggcat tcttggtcc agctccttg gatgggggtc atttcagctg      360
ggctattctg ggagtgtgta ctccgagccc gggagatgcc gtcgaaccga tggcaagaaa      420
tggcggtgct cgagagacgc agttgtcgac caaaagtact gcgagcggca cataaacggg      480
ggtcgccacc gttcaagaaa gcatgtggaa ggccaatcta gccatgccgc aaaagcaacg      540
gttcccgcca tagcacaacc acccattggt gcatctaata gcaaattgtc aggcagccat      600
ggtgtgtcaa atgagctcac gaaaaccttg gctactaaca ggatgatgtt ggataaagca      660
aatcttattg aacgctccca ggactacact aatcagcaac acaacatcct acagaacaac      720
acaaaaggtg ataattggtc tgaagagatg tcctcacaag cagactatgc agtaatccct      780
gctggctctc tcatgaacac accgcaatcg gcgaatttaa atccaattcc ccagcaacaa      840
cgctgtaagc agtcactctt tggcaagggt atacagcatg atgacattca gctgtcgata      900
tccattcccg tggataactc cgacttacc actaactaca acaaggctca aatggaccat      960
gtagtaggcg gttcatcgaa tggcggaac aacacgcgag caagttggat accgggctcc     1020
tggaagcgt ccataggtg acctctgggt gagttcttca ccaacaccag cagcgcata     1080
gacgacaaag gcaaaagccg ccaccgcca tctttgaacc tcttagctga tggacatact     1140
acaagtccac agctgcaatc gccaccgga gtctgcaga tgactagctt cagttcagtg     1200
cccagcagca ctgttagtag tcctgcaggc agcctctgca atggcttgct cacttcaggc     1260
ctgggtgaatg ccagactgt ccaaactg tga                                     1293

```

<210> 46

<211> 430

<212> PRT

<213> Oryza sativa

<400> 46

```

Met Ala Met Ala Thr Pro Thr Thr Asn Gly Ser Phe Leu Leu Gly Ser
1          5          10          15

Gly Gly Tyr Pro Gly Ala Gln Ile Leu Ser Phe Ser Ser Ser Gly His
          20          25          30

Ser Gly Asn Gly Leu Asp Cys Gly Ser Ser Asp Val Ala Arg Met Gln
          35          40          45

```

Gly 50	Val	Leu	Ala	Arg	Val	Arg	Gly	Pro	Phe	Thr	Pro	Thr	Gln	Trp	Met
Glu 65	Leu	Glu	His	Gln	Ala 70	Leu	Ile	Tyr	Lys	His 75	Ile	Val	Ala	Asn	Ala 80
Pro	Val	Pro	Ala	Gly 85	Leu	Leu	Leu	Pro	Ile 90	Arg	Arg	Ser	Leu	His 95	Pro
Pro	Val	Phe	Pro 100	His	Phe	Ser	Ser	Gly 105	Gly	Ile	Leu	Gly	Ser 110	Ser	Ser
Leu	Gly	Trp 115	Gly	Ser	Phe	Gln	Leu 120	Gly	Tyr	Ser	Gly	Ser 125	Ala	Asp	Ser
Glu 130	Pro	Gly	Arg	Cys	Arg	Arg 135	Thr	Asp	Gly	Lys	Lys 140	Trp	Arg	Cys	Ser
Arg 145	Asp	Ala	Val	Val	Asp 150	Gln	Lys	Tyr	Cys	Glu 155	Arg	His	Ile	Asn	Arg 160
Gly	Arg	His	Arg 165	Ser	Arg	Lys	His	Val	Glu 170	Gly	Gln	Ser	Ser	His 175	Ala
Ala	Lys	Ala 180	Thr	Val	Pro	Ala	Ile	Ala 185	Gln	Pro	Pro	Ile	Gly 190	Ala	Ser
Asn	Gly	Lys 195	Leu	Ser	Gly	Ser	His 200	Gly	Val	Ser	Asn 205	Glu	Leu	Thr	Lys
Thr 210	Leu	Ala	Thr	Asn	Arg	Met 215	Met	Leu	Asp	Lys	Ala 220	Asn	Leu	Ile	Glu
Arg 225	Ser	Gln	Asp	Tyr	Thr 230	Asn	Gln	Gln	His	Asn 235	Ile	Leu	Gln	Asn	Asn 240
Thr	Lys	Gly	Asp 245	Asn	Trp	Ser	Glu	Glu	Met 250	Ser	Ser	Gln	Ala	Asp 255	Tyr
Ala	Val	Ile 260	Pro	Ala	Gly	Ser	Leu	Met 265	Asn	Thr	Pro	Gln	Ser	Ala	Asn 270
Leu	Asn	Pro 275	Ile	Pro	Gln	Gln	Gln	Arg 280	Cys	Lys	Gln 285	Ser	Leu	Phe	Gly
Lys 290	Gly	Ile	Gln	His	Asp 295	Asp	Ile	Gln	Leu	Ser	Ile 300	Ser	Ile	Pro	Val
Asp 305	Asn	Ser	Asp	Leu	Pro 310	Thr	Asn	Tyr	Asn 315	Lys	Ala	Gln	Met	Asp 320	His
Val	Val	Gly	Gly 325	Ser	Ser	Asn	Gly	Gly	Asn 330	Asn	Thr	Arg	Ala	Ser 335	Trp
Ile	Pro	Gly	Ser 340	Trp	Glu	Ala	Ser	Ile 345	Gly	Gly	Pro	Leu	Gly 350	Glu	Phe
Phe	Thr 355	Asn	Thr	Ser	Ser	Ala	Ser 360	Asp	Asp	Lys	Gly 365	Lys	Ser	Arg	His
Pro	Pro 370	Ser	Leu	Asn	Leu	Leu 375	Ala	Asp	Gly	His 380	Thr	Thr	Ser	Pro	Gln

Leu Gln Ser Pro Thr Gly Val Leu Gln Met Thr Ser Phe Ser Ser Val
385 390 395 400

Pro Ser Ser Thr Val Ser Ser Pro Ala Gly Ser Leu Cys Asn Gly Leu
405 410 415

Leu Thr Ser Gly Leu Val Asn Ala Gln Thr Val Gln Thr Leu
420 425 430

<210> 47
<211> 1281
<212> ДНК
<213> Oryza sativa

<400> 47
atgtttgctg acttctctgc tgctgccatg gagcttgag aggtgttggg cttgcaagga 60
ctcacagtgc catccaccaa ggagggtgat ctgagcctca tcaagagagc tgctgctggt 120
agcttcaccc aggtgctgctgc tgcatacatc ccttccccct ttcttgatga acagaagatg 180
ctcagattcg ccaaggctgc tcacacattg ccatcaggtt tggattttgg gagggaaaat 240
gagcagaggt tcttggtgctc taggaccaag aggcctttca ctccctcaca gtggatggag 300
ctggagcacc aggtctctcat ttacaagtat ctcaatgcaa aggccctat accttcagc 360
ctgctcattt caatcagcaa aagcttcaga tcatcagcta acagaatgag ctggaggcct 420
ctctatcaag gcttcccaaa tgcagactct gaccagaac ctggaagatg ccgtcgaaca 480
gatggcaaga aatggcggtg ttcaaaggag gccatggccg accacaagta ttgtgagagg 540
cacatcaaca gaaaccgcca cgttcaaga aagcctgttg aaaaccaaag tagaaagact 600
gtgaaagaga caccgtgtgc tggtcattg ccatcttctg tcgggcaggg cagcttcaag 660
aaggcaaaag ttaatgaaat gaagccacgc agtatcagct attggacaga tagtttgaac 720
aggacaatgg cgaacaaaga gaaaggaaac aaagctgctg aagaaaaca tggccactg 780
ctaaatttaa cgaatcaaca gccaacattg tccctgttct ctcagttgaa gcaacagaac 840
aaaccggaga agttcaatac agcaggagac agtgaatcga tttcttcaaa taccatgttg 900
aagccttggg agagcagcaa ccagcagaac aacaaaagca ttcctttcac caagatgcat 960
gatcgtggat gccttcagtc agtccttcag aatttcagct tgcctaagga cgagaaaatg 1020
gagtttcaga aaagcaaaga ttccaatgct atgacagttc catcaacttt ctattcctcg 1080
ccagaggacc cacgcgtcag ctgccatgca cctaataatg cacaatgca agaggatagc 1140
atctcaagtt cttgggagat gcctcaaggt ggacctctag gtgagatctt gacaaaactcc 1200
aaaaatcctg acgattcaat catgaaacca gaagcaaggc catatgggtg gttactgaac 1260
ctcgaggatc atgcaatgtg a 1281

<210> 48
<211> 426
<212> PRT
<213> Oryza sativa

<400> 48

```

Met Phe Ala Asp Phe Ser Ala Ala Ala Met Glu Leu Gly Glu Val Leu
1      5      10      15
Gly Leu Gln Gly Leu Thr Val Pro Ser Thr Lys Glu Gly Asp Leu Ser
20      25      30
Leu Ile Lys Arg Ala Ala Ala Gly Ser Phe Thr Gln Ala Ala Ala Ala
35      40      45
Ser Tyr Pro Ser Pro Phe Leu Asp Glu Gln Lys Met Leu Arg Phe Ala
50      55      60
Lys Ala Ala His Thr Leu Pro Ser Gly Leu Asp Phe Gly Arg Glu Asn
65      70      75      80
Glu Gln Arg Phe Leu Leu Ser Arg Thr Lys Arg Pro Phe Thr Pro Ser
85      90      95
Gln Trp Met Glu Leu Glu His Gln Ala Leu Ile Tyr Lys Tyr Leu Asn
100     105     110
Ala Lys Ala Pro Ile Pro Ser Ser Leu Leu Ile Ser Ile Ser Lys Ser
115     120     125
Phe Arg Ser Ser Ala Asn Arg Met Ser Trp Arg Pro Leu Tyr Gln Gly
130     135     140
Phe Pro Asn Ala Asp Ser Asp Pro Glu Pro Gly Arg Cys Arg Arg Thr
145     150     155     160
Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Ser Lys Glu Ala Met Ala Asp His Lys
165     170     175
Tyr Cys Glu Arg His Ile Asn Arg Asn Arg His Arg Ser Arg Lys Pro
180     185     190
Val Glu Asn Gln Ser Arg Lys Thr Val Lys Glu Thr Pro Cys Ala Gly
195     200     205
Ser Leu Pro Ser Ser Val Gly Gln Gly Ser Phe Lys Lys Ala Lys Val
210     215     220
Asn Glu Met Lys Pro Arg Ser Ile Ser Tyr Trp Thr Asp Ser Leu Asn
225     230     235     240
Arg Thr Met Ala Asn Lys Glu Lys Gly Asn Lys Ala Ala Glu Glu Asn
245     250     255
Asn Gly Pro Leu Leu Asn Leu Thr Asn Gln Gln Pro Thr Leu Ser Leu
260     265     270
Phe Ser Gln Leu Lys Gln Gln Asn Lys Pro Glu Lys Phe Asn Thr Ala
275     280     285
Gly Asp Ser Glu Ser Ile Ser Ser Asn Thr Met Leu Lys Pro Trp Glu
290     295     300
Ser Ser Asn Gln Gln Asn Asn Lys Ser Ile Pro Phe Thr Lys Met His
305     310     315     320

```

Asp Arg Gly Cys Leu Gln Ser Val Leu Gln Asn Phe Ser Leu Pro Lys
 325 330 335
 Asp Glu Lys Met Glu Phe Gln Lys Ser Lys Asp Ser Asn Val Met Thr
 340 345 350
 Val Pro Ser Thr Phe Tyr Ser Ser Pro Glu Asp Pro Arg Val Ser Cys
 355 360 365
 His Ala Pro Asn Met Ala Gln Met Gln Glu Asp Ser Ile Ser Ser Ser
 370 375 380
 Trp Glu Met Pro Gln Gly Gly Pro Leu Gly Glu Ile Leu Thr Asn Ser
 385 390 395 400
 Lys Asn Pro Asp Asp Ser Ile Met Lys Pro Glu Ala Arg Pro Tyr Gly
 405 410 415
 Trp Leu Leu Asn Leu Glu Asp His Ala Met
 420 425

<210> 49
 <211> 894
 <212> ДНК
 <213> Oryza sativa

<400> 49
 gacaactcac tgccccccat cttctttctt cattcctctt cccaccaaga accccaaacc 60
 ttacctccat tgagttcgaa accgaggagc gaggagttac aagccgagtt gtcagaatgg 120
 atgaggagaa ggaagccgac tcgccgcagc caccgtccaa gctgcctcgc ctctccggcg 180
 ctgacccgaa tgccggagtg gtgaccatgg cagcaccccc gccgcgggtg ggtcttgggc 240
 tggggcttgg actcggcggc gacagccgcg gcgagcgtga cgtggaagcg tcggcggcgg 300
 cggcgacaaa ggcgacggcg ctgacgttca tgcagcagca ggagctggag caccaggtgc 360
 tcacttaccg ctacttcgcc gcgggcgcgc ccgtgccggt gcacctcgtg ctccccatct 420
 ggaagagcgt cgcgtcctcc tccttcggcc cgcaccgctt cccttcctg gcagtgatgg 480
 ggttggggaa cctgtgcttc gactaccgga gcagcatgga gccggaccca gggcgggtgca 540
 ggcgcacgga cggcaagaag tggcgggtgt cgcgcgacgt ggtgccgggg cacaagtact 600
 gcgagcggca cgtccaccgc ggacgcggcc gttcaagaaa gcctgtggaa gcctccgcgg 660
 ccgccacccc ggcaacaac ggcggcggcg gtggcatcgt cttctcccc accagcgtcc 720
 tcctcgcccc cggcaccgcg cgcgccacct gaccagtac cagaccggcg cccgtttgtt 780
 tgtttgtctc ggcgcatggg aaaacccaaa tccgcaggga ttatgtcatg tcctgtaact 840
 ctttttttcc tcgcaacttt tgaagccaaa acaattctca ccgtgttcga tggc 894

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

<400> 50

Met Asp Glu Glu Lys Glu Ala Asp Ser Pro Gln Pro Pro Ser Lys Leu
 1 5 10 15
 Pro Arg Leu Ser Gly Ala Asp Pro Asn Ala Gly Val Val Thr Met Ala
 20 25 30
 Ala Pro Pro Pro Pro Val Gly Leu Gly Leu Gly Leu Gly Leu Gly Gly
 35 40 45
 Asp Ser Arg Gly Glu Arg Asp Val Glu Ala Ser Ala Ala Ala Ala His
 50 55 60
 Lys Ala Thr Ala Leu Thr Phe Met Gln Gln Gln Glu Leu Glu His Gln
 65 70 75 80
 Val Leu Ile Tyr Arg Tyr Phe Ala Ala Gly Ala Pro Val Pro Val His
 85 90 95
 Leu Val Leu Pro Ile Trp Lys Ser Val Ala Ser Ser Ser Phe Gly Pro
 100 105 110
 His Arg Phe Pro Ser Leu Ala Val Met Gly Leu Gly Asn Leu Cys Phe
 115 120 125
 Asp Tyr Arg Ser Ser Met Glu Pro Asp Pro Gly Arg Cys Arg Arg Thr
 130 135 140
 Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Ser Arg Asp Val Val Pro Gly His Lys
 145 150 155 160
 Tyr Cys Glu Arg His Val His Arg Gly Arg Gly Arg Ser Arg Lys Pro
 165 170 175
 Val Glu Ala Ser Ala Ala Ala Thr Pro Ala Asn Asn Gly Gly Gly Gly
 180 185 190
 Gly Ile Val Phe Ser Pro Thr Ser Val Leu Leu Ala His Gly Thr Ala
 195 200 205
 Arg Ala Thr
 210
 <210> 51
 <211> 1149
 <212> ДНК
 <213> *Oryza sativa*
 <400> 51
 atgccctttg cctccctgtc gccggcagcc gaccaccggc cctccttcat cttccccttc 60
 tgccgctcct ccctctctc cgcggtcggg gaggaggcgc agcagcacat gatggggcgc 120
 aggtggggcg cgcggtggc caggccgcgc cccttcacgc cgcgcgagta cgaggagctg 180
 gagcagcagg cgctcatata caagtacctc gtcgcccggc tgcccgtccc ggcggatctc 240
 ctctcccca tccgccgtgg cctcgactca ctgcctcgc gcttctacca ccacctgtc 300
 cttgatacg gttctactt cggaagaag ctggaccgcg agcccggaag gtgccggcgt 360
 acggacggca agaagtggcg gtgtccaag gaggccgcgc cggaactcaa gtactgtgag 420

```

cgacacatgc accgcggccg caaccgttca agaaagcctg tggaagcgca gctcgtcgcc 480
ccccactcgc agccccccgc caccggcgccg gccgcgcgcg tcacctccac cgccttccag 540
aaccactcgc tgtaccggcg gattgctaata ggcggcggcg ccaacggagg cggtggtggt 600
ggtggcggtg gcggcagcgc gcctggctcg ttgccttggt ggtctaatac tcagctgcac 660
atggacaatg ctgcgtctta ctgcactgtt gctgctggtg ccggaaacaa agatttcagg 720
tattctgctt atggagttag accattggca gatgagcaca gccactcat cactggagct 780
atggatacct ctattgacaa ttctgtgtgc ttgctgcctt ctacagacct cacttttca 840
gtttcgagct accctatgct tggaatctg agtgagctgg accagaacac catctgctcg 900
ctgccgaagg ttgagaggga gccattgtca ttcttcggga gcgactatgt gaccgtcgac 960
tccgggaagc aggagaacca gacgtgcgc ccctttttcg acgagtggcc aaaggcaagg 1020
gactcctggc ctgatctagc tgatgacaac agccttgcca cttctctgc cactcagctc 1080
tcgatctcca ttccaatggc aacctctgac ttctcgacca ccagctcacg atcacacaac 1140
gatgagtga 1149

```

```

<210> 52
<211> 382
<212> PRT
<213> Oryza sativa

```

```

<400> 52

```

```

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

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

Ala Gln Gln His Met Met Gly Ala Arg Trp Ala Ala Ala Val Ala Arg
35          40          45

Pro Pro Pro Phe Thr Ala Ala Gln Tyr Glu Glu Leu Glu Gln Gln Ala
50          55          60

Leu Ile Tyr Lys Tyr Leu Val Ala Gly Val Pro Val Pro Ala Asp Leu
65          70          75          80

Leu Leu Pro Ile Arg Arg Gly Leu Asp Ser Leu Ala Ser Arg Phe Tyr
85          90          95

His His Pro Val Leu Gly Tyr Gly Ser Tyr Phe Gly Lys Lys Leu Asp
100         105         110

Pro Glu Pro Gly Arg Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys
115         120         125

Ser Lys Glu Ala Ala Pro Asp Ser Lys Tyr Cys Glu Arg His Met His
130         135         140

Arg Gly Arg Asn Arg Ser Arg Lys Pro Val Glu Ala Gln Leu Val Ala
145         150         155         160

```


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

<210> 53
 <211> 1416
 <212> ДНК
 <213> *Oryza sativa*

<400> 53
 gagagctccg taccaccggc ctctttccct tcccttcccc tccgatccaa tcccccttc 60
 tctctctcgc gccgctcgct gagcatggcg gcggaggggg aggccaagaa ggacagcgcc 120
 agcaaccctc ccgggggagg aggcggcgga ggtggagggg aggaggagga ggatagcagc 180
 ctggctgtcg gggaggcggc ggtcgggggtg ggcgaggctg gtggaggagg aggaggagg 240
 gagaaggcgg atcgagagga ggaggagggg aaggaggatg tggaggaggg cggcgtgtgt 300
 aaggatctgg tgctcgtcga ggacgccgtc cccgtcgagg atccggagga agccgcagca 360
 actgcagcac ttcaggaaga aatgaaagcg ctcgttgaat ccgtcccagt tgggtgctggg 420
 gcggcattca ccgcgatgca actacaggag cttgagcagc aatctcgtgt ctaccagtat 480

```

atggctgccc gtgtgctgt gcctactcat ctctcttcc caatatggaa gagtgttact 540
ggtgcatctt ctgaaggcgc ccagaagtac ccgacattga tggggttggc aacactctgc 600
ttggactttg gaaagaaccc agaaccagaa cctgggaggt gccggcgaac tgatggaaag 660
aagtggcggg gctggagaaa tgcaattgca aatgagaaat attgcgaacg ccatatgcac 720
cgtggccgca agcgtcctgt acagcttgtt gtcgaggatg acgagcctga ttctacctca 780
gggtcgaaac cagcatctgg caaggccacc gaagggtggc agaagactga tgacaagagc 840
tcaagtagca agaagcttgc agtggcagca ccagctgctg tggagtctac atgattgatg 900
cagcatttag gagctgcata aagagcataa ctgtgctggc aattagagtt cgcttcttat 960
tgtaatcctg aaaagactgt agtctggtct agctataacc tcatcaagca agaaaagtgt 1020
ctgtggaaaag aagccacaaa aactttcatt tagctgtcac tgaaattttc agtttaggtg 1080
tatagtttga tttagctttg ccgtgccctc tgccttcagg cagatgagcg gcattattgg 1140
ataaatcctc tctgactgac aatatcgcat tgtgactcaa gaagccgatg gaaggatctg 1200
cgagactaga tacgaagcta tttgttgtgt atcattttat atggcctgca caattgtgtg 1260
atthttgtcag ttgcataaca tgtggaagat ccataatttt atgcactatg gagattcaat 1320
taccttcctg aatgtctgag cttcgacatg ttattgggta ttgtaactta aaagcaacct 1380
gagattcaat gtgaaagggt tttagattcc agcttc 1416

```

```

<210> 54
<211> 269
<212> PRT
<213> Oryza sativa

```

```

<400> 54

```

```

Met Ala Ala Glu Gly Glu Ala Lys Lys Asp Ser Ala Ser Asn Pro Pro
1          5          10          15

Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Glu Glu Glu Glu Asp Ser Ser
20          25          30

Leu Ala Val Gly Glu Ala Ala Val Gly Val Gly Glu Ala Gly Gly Gly
35          40          45

Gly Gly Gly Gly Glu Lys Ala Asp Arg Glu Glu Glu Glu Gly Lys Glu
50          55          60

Asp Val Glu Glu Gly Gly Val Cys Lys Asp Leu Val Leu Val Glu Asp
65          70          75          80

Ala Val Pro Val Glu Asp Pro Glu Glu Ala Ala Ala Thr Ala Ala Leu
85          90          95

Gln Glu Glu Met Lys Ala Leu Val Glu Ser Val Pro Val Gly Ala Gly
100         105         110

Ala Ala Phe Thr Ala Met Gln Leu Gln Glu Leu Glu Gln Gln Ser Arg
115         120         125

```

Val Tyr Gln Tyr Met Ala Ala Arg Val Pro Val Pro Thr His Leu Val
130 135 140

Phe Pro Ile Trp Lys Ser Val Thr Gly Ala Ser Ser Glu Gly Ala Gln
145 150 155 160

Lys Tyr Pro Thr Leu Met Gly Leu Ala Thr Leu Cys Leu Asp Phe Gly
165 170 175

Lys Asn Pro Glu Pro Glu Pro Gly Arg Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys
180 185 190

Lys Trp Arg Cys Trp Arg Asn Ala Ile Ala Asn Glu Lys Tyr Cys Glu
195 200 205

Arg His Met His Arg Gly Arg Lys Arg Pro Val Gln Leu Val Val Glu
210 215 220

Asp Asp Glu Pro Asp Ser Thr Ser Gly Ser Lys Pro Ala Ser Gly Lys
225 230 235 240

Ala Thr Glu Gly Gly Lys Lys Thr Asp Asp Lys Ser Ser Ser Ser Lys
245 250 255

Lys Leu Ala Val Ala Ala Pro Ala Ala Val Glu Ser Thr
260 265

<210> 55
<211> 1854
<212> ДНК
<213> Populus tremuloides

<400> 55
tagtgaagct ccttctcatg tctcacctcc tgagaccaaa ccaaagattc ttggatctgt 60
gttaagtaag cgagaaagat cagcttcgtc tgctcaagat gattactgga ggacttcaaa 120
gatgccaaaa aatgatgatt tttctgtcac caaaacaatg tcgttgacc aaccacttc 180
tttactgaga tctaattaca tgctttctga tgattctcgc caacaagagc acatgatgag 240
cttctcttct ccaagaccag aaacgactcc atttctaagc aaagatgggtg agttagtgga 300
gagaagcaca caaaaccaca ctgccttaag ctttcgttac catcagaaca cagcttcttc 360
ttatattaga agtgcaggtt atgacaccgg aggcttgaat gcaggcatgc acgggcctct 420
tactgggggtt agaggacatc ttactccatc tcagtggatg gagcttgaac atcaggcctt 480
gatctacaaa tacatcactg ctctgtgtgc tgtgccttct aatttgatca ttctctcaa 540
gaagtctgtc tacccttata gcttacctgg ctctctact ggatccttcc ctcacaattc 600
attgggatgg agcgtttcc atcttggtta ccctggcaac aacactgac cggagcctgg 660
aaggtgtcgt cggactgatg ggaagaaatg gcggtgctca agggatgctg tagctgacca 720
aaagtattgt gaaaggcaca taaacagagg ccgccatcgt tcaagaaaagc ctgtggaagg 780
ccagactggc catgctgcca ctgggactgc cagttcaaag gtggtgcca tgctgaactc 840
gatgtcaaaa ttggcaataa ccagtgggtg tgcctccaac agcattgcga tgaccacgca 900

```

acaacagttc aaaatTTTgc agccggctgc tgccaacact tctgcagatg ttgatgtcaa 960
cagagcacaa gatgcacaga gcatttctat gatgtcttcc accatcaacc ggaaatctga 1020
tgagtcctct ttctttgttc ctaaacaaga tatcttaatg gagcagtgtc ctcaaacaga 1080
gtttggattt gtctcctctg actctctcct caacccatcg cagaagagct cttacattaa 1140
ctctaagccc tacgagtctt ttctaaactt taatgacgaa gaaagccaag atcagcatcc 1200
ccttcgtcaa ttcattgatg agtggccgaa ggatcaatct aattgttctg tcattagctg 1260
gccagaagag ttgaaatctg actggaccca gctctccatg tcaatcccaa tggcctcatc 1320
agactttctc tcatcatcat cctcaccac acaagagaaa cttgcctct caccaatgag 1380
tttatcttgc gagtttgacc ctgtacaaat gggtttaagg gtgagcgttg accataatga 1440
atcaagccaa aagcaaacca actggatacc tatctcctgg gggacttcaa ttggtggccc 1500
tttaggagag gtcttgacca ccagcactag ccatgcggat tcctgcaaga gctcatcagc 1560
ccttagcctt ttgagagaag gttgtgatgg cagcccacag ttgggatctt ctccgacggg 1620
agtcttgcatg aaatcaactt tctgttcctt ttccaatagc agttctggga gcagcccaag 1680
agctgagagc aagaaaaaca atgacactgc tagtctgtat gaggatgtgg gtggttcgat 1740
aattgcaagt tcatcaccta ttccaccct gtaatcaagc gaactgtaag gatgaaacct 1800
gtcaaggaaa tgtgaagaag cttggagttt ctatttatct gataaattcc tgta 1854

```

```

<210> 56
<211> 607
<212> PRT
<213> Populus tremuloides

```

```

<400> 56

```

```

Met Asp Phe Gly Val Leu Gly Leu Glu Gly Leu Val Gly Pro Glu Thr
1          5          10          15

Ser Ser Glu Ala Pro Ser His Val Ser Pro Pro Glu Thr Lys Pro Lys
20          25          30

Ile Leu Gly Ser Val Leu Ser Lys Arg Glu Arg Ser Ala Ser Ser Ala
35          40          45

Gln Asp Asp Tyr Trp Arg Thr Ser Lys Met Pro Lys Asn Asp Asp Phe
50          55          60

Ser Val Thr Lys Thr Met Ser Leu His Gln Pro Thr Ser Leu Leu Arg
65          70          75          80

Ser Asn Tyr Met Leu Ser Asp Asp Ser Arg Gln Gln Glu His Met Met
85          90          95

Ser Phe Ser Ser Pro Arg Pro Glu Thr Thr Pro Phe Leu Ser Lys Asp
100         105         110

Gly Glu Leu Val Glu Arg Ser Thr Gln Asn His Thr Ala Leu Ser Phe
115         120         125

```

```

Arg Tyr His Gln Asn Thr Ala Ser Ser Tyr Ile Arg Ser Ala Gly Tyr
 130                      135                      140

Asp Thr Gly Gly Leu Asn Ala Gly Met His Gly Pro Leu Thr Gly Val
 145                      150                      155                      160

Arg Gly Pro Phe Thr Pro Ser Gln Trp Met Glu Leu Glu His Gln Ala
                      165                      170                      175

Leu Ile Tyr Lys Tyr Ile Thr Ala Arg Val Pro Val Pro Ser Asn Leu
                      180                      185                      190

Ile Ile Pro Leu Lys Lys Ser Val Tyr Pro Tyr Ser Leu Pro Gly Ser
 195                      200                      205

Ser Thr Gly Ser Phe Pro His Asn Ser Leu Gly Trp Ser Ala Phe His
 210                      215                      220

Leu Gly Tyr Pro Gly Asn Asn Thr Asp Pro Glu Pro Gly Arg Cys Arg
 225                      230                      235                      240

Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Ser Arg Asp Ala Val Ala Asp
                      245                      250                      255

Gln Lys Tyr Cys Glu Arg His Ile Asn Arg Gly Arg His Arg Ser Arg
                      260                      265                      270

Lys Pro Val Glu Gly Gln Thr Gly His Ala Ala Thr Gly Thr Ala Ser
 275                      280                      285

Ser Lys Val Val Pro Met Ser Asn Ser Met Ser Lys Leu Ala Ile Thr
 290                      295                      300

Ser Gly Gly Ala Ser Asn Ser Ile Ala Met Thr Thr Gln Gln Gln Phe
 305                      310                      315                      320

Lys Ile Leu Gln Pro Ala Ala Ala Asn Thr Ser Ala Asp Val Asp Val
                      325                      330                      335

Asn Arg Ala Gln Asp Ala Gln Ser Ile Ser Met Met Ser Ser Thr Ile
                      340                      345                      350

Asn Arg Lys Ser Asp Glu Ser Ser Phe Phe Val Pro Lys Gln Asp Ile
 355                      360                      365

Leu Met Glu Gln Cys Ser Gln Thr Glu Phe Gly Phe Val Ser Ser Asp
 370                      375                      380

Ser Leu Leu Asn Pro Ser Gln Lys Ser Ser Tyr Ile Asn Ser Lys Pro
 385                      390                      395                      400

Tyr Glu Ser Phe Leu Asn Phe Asn Asp Glu Glu Ser Gln Asp Gln His
                      405                      410                      415

Pro Leu Arg Gln Phe Ile Asp Glu Trp Pro Lys Asp Gln Ser Asn Cys
                      420                      425                      430

Ser Val Ile Ser Trp Pro Glu Glu Leu Lys Ser Asp Trp Thr Gln Leu
 435                      440                      445

Ser Met Ser Ile Pro Met Ala Ser Ser Asp Phe Ser Ser Ser Ser Ser
 450                      455                      460

```

Ser Pro Thr Gln Glu Lys Leu Ala Leu Ser Pro Met Ser Leu Ser Cys
 465 470 475 480

Glu Phe Asp Pro Val Gln Met Gly Leu Arg Val Ser Val Asp His Asn
 485 490 495

Glu Ser Ser Gln Lys Gln Thr Asn Trp Ile Pro Ile Ser Trp Gly Thr
 500 505 510

Ser Ile Gly Gly Pro Leu Gly Glu Val Leu Thr Thr Ser Thr Ser His
 515 520 525

Ala Asp Ser Cys Lys Ser Ser Ser Ala Leu Ser Leu Leu Arg Glu Gly
 530 535 540

Cys Asp Gly Ser Pro Gln Leu Gly Ser Ser Pro Thr Gly Val Leu Gln
 545 550 555 560

Lys Ser Thr Phe Cys Ser Leu Ser Asn Ser Ser Ser Gly Ser Ser Pro
 565 570 575

Arg Ala Glu Ser Lys Lys Asn Asn Asp Thr Ala Ser Leu Tyr Glu Asp
 580 585 590

Val Gly Gly Ser Ile Ile Ala Ser Ser Ser Pro Ile Pro Pro Leu
 595 600 605

<210> 57
 <211> 1848
 <212> ДНК
 <213> Populus tremuloides

<400> 57
 aagtaaatagt ggtttcgctt ctcttgctag ttcagatcct gaagcaaagc agaagtacgg 60
 atctgggttc ctgaagcaag agagatctgc cgcagccgat gacgattgga ggaactctaa 120
 attggccaaa accgagtcaa tgctgcttga ccagagaaac acttttcttc tgaaatctag 180
 caacaactct ctcttactg atggacagca gcagcagcag atgctcagct tctcctgtcc 240
 caaatcagct tcttcagggg agagaagctc cccaaatgcc atgttgccat actttcacct 300
 cacatcttct gcttgtaata gaaatacagg ctacaactct ggaatcttca atgctgccag 360
 catgcatggg gttttgactg agactagatg gccattcact caattacaat ggatggagct 420
 tgaacatcag gccttgatct acaatacat gactgcaaat gtgcctatac catctaactt 480
 gctcatcccc attaggaaag ctcttgattc tgctgggttt tctagctttt ctggtggact 540
 tttcaaacc agtgcatgac aatgggttac tttccatag ggtttctcca gcaactga 600
 tccggagcca ggacggtgac gaagaacaga tgggaagaaa tggcgggtgct caagagacgc 660
 agttgctgat cagaagtatt gtgagcggca catgaacagg ggtcgccatc gttcaagaaa 720
 gcctgtggaa ggacaatcag gccattccgc tgcggccacc accactttaa agccaatggc 780
 caatggcact tcctcttttg catcagcatc agtgggtggg cttcgcagcg ctgtgtccga 840
 cagccacact attgtgcata atcagcagca acctgccagt tcttctaate tttctgccac 900

```

caatacgcctc agcaggggtgt tcctcgctac agagaatgta ggtgagagaa tgcaagatgc 960
atcgggctta tccatgctac catccagcat tgacctgaaa tccaaagaaa ctccattctt 1020
catatcaaaa caacagaact cttacggtga atccctgcaa aatgagtttg cacttgtcac 1080
ctccgactcc ctctcaacc attcacagaa aagctcgctc ttgatgagtt gcagaaattt 1140
tggttcgtct caggacctta ctgaccagga atctgtttca cagcactccc tccgccaatt 1200
tatggatgat tgcctaaaa gtcattctga tcgctctgct gttgcttggc ctggacttga 1260
tctgcaatct gagagaaccc agctatcaat ttcaatcccc atggctcctg cagactttgt 1320
gtcatccact tcattctcaa acaatgaaaa gatctctctc tccccgctga gattatcgcg 1380
tgaatttgat ccaataaaga tggggctggg agtggggagcc ggtagtgtcg ccaatgaacc 1440
aaaccaaagg caagcgaatt ggattcccat ttcttgggaa acttcaatgg gtggccact 1500
tgggggaggtt ttgcacaaca ccaataataa tgcaacagca gaatgcaaga atgaatcatc 1560
gctcaacctc atgacagaga gatgggacaa cagtcctcgg gtaggctcat ctctaccgg 1620
ggtcttaciaa aagtctgcct ttgcttctct ttcaaatagc agtgctggaa gcagcccaag 1680
agcagagaaac aagaccattg aaggtggcaa tctctgcaat gaccttggat ctactatcgt 1740
gcattcttca tcattgcctg ccttgtaact ctctgacctg ccatttaaga agtcttcagc 1800
tgatgccaga ttatgaataa tttgtttttt aaagtcttca atcagtct 1848

```

```

<210> 58
<211> 605
<212> PRT
<213> Populus tremuloides

```

```

<400> 58

```

```

Met Asp Phe Gly Val Gln Val Gly Leu Asp Gly Leu Val Gly Ser Asp
1          5          10          15

Thr Ser Asn Ser Gly Phe Ala Ser Leu Ala Ser Ser Asp Pro Glu Ala
20          25          30

Lys Gln Lys Tyr Gly Ser Gly Phe Leu Lys Gln Glu Arg Ser Ala Ala
35          40          45

Ala Asp Asp Asp Trp Arg Asn Ser Lys Leu Ala Lys Thr Glu Ser Met
50          55          60

Leu Leu Asp Gln Arg Asn Thr Phe Leu Leu Lys Ser Ser Asn Asn Ser
65          70          75          80

Leu Phe Thr Asp Gly Gln Gln Gln Gln Gln Met Leu Ser Phe Ser Cys
85          90          95

Pro Lys Ser Ala Ser Ser Gly Glu Arg Ser Ser Pro Asn Ala Met Leu
100         105         110

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

```

```

Asn Ser Gly Ile Phe Asn Ala Ala Ser Met His Gly Val Leu Thr Glu
 130                      135                      140

Thr Arg Trp Pro Phe Thr Gln Leu Gln Trp Met Glu Leu Glu His Gln
145                      150                      155                      160

Ala Leu Ile Tyr Lys Tyr Met Thr Ala Asn Val Pro Ile Pro Ser Asn
                      165                      170                      175

Leu Leu Ile Pro Ile Arg Lys Ala Leu Asp Ser Ala Gly Phe Ser Ser
                      180                      185                      190

Phe Ser Gly Gly Leu Phe Lys Pro Ser Ala Leu Gln Trp Gly Thr Phe
                      195                      200                      205

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

Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Ser Arg Asp Ala Val Ala Asp
225                      230                      235                      240

Gln Lys Tyr Cys Glu Arg His Met Asn Arg Gly Arg His Arg Ser Arg
                      245                      250                      255

Lys Pro Val Glu Gly Gln Ser Gly His Ser Ala Ala Ala Thr Thr Thr
                      260                      265                      270

Leu Lys Pro Met Ala Asn Gly Thr Ser Ser Phe Ala Ser Ala Ser Val
                      275                      280                      285

Val Gly Leu Arg Ser Ala Val Ser Asp Ser His Thr Ile Val His Asn
                      290                      295                      300

Gln Gln Gln Pro Ala Ser Ser Ser Asn Leu Ser Ala Thr Asn Thr Leu
305                      310                      315                      320

Ser Arg Val Phe Leu Ala Thr Glu Asn Val Gly Glu Arg Met Gln Asp
                      325                      330                      335

Ala Ser Gly Leu Ser Met Leu Pro Ser Ser Ile Asp Leu Lys Ser Lys
                      340                      345                      350

Glu Thr Pro Phe Phe Ile Ser Lys Gln Gln Asn Ser Tyr Gly Glu Ser
                      355                      360                      365

Leu Gln Asn Glu Phe Ala Leu Val Thr Ser Asp Ser Leu Leu Asn His
                      370                      375                      380

Ser Gln Lys Ser Ser Ser Leu Met Ser Cys Arg Asn Phe Gly Ser Ser
385                      390                      395                      400

Gln Asp Leu Thr Asp Gln Glu Ser Val Ser Gln His Ser Leu Arg Gln
                      405                      410                      415

Phe Met Asp Asp Cys Pro Lys Ser His Ser Asp Arg Ser Ala Val Ala
                      420                      425                      430

Trp Pro Gly Leu Asp Leu Gln Ser Glu Arg Thr Gln Leu Ser Ile Ser
                      435                      440                      445

Ile Pro Met Ala Pro Ala Asp Phe Val Ser Ser Thr Ser Ser Ser Asn
450                      455                      460

```


Asn Glu Lys Ile Ser Leu Ser Pro Leu Arg Leu Ser Arg Glu Phe Asp
 465 470 475 480
 Pro Ile Lys Met Gly Leu Gly Val Gly Ala Gly Ser Val Ala Asn Glu
 485 490 495
 Pro Asn Gln Arg Gln Ala Asn Trp Ile Pro Ile Ser Trp Glu Thr Ser
 500 505 510
 Met Gly Gly Pro Leu Gly Glu Val Leu His Asn Thr Asn Asn Asn Ala
 515 520 525
 Thr Ala Glu Cys Lys Asn Glu Ser Ser Leu Asn Leu Met Thr Glu Arg
 530 535 540
 Trp Asp Asn Ser Pro Arg Val Gly Ser Ser Pro Thr Gly Val Leu Gln
 545 550 555 560
 Lys Ser Ala Phe Ala Ser Leu Ser Asn Ser Ser Ala Gly Ser Ser Pro
 565 570 575
 Arg Ala Glu Asn Lys Thr Ile Glu Gly Gly Asn Leu Cys Asn Asp Leu
 580 585 590
 Gly Ser Thr Ile Val His Ser Ser Ser Leu Pro Ala Leu
 595 600 605

<210> 59
 <211> 1053
 <212> ДНК
 <213> *Populus tremuloides*

<400> 59
 atggcaagag cttgaacacc aagctctcat ttacaaatac atggtctctg gtgttcctgt 60
 cccgccagaa ctctcttatt ctgtcaaaag aagcttgga tcttctttgg catcaagact 120
 cttccctcac caacctattg ggtggggttg ttttcaggcg ggttttggca gaaaagcaga 180
 cccagagcca ggaaggtgca gaagaacgga tggaaaaaaa tggaggtgct caaaggaagc 240
 atacccagac tcaaaatatt gtgagaggca catgcacaga ggcagaagcc gttcaagaaa 300
 gcctgtggaa cttacttcaa gtactactac aacagcaaca acaattcctt taacatcaat 360
 caacagaaac ctctctaacc ccactatttc accctccagc tctctttatt ctttctctca 420
 cccttcattc gcggaatctg aagtttatgc ccatcaaaac ccttcgcatg gaaccttctc 480
 taacccttc ctttctctc attcttcac ttctggacct cctgattctg gtttttcacc 540
 tctaaatagc acccctcaca acctgttttt ggagtctgga tcttctctc aagttgacaa 600
 agagcacagg tattatcatg gaatgagga ggatgtggat gagagagctt tctttccaga 660
 tggtttaggg agtgcaagag gtgttcaaga ttcataaac caattgacaa tgagttccta 720
 caaagggttac tcactgtcac agtttcaaac ctttctgat acttctaaag aagagcagca 780
 acaaccaggg cagcactgct ttgttttggg cactgatatt atcaagtcac cagcaacaag 840
 gtcaatcaag ttggagaaag aaactgaaac cctgaagcca ttgcaccatt tctttgatga 900

atgggaacca aaggacgcag actcttggtc tgatcttgca tccagttcaa gacctcacac 960
 ttctgatgat tgaagtctca ataatggatc tttgtaatat gacgaaaaca gtacttggtc 1020
 gtgggtcatc aatgcctttc ttgcctcaaa tga 1053

<210> 60
 <211> 340
 <212> PRT
 <213> Populus tremuloides

<400> 60

Met	Leu	Asn	Thr	Thr	Ile	Ser	Arg	Asn	Arg	Phe	Pro	Phe	Thr	Ala	Thr	1	5	10	15
Gln	Trp	Gln	Glu	Leu	Glu	His	Gln	Ala	Leu	Ile	Tyr	Lys	Tyr	Met	Val	20	25	30	
Ser	Gly	Val	Pro	Val	Pro	Pro	Glu	Leu	Leu	Tyr	Ser	Val	Lys	Arg	Ser	35	40	45	
Leu	Gly	Ser	Ser	Leu	Ala	Ser	Arg	Leu	Phe	Pro	His	Gln	Pro	Ile	Gly	50	55	60	
Trp	Gly	Cys	Phe	Gln	Ala	Gly	Phe	Gly	Arg	Lys	Ala	Asp	Pro	Glu	Pro	65	70	75	80
Gly	Arg	Cys	Arg	Arg	Thr	Asp	Gly	Lys	Lys	Trp	Arg	Cys	Ser	Lys	Glu	85	90	95	
Ala	Tyr	Pro	Asp	Ser	Lys	Tyr	Cys	Glu	Arg	His	Met	His	Arg	Gly	Arg	100	105	110	
Ser	Arg	Ser	Arg	Lys	Pro	Val	Glu	Leu	Thr	Ser	Ser	Thr	Thr	Thr	Thr	115	120	125	
Ala	Thr	Thr	Ile	Pro	Leu	Thr	Ser	Ile	Asn	Arg	Asn	Leu	Ser	Asn	Pro	130	135	140	
Thr	Ile	Ser	Pro	Ser	Ser	Ser	Ser	Tyr	Ser	Phe	Ser	His	Pro	Ser	Ser	145	150	155	160
Ala	Glu	Ser	Glu	Val	Tyr	Ala	His	Gln	Asn	Pro	Ser	His	Gly	Thr	Phe	165	170	175	
Leu	Asn	Pro	Phe	Leu	Tyr	Pro	His	Ser	Ser	Ser	Ser	Gly	Pro	Pro	Asp	180	185	190	
Ser	Gly	Phe	Ser	Pro	Leu	Asn	Ser	Thr	Pro	His	Asn	Leu	Phe	Leu	Glu	195	200	205	
Ser	Gly	Ser	Ser	Pro	Gln	Val	Asp	Lys	Glu	His	Arg	Tyr	Tyr	His	Gly	210	215	220	
Met	Arg	Glu	Asp	Val	Asp	Glu	Arg	Ala	Phe	Phe	Pro	Asp	Gly	Leu	Gly	225	230	235	240
Ser	Ala	Arg	Gly	Val	Gln	Asp	Ser	Tyr	Asn	Gln	Leu	Thr	Met	Ser	Ser	245	250	255	
Tyr	Lys	Gly	Tyr	Ser	Leu	Ser	Gln	Phe	Gln	Thr	Phe	Ala	Asp	Thr	Ser	260	265	270	

Lys Glu Glu Gln Gln Gln Pro Gly Gln His Cys Phe Val Leu Gly Thr
 275 280 285
 Asp Ile Ile Lys Ser Ser Ala Thr Arg Ser Ile Lys Leu Glu Lys Glu
 290 295 300
 Thr Glu Thr Leu Lys Pro Leu His His Phe Phe Asp Glu Trp Glu Pro
 305 310 315 320
 Lys Asp Ala Asp Ser Trp Leu Asp Leu Ala Ser Ser Ser Arg Pro His
 325 330 335
 Thr Ser Asp Asp
 340

<210> 61
 <211> 1265
 <212> ДНК
 <213> Populus tremuloides

<400> 61
 tcttcttttc tcttccaggg taatatgata atgagtggag gaaacagggt tcccttcact 60
 gcatccagct ggcaagagct tgagcatcaa gccctaactc acaagtacat ggtttcaggc 120
 atccccatcc ctcccgatct tcttttcacc atcaaaagaa gtggctgctt ggactcttca 180
 ctctcttcaa agctctttcc ttgccaacct ccacattttt cctggggctg ttttcagatg 240
 ggtttgaggaa ggaaaataga tccagaaccg gggagggtga ggagaactga tggaaagaaa 300
 tggagatgct caaaagaagc ataccagat tctaagtact gtgagaaaca tatgcataga 360
 gggaagaacc gttcaagaaa gctgtggaa gttgcaacac aatcaataac agcaccaact 420
 gtctcatcaa tgaccagaaa cactctaat aattcactac taacaacatc cccacctct 480
 cttctgttat tgtcacctaa gaccaccac cagaatcacc ttactatcc tgcctctgca 540
 ggttatcatg cccatccaaa tcatcaattc ttgtcttctt ccagaccctt tgggattggt 600
 ctgtccctc atgaaaatcc tactcacttg cttttggact ctggtggttc ttctctggcc 660
 aatacagatt acagaagaaa caggaatggt tatgggctga aagaggaggt tgatgagcat 720
 gctttcttct cagaaccttc aggttctatg agaagcttgt ccggttcac tttggatgat 780
 gcttggcaac tcacccact cacaatgaac tcttctcctt ctaccaccaa ctcttcaaag 840
 caaaggagct tgtctagttt acacaacgaa tattcttact tgcagcttca aagcctgagt 900
 gatcccgata ccccaaaaca acaaaagcag tgtcaacata actatcttct gggaaagtagt 960
 gatgtagaca gtctagggcc cataaaaatg gagaaggaaa aatcccaaaa gactgttcac 1020
 cgtttctttg atgaatggcc accaaaggat aaagattcat ggcttgattt ggatgacaaa 1080
 tcatcaaaaa gtgcatcagt ttcagcaacc ggactctcaa tatccattcc ctctctcat 1140
 gactttcttc caatcttcag ttcaagaact aataatggtg gttgatttta ctctggtggg 1200
 tttctggccc aagatgtact tggtggaag ggggggtca ccgcttctg tcaagaggcc 1260

tcaga

1265

<210> 62
<211> 386
<212> PRT
<213> Populus tremuloides

<400> 62

```

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

Gln Glu Leu Glu His Gln Ala Leu Ile Tyr Lys Tyr Met Val Ser Gly
20          25          30

Ile Pro Ile Pro Pro Asp Leu Leu Phe Thr Ile Lys Arg Ser Gly Cys
35          40          45

Leu Asp Ser Ser Leu Ser Ser Lys Leu Phe Pro Cys Gln Pro Pro His
50          55          60

Phe Ser Trp Gly Cys Phe Gln Met Gly Leu Gly Arg Lys Ile Asp Pro
65          70          75          80

Glu Pro Gly Arg Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Ser
85          90          95

Lys Glu Ala Tyr Pro Asp Ser Lys Tyr Cys Glu Lys His Met His Arg
100         105         110

Gly Lys Asn Arg Ser Arg Lys Pro Val Glu Val Ala Thr Gln Ser Ile
115         120         125

Thr Ala Pro Thr Val Ser Ser Met Thr Arg Asn His Ser Asn Asn Ser
130         135         140

Leu Leu Thr Thr Ser Pro Thr Ser Leu Ser Leu Leu Ser Pro Lys Thr
145         150         155         160

His His Gln Asn His Leu His Tyr Pro Ala Pro Ala Gly Tyr His Ala
165         170         175

His Pro Asn His Gln Phe Leu Ser Ser Ser Arg Pro Leu Gly Ile Gly
180         185         190

Leu Ser Pro His Glu Asn Pro Thr His Leu Leu Leu Asp Ser Gly Gly
195         200         205

Ser Ser Leu Ala Asn Thr Asp Tyr Arg Arg Asn Arg Asn Val Tyr Gly
210         215         220

Leu Lys Glu Glu Val Asp Glu His Ala Phe Phe Ser Glu Pro Ser Gly
225         230         235         240

Ser Met Arg Ser Leu Ser Gly Ser Ser Leu Asp Asp Ala Trp Gln Leu
245         250         255

Thr Pro Leu Thr Met Asn Ser Ser Pro Ser Thr Thr Asn Ser Ser Lys
260         265         270

Gln Arg Ser Leu Ser Ser Leu His Asn Glu Tyr Ser Tyr Leu Gln Leu
275         280         285

```

Gln Ser Leu Ser Asp Pro Asp Thr Pro Lys Gln Gln Lys Gln Cys Gln
 290 295 300
 His Asn Tyr Leu Leu Gly Ser Ser Asp Val Asp Ser Leu Gly Pro Ile
 305 310 315 320
 Lys Met Glu Lys Glu Lys Ser Gln Lys Thr Val His Arg Phe Phe Asp
 325 330 335
 Glu Trp Pro Pro Lys Asp Lys Asp Ser Trp Leu Asp Leu Asp Asp Lys
 340 345 350
 Ser Ser Lys Ser Ala Ser Val Ser Ala Thr Gly Leu Ser Ile Ser Ile
 355 360 365
 Pro Ser Ser His Asp Phe Leu Pro Ile Phe Ser Ser Arg Thr Asn Asn
 370 375 380
 Gly Gly
 385

<210> 63
 <211> 644
 <212> ДНК
 <213> Populus tremuloides

<400> 63
 ctagggactg gactgctaaa cgggttgaac atggagggaa ataggcgcaa tggtcgggtct 60
 cggtcacctt caattgggct aggagttgag cttggacgtg gtggttctag tcaaagacca 120
 ataactggct gcaaaaaacc ttatgggttc actattcttc aactgcatga gctagaactt 180
 cagtctctta tctacaagta tatccaagct ggatttcctg taccttacca tcttgtttta 240
 cctatatgga aaagtgttac tgcttccctt ggtggtctca gttcaagctt gtaccagctc 300
 taccctagct ttatgggggtg taagtgtaac ccattatatt tggaatataa gaaaggaatg 360
 gaacatgagc cagggagatg taggagaacg gatggaaaga agtggagggtg tagcaaagag 420
 gttcttccag atcaaaagta ctgtgacagg cacatacaca gaggacgcca gcgttcaaga 480
 aagcttgtgg aagctgcttc tcatagtaat gccagcacca acctctccat ttctctccct 540
 ggaatcggtg gtgctagcgc ctagcagtac taatctctct ccaatatgtt gtctctctcc 600
 aaagagtgtt ctccacaaga aatatgtaat aggagcagct gcta 644

<210> 64
 <211> 177
 <212> PRT
 <213> Populus tremuloides

<400> 64
 Met Glu Gly Asn Arg Arg Asn Gly Arg Ser Arg Ser Pro Ser Ile Gly
 1 5 10 15
 Leu Gly Val Glu Leu Gly Arg Gly Gly Ser Ser Gln Arg Pro Ile Thr
 20 25 30

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

Ala

<210> 65
<211> 1154
<212> ДНК
<213> Populus tremuloides

<400> 65
caagtgaagt tgaagagaga agtgaaagaa atgagcaact catcagtcac agtggcgggg 60
gtgggatcaa gatcaccacc aggtttcacg atgtctcagt ggcattgagct ggagcatcaa 120
gttcttatct ttaagtgttt aaatgcaggg ttacctgtcc ctcttccct tctcttccct 180
attcgtaaga gttttcagct tctttccct ggtttcttgc acccatcaaa ttgagctac 240
tgttcttatt ttgggaagaa gattgactca gagccaggga ggtgtcggag gacagatggc 300
aagaaatgga ggtgctccaa agatgtctac ccagactcca agtactgtga gcggcatatg 360
aatagaagcc gtaaccgttc aagaaagcct gtggaatcac aaactacctc tcagtccttg 420
tcaactgtgg catcagaaat tgcaactggg agcagcagca ttgggagcag agggatatcca 480
actaatcttg ggaccttagg tttgggaagt aatatgtcac gttggcagat ggagtctatg 540
ccttatggtg ttaatagtaa agactacagg tctctccatg gaccgaagcc tgaagcagat 600
gagaaaactt tcctaccaga agctttggga aatacaagaa gctttggaat gaactctact 660
gtggacagca ctggcatct cacatcccaa gtccctgcaa accctgtgcc agaatacaaga 720
aatggttctc ttttgcaaaa ctaccacaa gtacagacac tgcaggattt tgagccccta 780
actgttgatg ctgcacgcc aaaacaacag cagcagcagc attatttatt tggaaggag 840

ttcagttcat caggatctat gaggcgggaa aatcagtctc ttcagcctct ctttgacgag 900
 tggccaaaaat gcagggatat ggattcccat ctcactgac aaagatctaa caataactcg 960
 tctgctgttc agctatcaat ggccattcca atggctccta accctgctgc gaggagttat 1020
 cattcccaaa atggtgagac aggtttatct ggaacatact tttccgcaac ctagacgccc 1080
 ccaagacttg gtggaaaaca aatagatgag ttctaatacct ctcagtgttat aatgcagatg 1140
 cttgaaagga gcat 1154

<210> 66
 <211> 347
 <212> PRT
 <213> Populus tremuloides

<400> 66

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

225		230		235		240									
Val	Gln	Thr	Leu	Gln	Asp	Phe	Glu	Pro	Leu	Thr	Val	Asp	Ala	Ala	Ser
				245					250					255	
Pro	Lys	Gln	Gln	Gln	Gln	Gln	His	Tyr	Leu	Phe	Gly	Arg	Glu	Phe	Ser
			260					265					270		
Ser	Ser	Gly	Ser	Met	Arg	Arg	Glu	Asn	Gln	Ser	Leu	Gln	Pro	Leu	Phe
		275					280					285			
Asp	Glu	Trp	Pro	Lys	Cys	Arg	Asp	Met	Asp	Ser	His	Leu	Thr	Asp	Gln
	290					295					300				
Arg	Ser	Asn	Asn	Asn	Ser	Ser	Ala	Val	Gln	Leu	Ser	Met	Ala	Ile	Pro
305					310					315					320
Met	Ala	Pro	Asn	Pro	Ala	Ala	Arg	Ser	Tyr	His	Ser	Pro	Asn	Gly	Glu
			325						330					335	
Thr	Gly	Leu	Ser	Gly	Thr	Tyr	Phe	Ser	Ala	Thr					
		340						345							

<210> 67

<211> 1875

<212> ДНК

<213> Populus tremuloides

<400> 67

tagtcatgct ccttctcatg tctcacttcc tgagaccaa ccaaagattc ttggatctgt	60
gttaactaag caagaaagat catcttcac tgcacagct caggatgatt actggagggc	120
ttcaaagatg ccaaaacttg atgatttctc ttccaccaa acaatgccac tgcaccaacc	180
cgtccctttg ctgagacctt attctatgtt ttctaatagat tctcgccaac aagagcacat	240
gctaagcttc tcttctccaa aaccagaagc tactccattt ctcgttaaag atgctggctt	300
gggtgagaga aacacacaaa accacactgc cttgagtttt ccttactacc agcacgcacc	360
tctttccgct agcagaagtg cagggttatgg cactggaaac ttgaatgcaa gcatgcaggg	420
gccttttact ggggttagag gaccatttac tccatctcag tggatggagc ttgaacacca	480
ggccttgatc tacaaataca tcaactgcacg tgtgcctgtg ccttccaatt taatcattcc	540
tctcaagaaa tctctcaacc cttatggctt acctttttcc tctgctggat cattccctcc	600
cagttcattg ggatggggca ctttccacct tggttacctt ggcaacaaca ctgatcagga	660
gcctggaagg tgtcgtcgga ctgatggcaa gaaatggcgg tgctcaaggg atgctgtagc	720
tgacaaaaaa tattgtgaaa ggcacataaa cagaggccgc catcgttcaa gaaagcctgt	780
ggaaggccag actggccatg ctgctactgg gactgccagt tcaaagggtg tgccaatgtc	840
taactccatg ccaacctcga ttacaaccag tggcgctacc tcgaacagca ttgtgatcac	900
acagcaacag ttaaaaaatt ttcagccggc tgcgtcttcc atctcttctg cagatgctcg	960
tgtcaacgga gcacaagatg cacggagggt ttctatgatg tcttccacta tcaaccggaa	1020


```

atctgacgag tctactttct gtattcctag acaagatato ctatttgaac agtgctctca 1080
aacagagttt ggacttgctt cctatgattc tctcctcaac ccatcgaga agagctctta 1140
ctttaacgct aaaccctacg agtcttttct aaactttagt gatgaagaaa gccatgatca 1200
gcatccccctt cgtcaattca ttgatgactg gccgaaggac caatcaaate gttctgtcat 1260
tagctggcca gaagagttga aatctgactg taccagctc tcaatgtcaa tctcaatggt 1320
ctcgtcagac ttctcgtcgt catcatctc acttctgca gagaaacttg cttctctacc 1380
attgaggtta tctcgcgagt ttgacctat acaaatgggt ttaagggtga gcggtgacca 1440
taatgaatca agccagaagc aagccaactg gataacctat tcttggggaa ctcaattgg 1500
cggcccttta ggagaggtct tgaccaccag cgccagccat gcggattcct gcaaaagctc 1560
atcagctctt aaccttttaa gagaggggtg ggatggcagc ccgcagctgg gatcttctcc 1620
aacaggagtc ttgcagaaat cgacttttgg ttcactttca aatagcagtt caggtagcag 1680
cccaagagca gagagcaaga aaaacaatga aagtgttagt ctgtatgagg atgtgttgg 1740
ttcgataatt gcaagtgatc ccctattcca tccctgtaat caagaaaatg gttaggatga 1800
aacttgtgaa gaagaagctt ggagttattt atcttattaa tttctgcaga ctgtttctcc 1860
ttgttgcttg ttccc 1875

```

```

<210> 68
<211> 555
<212> PRT
<213> Populus tremuloides

```

<400> 68

```

Met Pro Lys Leu Asp Asp Phe Ser Ser Thr Lys Thr Met Pro Leu His
1          5          10          15

Gln Pro Ala Pro Leu Leu Arg Pro Asn Ser Met Phe Ser Asn Asp Ser
          20          25          30

Arg Gln Gln Glu His Met Leu Ser Phe Ser Ser Pro Lys Pro Glu Ala
          35          40          45

Thr Pro Phe Leu Val Lys Asp Ala Gly Leu Val Glu Arg Asn Thr Gln
          50          55          60

Asn His Thr Ala Leu Ser Phe Pro Tyr Tyr Gln His Ala Pro Leu Ser
65          70          75          80

Ala Ser Arg Ser Ala Gly Tyr Gly Thr Gly Asn Leu Asn Ala Ser Met
          85          90          95

Gln Gly Pro Phe Thr Gly Val Arg Gly Pro Phe Thr Pro Ser Gln Trp
          100          105          110

Met Glu Leu Glu His Gln Ala Leu Ile Tyr Lys Tyr Ile Thr Ala Arg
          115          120          125

Val Pro Val Pro Ser Asn Leu Ile Ile Pro Leu Lys Lys Ser Leu Asn
          130          135          140

```

```

Pro Tyr Gly Leu Pro Phe Ser Ser Ala Gly Ser Phe Pro Pro Ser Ser
145                150                155                160

Leu Gly Trp Gly Thr Phe His Leu Gly Tyr Pro Gly Asn Asn Thr Asp
165                170                175

Gln Glu Pro Gly Arg Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys
180                185                190

Ser Arg Asp Ala Val Ala Asp Gln Lys Tyr Cys Glu Arg His Ile Asn
195                200                205

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

Ala Ala Thr Gly Thr Ala Ser Ser Lys Val Val Pro Met Ser Asn Ser
225                230                235                240

Met Pro Thr Ser Ile Thr Thr Ser Gly Ala Thr Ser Asn Ser Ile Val
245                250                255

Ile Thr Gln Gln Gln Leu Lys Asn Phe Gln Pro Ala Ala Ala Ser Ile
260                265                270

Ser Ser Ala Asp Ala Arg Val Asn Gly Ala Gln Asp Ala Arg Arg Val
275                280                285

Ser Met Met Ser Ser Thr Ile Asn Arg Lys Ser Asp Glu Ser Thr Phe
290                295                300

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

Phe Gly Leu Val Ser Tyr Asp Ser Leu Leu Asn Pro Ser Gln Lys Ser
325                330                335

Ser Tyr Phe Asn Ala Lys Pro Tyr Glu Ser Phe Leu Asn Phe Ser Asp
340                345                350

Glu Glu Ser His Asp Gln His Pro Leu Arg Gln Phe Ile Asp Asp Trp
355                360                365

Pro Lys Asp Gln Ser Asn Arg Ser Val Ile Ser Trp Pro Glu Glu Leu
370                375                380

Lys Ser Asp Cys Thr Gln Leu Ser Met Ser Ile Ser Met Val Ser Ser
385                390                395                400

Asp Phe Ser Ser Ser Ser Ser Ser Leu Leu Arg Glu Lys Leu Ala Phe
405                410                415

Ser Pro Leu Arg Leu Ser Arg Glu Phe Asp Pro Ile Gln Met Gly Leu
420                425                430

Arg Val Ser Gly Asp His Asn Glu Ser Ser Gln Lys Gln Ala Asn Trp
435                440                445

Ile Pro Ile Ser Trp Gly Thr Ser Ile Gly Gly Pro Leu Gly Glu Val
450                455                460

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

```

Leu Asn Leu Leu Arg Glu Gly Trp Asp Gly Ser Pro Gln Leu Gly Ser
 485 490 495
 Ser Pro Thr Gly Val Leu Gln Lys Ser Thr Phe Gly Ser Leu Ser Asn
 500 505 510
 Ser Ser Ser Gly Ser Ser Pro Arg Ala Glu Ser Lys Lys Asn Asn Glu
 515 520 525
 Ser Ala Ser Leu Tyr Glu Asp Val Val Gly Ser Ile Ile Ala Ser Asp
 530 535 540
 Pro Leu Phe His Pro Cys Asn Gln Glu Asn Gly
 545 550 555

<210> 69
 <211> 1715
 <212> ДНК
 <213> Populus tremuloides

<400> 69
 aaaaattatt cttcttttatt ttcatcatg atgacaacag atgatggctt aaacgtttca 60
 aacaaggtag ctaaggaaat aaacactact agtagtatta gtaatgttga ttttggtgtg 120
 aagctacatc aacctattga tcatcatcaa tcatttcctt ctagtactcc tatgatggtt 180
 cctcatgtta atcaccaccg tccaatgttt gacaatggc ccacatcatc atgtgataga 240
 aacaagtctt tgatgaacta tataagtgat cgtatatacc gtgttgctgc tgggtggtgct 300
 accagtggtg gtgcagttgg ggtaggaat ttgcagcctt ttgacatttc tgaaacaagt 360
 atctctacag cagcttctgc cttcagatcc ccaggaggca acatggcagc gtctttgggg 420
 tttcctttta caaatacaca gtggaagag cttgaaagac aagccatgat atacaactat 480
 ataacggcct cagtccctgt gctcctcaa tttctaattc caacccaat ggggaatgga 540
 ttgaatgtaa ggttctcaa tggggcagat ctagaaccag ggaggtgtag gagaacagat 600
 ggaagaaat ggaggtgctc aagagatgtg gcacctgac agaaatactg tgagcgtcat 660
 atgcatagag gcagaccccg ttcaagaaag catgtggaac tcaatgctag caacaataac 720
 aacaagaaga accgccataa tctgtctatt tgtccagaag ctctgttac cgtggccatt 780
 tctaaaccca caatcaaca cagcaacagt ggctctgcct ctcacgatca gttttttggg 840
 cctatgcctc agccatatat ccagaccca gtttttgtaa acaaaaccag cgagaagact 900
 tcaacttatg atgttaatgg agcctatggt tccacattca aagaaccag gagcttgac 960
 tggatgttga aaggggaagc tggctctata gccaaaaatg atcaacaatg gccacatcta 1020
 gtgcacaaag aaattgaact agctactgaa ggctccttta acagtgcctc tgttctcaa 1080
 cagcattacc aaggagagtc tttgaatttg aactcatttg gaaatttta tgctagagaa 1140
 gaccaacaaa gcaatcaata tagtctgtt cttgatgagg ctccaaggag ttttattgat 1200
 gcatggtcta atgatgcaat ttctagaaac acaagttctg tttcctcaga tgggaagctc 1260

catctttccc ctctcagtct atcaatggga agcaataggt ctactgatga tgaatgggt 1320
cagatccaaa tgggttttagg cctaataaaa tcagatcgaa atgaagaatg tggtaacact 1380
agcagcgccc caggtggccc cttggcagag gtgttacaac tgaggacaag caacaccaca 1440
ggaaccaatc aatcttcttc tatgatggaa aatggtgatt ctattagtcc tccagctact 1500
acagtctctt ctccatctgg ggttttgag aaaacacttg cctcattttc tgatagcagt 1560
ggtaaatagca gtccaactct tgccagtcca aggaccaaac ctgaaattgc catgctttgg 1620
ttaaatcaag gctaaatgtg ccactctcta gttagttaag ggcacacaag gccataaggg 1680
caatataaat ttttataagc ttgatattatt tttat 1715

<210> 70
<211> 535
<212> PRT
<213> Populus tremuloides

<400> 70

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

Glu Arg His Met His Arg Gly Arg Pro Arg Ser Arg Lys His Val Glu
 210 215 220
 Leu Asn Ala Ser Asn Asn Asn Asn Lys Lys Asn Arg His Asn Pro Ala
 225 230 235 240
 Ile Cys Pro Glu Ala Pro Val Thr Val Ala Ile Ser Lys Pro Thr Ile
 245 250 255
 Asn Asn Ser Asn Ser Gly Ser Ala Ser His Asp Gln Phe Phe Gly Pro
 260 265 270
 Met Pro Gln Pro Tyr Ile Gln Thr Pro Val Phe Val Asn Lys Thr Ser
 275 280 285
 Glu Lys Thr Ser Thr Tyr Asp Val Asn Gly Ala Tyr Gly Ser Thr Phe
 290 295 300
 Lys Glu Pro Arg Ser Leu Asp Trp Met Leu Lys Gly Glu Ala Gly Pro
 305 310 315 320
 Ile Ala Lys Asn Asp Gln Gln Trp Pro His Leu Val His Lys Glu Ile
 325 330 335
 Glu Leu Ala Thr Glu Gly Ser Phe Asn Ser Ala Ser Val Leu Lys Gln
 340 345 350
 His Tyr Gln Gly Glu Ser Leu Asn Leu Asn Ser Phe Gly Asn Phe Asn
 355 360 365
 Ala Arg Glu Asp Gln Gln Ser Asn Gln Tyr Ser Leu Phe Leu Asp Glu
 370 375 380
 Ala Pro Arg Ser Phe Ile Asp Ala Trp Ser Asn Asp Ala Ile Ser Arg
 385 390 395 400
 Asn Thr Ser Ser Val Ser Ser Asp Gly Lys Leu His Leu Ser Pro Leu
 405 410 415
 Ser Leu Ser Met Gly Ser Asn Arg Ser Thr Asp Asp Glu Met Gly Gln
 420 425 430
 Ile Gln Met Gly Leu Gly Leu Ile Lys Ser Asp Arg Asn Glu Glu Cys
 435 440 445
 Gly Asn Thr Ser Ser Ala Pro Gly Gly Pro Leu Ala Glu Val Leu Gln
 450 455 460
 Leu Arg Thr Ser Asn Thr Thr Gly Thr Asn Gln Ser Ser Ser Met Met
 465 470 475 480
 Glu Asn Gly Asp Ser Ile Ser Pro Pro Ala Thr Thr Val Ser Ser Pro
 485 490 495
 Ser Gly Val Leu Gln Lys Thr Leu Ala Ser Phe Ser Asp Ser Ser Gly
 500 505 510
 Asn Ser Ser Pro Thr Leu Ala Ser Ser Arg Thr Lys Pro Glu Ile Ala
 515 520 525
 Met Leu Trp Leu Asn Gln Gly
 530 535

```

<210> 71
<211> 1053
<212> ДНК
<213> Populus tremuloides

<400> 71
agcagcgggg atggcagctg ggggaatggg gacagcagcg atgacaatga ggtcaccatt 60
tacagtgtca cagtggcaag aactggaaca tcaagctttg atctataagt acatgggtggc 120
aggtctgcct gttccacctg atcttgtgct ccctattcag aggagctttg aatccatttc 180
tcatagattc ttccaccatc ccaccatgag ctattgcact ttctatggca agaaggtgga 240
tccggaacca ggtcgatgca ggaggaccga cggcaagaag tggaggtgct ccaaagatgc 300
ctccccagac tccaagtact gtgagcgcca catgcaccgt ggccgcaacc gttcaagaaa 360
gcctgtggaa tcacaaacca tgacacagtc atcgtccacc gtgacatcac tgactgttac 420
aggaagcagc agtggaaactg gaagcttcca gaaccttcca ttgcacacat atagcaatcc 480
ccagggcact gcttctggaa ctaaccaatc atattatcat atgaactcca ttccctacgg 540
aatcccaacc aaagattaca ggtatcttca agaacttacg cctgaaggty gggagcatag 600
cttcttgtct gaagcctcag gaagcaacaa ggggcttcag atagactcac agctggacaa 660
tgcatggtct ttgatgcaat ccagagtctc atcattcccc acagagaaat caactgaaaa 720
ctcgatgttg caaagtaatc atccccagca ttcatttttc agtagtgatt tcaccaccag 780
ggaatctgtg aaacaggacg ggcagtctct tcgacccttc tttgatgagt ggcctaaaaa 840
ccgagatgcc tggctctggc tcgagaatga tagttccaac cagacctcat tctctacaac 900
gcagctgtcg atatccattc caatggcttc atctgacttc tccacaagtt gtcgtttccc 960
acgagataac taagaggaca ctaagaattc acaaaacaaa gccaaaggty gtcctggcca 1020
aagattaaca catacttgtg ttaaattttt gtg 1053

<210> 72
<211> 320
<212> PRT
<213> Populus tremuloides

<400> 72
Met Ala Ala Gly Gly Met Gly Thr Ala Ala Met Thr Met Arg Ser Pro
1 5 10 15
Phe Thr Val Ser Gln Trp Gln Glu Leu Glu His Gln Ala Leu Ile Tyr
20 25 30
Lys Tyr Met Val Ala Gly Leu Pro Val Pro Pro Asp Leu Val Leu Pro
35 40 45
Ile Gln Arg Ser Phe Glu Ser Ile Ser His Arg Phe Phe His His Pro
50 55 60
Thr Met Ser Tyr Cys Thr Phe Tyr Gly Lys Lys Val Asp Pro Glu Pro
65 70 75 80

```

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

<210> 73

<211> 1682

<212> ДНК

<213> Populus tremuloides

<400> 73

gtctgttctt gttttttag atacacgaca atggagaaaa gagtatctga agaatacagcg 60
 ccgtcgatga aactgtctct tgggattggt gctggtgatc atggtgatga tgatcaagat 120
 gatagacacg tgttcccaca gttaacagag actcagttgc atgagcttaa acagcaagct 180
 ttgatattca agtacatagt agctggtctt cgcgtgcctc ctgatcttgt agttccatt 240
 tggcatagtg ttgctagcag ctctcttggt tcatttagtg gtgctgatat ttataggcaa 300
 ttccaagct ttgtgggatt aagtcctcag ggatttgatt atagacaaat gatggatcca 360

```

gaacctggga gatgtagaag aactgatggg aagaaatgga ggtgtagcaa ggatgtagtt 420
gctgggtcaga agtattgtga acgccatatg catagaggcc gtcaacgttc aagaaagctt 480
gtggaagctt ctcaaactgc tgcgtcttct gaaaaacat cacctcacia ttcaagcaag 540
aattcagaca atccaaccac tcattcttct aatttagcca aagtaagttc acagataaaa 600
gccccacctc ttaataatac cccaccatt ttaaccactt gcaccacaag ttgcaattct 660
gacattgaaa tcactggcat gagcttgcc actactgcta attctgactg caaaaacccc 720
tttacaacca tgactactag cattgttacc ggctacaaga aactgcaac aatgatcgct 780
agtgtgttc atgtgacat tacagccact ggtaacgact acaagagtag catcaactta 840
aagagacact acattgatga cagaaacagt aattgcagca actctgttac ttacaaggg 900
ataatcgaca gaaactgcag caacaaaaaa ataaaaaatg ctggtagcaa tgtatctcaa 960
ggattgaact tctccccgaa gagtgttctt caagttcaag gttgcggcgc ctcacacatt 1020
tacatgaatg atgtggaact tgaactggga aggtgtagaa gaacagatgg aaagaagtgg 1080
cgatgccgca gggatgttgt agctaatacag aagtattgag agatgcacat gcaccgaggt 1140
tctaagcagc acttgggaagc gtccaaacct gctgcaattc ccgctacaat cccatttgtc 1200
cctgggaatg ttcatctata tctgcaacg aacttgcaa gtaaagcaga tcgcagaagc 1260
ttaaacaccg atctctgtat ttcgatccca acaagtctc aactgatcat gaccaatgat 1320
gatacaagaa ctatcagcaa tagcagtac actaccataa gcgacacat gaggggaccc 1380
acaccaggac tggatatcaac acatgcaggt agtggggatc ccaaaagtcc tctgtgtgt 1440
gacagagcca ggttattaaa gaaagctgaa gttatggagg cggcggtaga gatttacgag 1500
gaagtacaat ccggccgtgg ggtcagaagt ttatccaag gcagaagact tccaactttt 1560
ccctatgttt atatcacacc tctgctgtta atctgcaatt aattctagtc aaacctatgt 1620
attaaagtta caagaggtgt aagagaagaa taacgttta ttccatccta tgcagacaac 1680
tg 1682

```

```

<210> 74
<211> 523
<212> PRT
<213> Populus tremuloides

```

```

<400> 74

```

```

Met Glu Lys Arg Val Ser Glu Glu Ser Ala Pro Ser Met Lys Leu Ser
1          5          10          15

Leu Gly Ile Gly Ala Gly Asp His Gly Asp Asp Asp Gln Asp Asp Arg
20          25          30

His Val Phe Pro Gln Leu Thr Glu Thr Gln Leu His Glu Leu Lys Gln
35          40          45

```


Gln Ala Leu Ile Phe Lys Tyr Ile Val Ala Gly Leu Arg Val Pro Pro
50 55 60

Asp Leu Val Val Pro Ile Trp His Ser Val Ala Ser Ser Ser Leu Gly
65 70 75 80

Ser Phe Ser Gly Ala Asp Ile Tyr Arg Gln Phe Pro Ser Phe Val Gly
85 90 95

Leu Ser Pro Gln Gly Phe Asp Tyr Arg Gln Met Met Asp Pro Glu Pro
100 105 110

Gly Arg Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Ser Lys Asp
115 120 125

Val Val Ala Gly Gln Lys Tyr Cys Glu Arg His Met His Arg Gly Arg
130 135 140

Gln Arg Ser Arg Lys Leu Val Glu Ala Ser Gln Thr Ala Ala Ala Ser
145 150 155 160

Glu Lys Pro Ser Pro His Asn Ser Ser Lys Asn Ser Asp Asn Pro Thr
165 170 175

Thr His Ser Ser Asn Leu Ala Lys Val Ser Ser Gln Ile Lys Ala Pro
180 185 190

Pro Leu Asn Asn Thr Pro Thr Ile Leu Thr Thr Cys Thr Thr Ser Cys
195 200 205

Asn Ser Asp Ile Glu Ile Thr Gly Met Ser Leu Ala Thr Thr Ala Asn
210 215 220

Ser Asp Cys Lys Asn Pro Phe Thr Thr Met Thr Thr Ser Ile Val Thr
225 230 235 240

Gly Tyr Lys Asn Thr Ala Thr Met Ile Ala Ser Ala Val His Ala Asp
245 250 255

Ile Thr Ala Thr Gly Asn Asp Tyr Lys Ser Ser Ile Asn Leu Lys Arg
260 265 270

His Tyr Ile Asp Asp Arg Asn Ser Asn Cys Ser Asn Ser Val Thr Tyr
275 280 285

Lys Gly Ile Ile Asp Arg Asn Cys Ser Asn Lys Lys Ile Lys Asn Ala
290 295 300

Gly Ser Asn Val Ser Gln Gly Leu Asn Phe Ser Pro Lys Ser Val Leu
305 310 315 320

Gln Val Gln Gly Cys Gly Ala Ser His Ile Tyr Met Asn Asp Val Glu
325 330 335

Leu Glu Leu Gly Arg Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys
340 345 350

Arg Arg Asp Val Val Ala Asn Gln Lys Tyr Cys Glu Met His Met His
355 360 365

Arg Gly Ser Lys Gln His Leu Glu Ala Ser Lys Pro Ala Ala Ile Pro
370 375 380

Ala Thr Ile Pro Phe Val Pro Gly Asn Val His Ser Tyr Pro Ala Thr
 385 390 395 400

Asn Leu Pro Ser Lys Ala Asp Arg Arg Ser Leu Asn Thr Asp Leu Cys
 405 410 415

Ile Ser Ile Pro Thr Ser Pro Gln Leu Ile Met Thr Asn Asp Asp Thr
 420 425 430

Arg Thr Ile Ser Asn Ser Ser Asp Thr Thr Ile Ser Asp Thr Met Arg
 435 440 445

Gly Thr Thr Pro Gly Leu Val Ser Thr His Ala Gly Ser Gly Asp Pro
 450 455 460

Lys Ser Pro Pro Gly Gly Asp Arg Ala Arg Leu Leu Lys Lys Ala Glu
 465 470 475 480

Val Met Glu Ala Ala Val Glu Ile Tyr Glu Glu Val Gln Ser Gly Arg
 485 490 495

Gly Val Arg Ser Phe Ile Gln Gly Arg Arg Leu Pro Thr Phe Pro Tyr
 500 505 510

Val Tyr Ile Thr Pro Leu Leu Leu Ile Cys Asn
 515 520

<210> 75

<211> 1812

<212> ДНК

<213> Populus tremuloides

<400> 75

aagtaatagt ggttttgctt ctcttgctgg ctcagatcct gaagcaaagc agaagttgta 60

cggatctggg ttcttgaagc aagagagacc tggcaacatc gatggtgatt ggaggagctc 120

taaattgtcg aaaactgagt caatgctgct tgagcagagt aacacttcac ttctgaaatc 180

tagtccaac tttctcttcg ctgatggaca gcagcagcag cagcagatgc tcagcttctc 240

ctatcccaga tcagctcctt cagcggagag aagctcccaa aatggcacat tgccctctgg 300

tatctacaat gctgccagca tgcattgggt tttgaccgag accagatggc cattcactca 360

atcacaaatg atggagcttg aacatcaggc cttgatctac aagtatatag cagcaaatgt 420

gcctatacca tctaactcgc tccttcccat tagaaaagct cttgattctg ctgggtttcc 480

tagcttttct gctggatttt tcaggcccaa tacattgcca tggggtgctt tccatatggg 540

tttctccagc aacactgatc cggagccagg acggtgtcga aggacagatg gaaagaaatg 600

gcggtgctca agagatgcag ttgccgatca gaagtattgt gagcggcata tgaacagggg 660

ccgccatcgt tcaagaaagc ctgtggaagg ccaatcaggc cattccgctg cagccgccac 720

cactgtaaag ccagccaatg gcacttcgct ttctacatca tcatcagtgg tggggcttcg 780

cagcactgtg tccgacagcc tcactattgc tcataatcag cagcaagcag ctagtccatc 840

taatctttct gcctctaata cgctcagcag gatgttcctt actaaagaga atgtaggatga 900

```

gagaacgcag gatgcgacag ccttgtccat gcttcgatcc aacatggatc ttaaatctaa   960
agaaactcca ttcttcatat caaaacaaca aaactcatat gggaatcct tacgaaatga   1020
gtttggactt gtcacctccg actccctect caatcactca cagaaaagct catctttaat   1080
gagttgcaga aattttggtt cgtctcagga cctcactgac caggaatctg tttcacagca   1140
ctccctccgc caattcatgg atgattggcc taaaagtcag tctgatcggt ctgctgtttc   1200
ttggcctgaa cttgatcagc aatctgagag aaccagcta tcgatttcaa tccccatggc   1260
tcttcgagac ttcatgtcat ctacttcctc ccaaacaat gaaaagtc cttctctccc   1320
attgagatta tcacgagaat ttgatccaat acagatggga ctgggagtgagg gaggtggagg   1380
tggtggtatt gccaacgaac caaaccaag gcaagccaac tggattccca tttcttgggg   1440
aacttcaatg ggtggtcgc tcggggagggt cttgcacaac accaataaca atgcagcagc   1500
agagtgcgaag accacgtcat cgtgaacct gatgacctat agatgggaca acagtccctg   1560
tataggttca tctccaaactg ggggtttaca aaagtcagcg tttgcttccc tttcaaatag   1620
cagtgcggga agcagcccaa gagcagagaa caagaccaat gaaggtggca gtctctgcaa   1680
tgacctcctt ggatccacta ttgtgcattc ttcttcattg cctgccatgt aactctgttg   1740
atctgctgcc atccaagaag tctcctgtca tcgtagctga caaaacatgg agcactttgt   1800
ttttgaagtt gt   1812

```

```

<210> 76
<211> 529
<212> PRT
<213> Populus tremuloides

```

```

<400> 76

```

```

Met Leu Leu Glu Gln Ser Asn Thr Ser Leu Leu Lys Ser Ser Ser Asn
1           5           10           15

Phe Leu Phe Ala Asp Gly Gln Gln Gln Gln Gln Met Leu Ser Phe
20           25           30

Ser Tyr Pro Arg Ser Ala Pro Ser Ala Glu Arg Ser Ser Gln Asn Gly
35           40           45

Thr Leu Pro Ser Gly Ile Tyr Asn Ala Ala Ser Met His Gly Val Leu
50           55           60

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

His Gln Ala Leu Ile Tyr Lys Tyr Ile Ala Ala Asn Val Pro Ile Pro
85           90           95

Ser Asn Leu Leu Leu Pro Ile Arg Lys Ala Leu Asp Ser Ala Gly Phe
100          105          110

Pro Ser Phe Ser Ala Gly Phe Phe Arg Pro Asn Thr Leu Pro Trp Gly
115          120          125

```

Ala Phe His Met Gly Phe Ser Ser Asn Thr Asp Pro Glu Pro Gly Arg
130 135 140

Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Ser Arg Asp Ala Val
145 150 155 160

Ala Asp Gln Lys Tyr Cys Glu Arg His Met Asn Arg Gly Arg His Arg
165 170 175

Ser Arg Lys Pro Val Glu Gly Gln Ser Gly His Ser Ala Ala Ala Ala
180 185 190

Thr Thr Val Lys Pro Ala Asn Gly Thr Ser Ser Ser Thr Ser Ser Ser
195 200 205

Val Val Gly Leu Arg Ser Thr Val Ser Asp Ser Leu Thr Ile Ala His
210 215 220

Asn Gln Gln Gln Ala Ala Ser Pro Ser Asn Leu Ser Ala Ser Asn Thr
225 230 235 240

Leu Ser Arg Met Phe Leu Thr Lys Glu Asn Val Gly Glu Arg Thr Gln
245 250 255

Asp Ala Thr Ala Leu Ser Met Leu Arg Ser Asn Met Asp Leu Lys Ser
260 265 270

Lys Glu Thr Pro Phe Phe Ile Ser Lys Gln Gln Asn Ser Tyr Gly Glu
275 280 285

Ser Leu Arg Asn Glu Phe Gly Leu Val Thr Ser Asp Ser Leu Leu Asn
290 295 300

His Ser Gln Lys Ser Ser Ser Leu Met Ser Cys Arg Asn Phe Gly Ser
305 310 315 320

Ser Gln Asp Leu Thr Asp Gln Glu Ser Val Ser Gln His Ser Leu Arg
325 330 335

Gln Phe Met Asp Asp Trp Pro Lys Ser Gln Ser Asp Arg Ser Ala Val
340 345 350

Ser Trp Pro Glu Leu Asp Gln Gln Ser Glu Arg Thr Gln Leu Ser Ile
355 360 365

Ser Ile Pro Met Ala Pro Ala Asp Phe Met Ser Ser Thr Ser Ser Pro
370 375 380

Asn Asn Glu Lys Val Thr Leu Ser Pro Leu Arg Leu Ser Arg Glu Phe
385 390 395 400

Asp Pro Ile Gln Met Gly Leu Gly Val Gly Gly Gly Gly Gly Ile
405 410 415

Ala Asn Glu Pro Asn Gln Arg Gln Ala Asn Trp Ile Pro Ile Ser Trp
420 425 430

Gly Thr Ser Met Gly Gly Pro Leu Gly Glu Val Leu His Asn Thr Asn
435 440 445

Asn Asn Ala Ala Ala Glu Cys Lys Thr Thr Ser Ser Leu Asn Leu Met
450 455 460

Thr	Tyr	Arg	Trp	Asp	Asn	Ser	Pro	Arg	Ile	Gly	Ser	Ser	Pro	Thr	Gly
465					470					475					480
Val	Leu	Gln	Lys	Ser	Ala	Phe	Ala	Ser	Leu	Ser	Asn	Ser	Ser	Ala	Gly
				485					490					495	
Ser	Ser	Pro	Arg	Ala	Glu	Asn	Lys	Thr	Asn	Glu	Gly	Gly	Ser	Leu	Cys
			500					505					510		
Asn	Asp	Leu	Leu	Gly	Ser	Thr	Ile	Val	His	Ser	Ser	Ser	Leu	Pro	Ala
		515					520						525		

Met

<210> 77
 <211> 1017
 <212> ДНК
 <213> Populus tremuloides

<400> 77
 agt gat gacc atg agg tgc c att tac agt atc gca atg caa ga act gg aac at ca agc 60
 ttg at ctat aag tac atg tgg cag gtct gct gtt cct cct gat cttg tgc tcc ctat 120
 tcag agg agt ttg agtcca ttctcatag attcttcac catccc gcca tgg gctattg 180
 cactttctat gggaagaagg tggatccgga gccaggtcaa tgcaggagga ccgacggcaa 240
 gaagtggagg tgctccaaag atgcataccc gggctccaag tactgtgagc gccacatgca 300
 ccgtggccgc aaccgttcaa gaaaggctgt ggaatcaca accatgacac agtcacgtc 360
 cactgtgaca tca ctgactg taacaggaag cagcagtggg acagggagct tccagaacct 420
 tccactgccc acatattgta atccccagg cactggttct ggacctaac aatccatta 480
 tcatatgaac tgcattcccc gtggaatccc aactaaagat tgcaggtatc ttcaaggact 540
 gaagactgag ggtggcgagc atagcttctt gtctgaacct tcaggatgca aaaggggtct 600
 ccagaaggac tcacagctag acaatgcctg gtctttgatg ctatccagag gctcatcatt 660
 cccacagag aaatcgactg acgactcgac gttgaagaat gattatcccc agcattcatt 720
 ttctagtagt gatttcacca ccggagaacc cgtgaaacac gaagggcagt ctcttcgacc 780
 cttctttgac gagtggcctg aggaccagga catttggtct ggcctcaaag ataatagatc 840
 caactccacc tcattctcta caacgaagct gtcgatgtcc attccaattg cctcatctgg 900
 cttctccaca agttctcgtt ctccacaaga aaactgagag gacagaatga gaatttaca 960
 agcacgatca aaggatgatc tcaaccaaag attggtgtgt taacttgaaa actccta 1017

<210> 78
 <211> 310
 <212> PRT
 <213> Populus tremuloides

<400> 78

Met Thr Met Arg Ser Pro Phe Thr Val Ser Gln Trp Gln Glu Leu Glu

```

1             5             10             15
His Gln Ala Leu Ile Tyr Lys Tyr Met Val Ala Gly Leu Pro Val Pro
      20             25             30
Pro Asp Leu Val Leu Pro Ile Gln Arg Ser Phe Glu Ser Ile Ser His
      35             40             45
Arg Phe Phe His His Pro Ala Met Gly Tyr Cys Thr Phe Tyr Gly Lys
      50             55             60
Lys Val Asp Pro Glu Pro Gly Gln Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys
      65             70             75             80
Trp Arg Cys Ser Lys Asp Ala Tyr Pro Gly Ser Lys Tyr Cys Glu Arg
      85             90             95
His Met His Arg Gly Arg Asn Arg Ser Arg Lys Ala Val Glu Ser Gln
      100            105            110
Thr Met Thr Gln Ser Ser Ser Thr Val Thr Ser Leu Thr Val Thr Gly
      115            120            125
Ser Ser Ser Gly Thr Gly Ser Phe Gln Asn Leu Pro Leu Arg Thr Tyr
      130            135            140
Gly Asn Pro Gln Gly Thr Gly Ser Gly Pro Asn Gln Ser His Tyr His
      145            150            155            160
Met Asn Cys Ile Pro Arg Gly Ile Pro Thr Lys Asp Cys Arg Tyr Leu
      165            170            175
Gln Gly Leu Lys Thr Glu Gly Gly Glu His Ser Phe Leu Ser Glu Pro
      180            185            190
Ser Gly Cys Lys Arg Gly Leu Gln Lys Asp Ser Gln Leu Asp Asn Ala
      195            200            205
Trp Ser Leu Met Leu Ser Arg Gly Ser Ser Phe Pro Thr Glu Lys Ser
      210            215            220
Thr Asp Asp Ser Thr Leu Lys Asn Asp Tyr Pro Gln His Ser Phe Phe
      225            230            235            240
Ser Ser Asp Phe Thr Thr Gly Glu Pro Val Lys His Glu Gly Gln Ser
      245            250            255
Leu Arg Pro Phe Phe Asp Glu Trp Pro Glu Asp Gln Asp Ile Trp Ser
      260            265            270
Gly Leu Lys Asp Asn Arg Ser Asn Ser Thr Ser Phe Ser Thr Thr Lys
      275            280            285
Leu Ser Met Ser Ile Pro Ile Ala Ser Ser Gly Phe Ser Thr Ser Ser
      290            295            300
Arg Ser Pro Gln Glu Asn
305            310
<210> 79
<211> 1221
<212> ДНК
<213> Populus tremuloides

```

```

<400> 79
acaaccctct gcaaagatgc caaaactcct catggatccc catcaaccac aacaacatcc 60
acactcatct gggctctgctg ccttcctttt gttctaccc gagcccagct gcaaaaatag 120
taacctgtca gcatttcctg attcaaacac agctgcaaac accagacttc ctaagatcat 180
ggggaattac tttagcctgg aacagtggca agagctagag ctgcaggctt tgatctacag 240
attcatgtta gccggtgcag ctattcctcc ggagctcctc caaccaatca agaaaaccct 300
tcttcattct caccctcctc catattcctc ccatcatcct cttcaattac attgctctta 360
ttatcagcca tcttggtatt ggggaagagc agccatggat ccggagccag gtcgggtgccg 420
gagaacagat gggaagaaat ggcggtgctc cagagacgtg gtggcagggc acaagtattg 480
cgagcgccac ttgcaccgtg gccgcaaccg ttcaagaaag cctgtggaaa atcccacacc 540
tacaatatcc actaacatca cttgcattgg tattggaggt gcgggtggta ccgcatcagc 600
tgctgctttc aattgcagca ccacaccaac catatcagag gtggtcaatg agactcattt 660
ttcgcataca ctagaatccc ctccatttca tctcaatcat agctccaaaa ctgaaagcaa 720
gggcttaatt ggaccaccac ctccaaatga ggttggtaac aggtctgatg gccacattct 780
gtggcatttt tttgatgact ggccacgata cgttgatgaa tccgacaata tgaatgctgg 840
aagctcaatg aactctttaa cctgcctctc cgtttcaatg cctggaaact caccagcatc 900
agatgtgtca ttgaaattgt ccactgggaa taatattgca gaggaggagc cggagccagt 960
cccagccccg atccctagag gcaatacaag caattgggct gctgcaggat ggggcacaaa 1020
aattacaaac caggtggtga cttcaatggg gggacctctt gctgaggcgc tgaggctctc 1080
cactacaaa ctcattctcc acgaatgttc tgcaccagtt atgtcgcccc actgtttctg 1140
aaacttgatc tatttttaggt tagtttggtg ttagtaaca catgcatgca tacacacaca 1200
cacacacaca cacacatc a 1221

```

```

<210> 80
<211> 377
<212> PRT
<213> Populus tremuloides

```

```

<400> 80
Met Asp Phe His Leu Lys Gln Trp Arg Asn Gln His Glu Glu Ser Gly
1          5          10          15
Gln Gln Pro Ser Ala Lys Met Pro Lys Leu Leu Met Asp Pro His Gln
20          25          30
Pro Gln Gln His Pro His Ser Ser Gly Ser Ala Ala Phe Pro Leu Phe
35          40          45
Leu Pro Glu Pro Ser Cys Lys Asn Ser Asn Leu Ser Ala Phe Pro Asp
50          55          60

```

```

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

Phe Ser Leu Glu Gln Trp Gln Glu Leu Glu Leu Gln Ala Leu Ile Tyr
                               85                               90                               95

Arg Phe Met Leu Ala Gly Ala Ala Ile Pro Pro Glu Leu Leu Gln Pro
                               100                              105                              110

Ile Lys Lys Thr Leu Leu His Ser His Pro Pro Pro Tyr Phe Leu His
                               115                              120                              125

His Pro Leu Gln Leu His Cys Ser Tyr Tyr Gln Pro Ser Trp Tyr Trp
                               130                              135                              140

Gly Arg Ala Ala Met Asp Pro Glu Pro Gly Arg Cys Arg Arg Thr Asp
145                               150                              155                              160

Gly Lys Lys Trp Arg Cys Ser Arg Asp Val Val Ala Gly His Lys Tyr
                               165                              170                              175

Cys Glu Arg His Leu His Arg Gly Arg Asn Arg Ser Arg Lys Pro Val
                               180                              185                              190

Glu Asn Pro Thr Pro Thr Ile Ser Thr Asn Ile Thr Cys Ile Gly Ile
                               195                              200                              205

Gly Glu Leu Asp Gln Thr Thr Phe Ser Leu Phe Cys Phe Cys Phe Asn
210                               215                              220

Leu Leu Ala His Pro Tyr Cys Ser Ser Lys Thr Glu Ser Lys Gly Leu
225                               230                              235                              240

Ile Gly Pro Pro Pro Pro Asn Glu Val Gly Asn Arg Ser Asp Gly His
                               245                              250                              255

Ile Leu Trp His Phe Phe Asp Asp Trp Pro Arg Ser Val Asp Glu Ser
                               260                              265                              270

Asp Asn Met Asn Ala Gly Ser Ser Met Asn Ser Leu Thr Cys Leu Ser
                               275                              280                              285

Val Ser Met Pro Gly Asn Ser Pro Ala Ser Asp Val Ser Leu Lys Leu
                               290                              295                              300

Ser Thr Gly Asn Asn Ile Ala Glu Glu Glu Pro Glu Pro Val Pro Ala
305                               310                              315                              320

Pro Ile Pro Arg Gly Asn Thr Ser Asn Trp Ala Ala Ala Gly Trp Gly
                               325                              330                              335

Thr Lys Ile Thr Asn Gln Val Val Thr Ser Met Gly Gly Pro Leu Ala
                               340                              345                              350

Glu Ala Leu Arg Ser Ser Thr Thr Lys Leu Ile Ser His Glu Cys Ser
                               355                              360                              365

Ala Pro Val Met Ser Pro His Cys Phe
                               370                              375

```

```

<210> 81
<211> 1280
<212> ДНК

```


<213> Populus tremuloides

<400> 81

```

gcgctcgctt gtgttggtt gacaggagaa atgacacccat ctgtgaatga gagagtgtt      60
tttacagctg ctcagtggca agaacttgaa agacaaacca cgattttaca gtacatgatg      120
gcttctgttc ctgtccctcc tgaactcctt ataccccatca ccaaaaatca atcaaatgtc      180
cttctctcac ggtctaacag ttcactagaa ctgggaattc ctacgctgaa ctcatcagat      240
gcagaacccat ggagatgcaa aagaactgat gggaaaaaat ggaggtgttc aagagatgtg      300
gcacctgacc agaaatactg tgagaggcac tctcataaga gccgtccccg ttcaagaaaag      360
cctgtggaat tacacactca tgactccccg aggacattga ccaacaataa cactaacacc      420
aacaatagca attactccac taatccacac ctgtttaatc aaaaacctta ctttccaagc      480
catttattta tgtttcttag tgccatggcc ccttctgcca gctcatatga tcaaccagg      540
agcttgaat ggctcttgaa aggcgagatt ttaccctgtt ccagtaatta cagccaagaa      600
tggcagcatt tgaagagaga cagcatcaag ggtaatggca aagtgtacaa cgtttatgga      660
gaagagcagc cgctttgttc aaatacatat agaggtggcc attcattaca agctcagagg      720
ctaatgatc attgcagcgt gttatcaagt cccaaatcaa ctactttgga aagggtttaa      780
agtcctagcc tgaccaaga acaagagaca aggcacttca ttgatgcttg gtcaactaat      840
tcaggagag acgacattgg tgggattggt aaaaaaagt acgtttcttc aagtgagaag      900
ttagtattgc cacattcagc tcttaccattg tcaatgtcac ctggcactgg aagtgaaact      960
aataatgaag gaaatgggag tgctcaactg agtagttttg ggatcatggg attatcagat     1020
agagatcatc agagtgcgag tggcttgaga cctcagtgga tgatgagtca tgggtggttca     1080
tggaatagat caccacctgg tggaccatta gctgaagcct tgtgtcttgg catttccagc     1140
aatgcaaaaa ctgcttccaa ttaccatcc ccttcagca gtagctgtgg cccaatttaa     1200
tgtcaacaaa aaccaaccgc tatagtttgt tgtaaatctt ggctgggtag aggccagagg     1260
gtagaagcta atgtggccca                                     1280

```

<210> 82

<211> 513

<212> PRT

<213> Populus tremuloides

<400> 82

```

Met Arg Ser Ser Trp Ser Arg Thr Arg Ser Gly Val Phe Val Asp Asp
1           5           10           15

Ile Gly Leu Gly Leu Arg Met Gln Asp Asn Leu Glu Ser Cys Ser Gly
          20           25           30

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

```

```

Ala His Glu Leu Ser Ser Ser Ser Cys Ser Gly Gly Gly Gly Gly Ser
 50                               55                               60

Gly Pro Leu Phe Tyr Ser Thr Ser Asn His Val Thr Cys Leu Gly Asp
65                               70                               75                               80

Ile Lys Asp Val Val Ala Ser Val Ser Ala Ser Gly Thr Gly Thr Pro
                        85                               90                               95

Asp Ala Ile Ala Glu Ser Lys Ser Leu Gln Tyr Pro Tyr Phe Ile Ser
                        100                               105                               110

Asp Ser Ser Pro Phe Thr Phe Asn Ser Ser Gly Glu Met Thr Pro Ser
      115                               120                               125

Val Asn Glu Arg Val Leu Phe Thr Ala Ala Gln Trp Gln Glu Leu Glu
      130                               135                               140

Arg Gln Thr Thr Ile Tyr Lys Tyr Met Met Ala Ser Val Pro Val Pro
145                               150                               155                               160

Pro Glu Leu Leu Ile Pro Ile Thr Lys Asn Gln Ser Asn Val Leu Pro
                        165                               170                               175

Pro Arg Ser Asn Ser Ser Leu Glu Leu Gly Ile Pro Ser Leu Asn Ser
      180                               185                               190

Ser Asp Ala Glu Pro Trp Arg Cys Lys Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp
      195                               200                               205

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

Ser His Lys Ser Arg Pro Arg Ser Arg Lys Pro Val Glu Leu His Thr
225                               230                               235                               240

His Asp Ser Pro Arg Thr Leu Thr Asn Asn Asn Thr Asn Thr Asn Asn
      245                               250                               255

Ser Asn Tyr Ser Thr Asn Pro His Leu Phe Asn Gln Lys Pro Tyr Phe
      260                               265                               270

Pro Ser His Leu Phe Met Phe Pro Ser Ala Met Ala Pro Ser Ala Ser
      275                               280                               285

Ser Tyr Asp Gln Pro Arg Ser Leu Glu Trp Leu Leu Lys Gly Glu Ile
      290                               295                               300

Leu Pro Val Ala Ser Asn Tyr Ser Gln Glu Trp Gln His Leu Lys Arg
305                               310                               315                               320

Asp Ser Ile Lys Gly Asn Gly Lys Val Tyr Asn Val Tyr Gly Glu Glu
      325                               330                               335

Gln Pro Leu Cys Ser Asn Thr Tyr Arg Gly Gly His Ser Leu Gln Ala
      340                               345                               350

Gln Arg Leu Asn Asp His Cys Ser Val Leu Ser Ser Pro Lys Ser Thr
      355                               360                               365

Thr Leu Glu Arg Ala Leu Ser Pro Ser Leu Thr Gln Glu Gln Glu Thr
      370                               375                               380

```

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

Asn

<210> 83
 <211> 1623
 <212> ДНК
 <213> Saccharum officinarum

<400> 83
 ccagcatcca ctctctcatc agcagcctct tcttcttctc ccccaaatga gtgctgagtt 60
 ttgtgctgct gcgggcatgg agctcggagt cggggatgtg atggggctgc agcaaggcat 120
 cgccatcacc gcgccatcgc ccaggggagc cggcgacctg ggtcttctca agcgagcagc 180
 cctcaccagc gcagcagctg gccctacccc ctcccccttc ctgcacgaac agaagatgct 240
 cagggttctcc aaggcggctc acacattgcc ctccaggcta ggcttgatt ttggaggccc 300
 aagcgagcag gctttcctgc tgtccaggac caagaggcca ttactccct cgcagtggat 360
 ggagctggag caccagctc tgatatacaa gtatctcaat gcaaaggccc ccataccttc 420
 cagcctgctc atttcaatca gcaagagctt cagatcatcc aatagagtga gctggaggcc 480
 tctctatcaa ggctacacaa atgcagactc tgaccagag cctggaagat gccgacgaac 540
 agatggaaag aagtggcgat gctccaagga ggcaatggct gatcacaagt actgtgagcg 600
 gcacatcaac agaaaccgtc accgttcaag aaagcctgtg gaaaaccaac caaaaagac 660
 caccaaggag gtgcctgctg ctgctagctc attgccatgt gctggggccac aaggttgctt 720
 gaagaaggca aaagttaatg actccaagcc aggcactgtc agctgttgga cagatagttt 780
 aaacaggaca atgttgagca gagagaaagc aaacaaaccg acggaggaca actctttgct 840
 gcttaattct acgaatagcc agcccacctt gtcctgctc tctcaactga agcagcagaa 900

```

caaaccagat aagttaggtc ccacactgga aaatgagtca aactcagaca caatactgaa 960
agcctgggggt ggcaaccagc ctagccacaa gagcatttcc tccacacagc accatgatgc 1020
tgaatccctc caatcagtc ttcaaaattt cagcctagcc cagaatgaga agatggagtc 1080
agaaaagaac aaatattctg attccatgct agtttcatcg actttctatt ctgcagacgg 1140
tccacgatct acctgcctta cacctaacat gacacaagtg cagcaggatt gcatatcaag 1200
ctcttgggag atgcctcaag gtggacctct aggcgagatc ttaaccaact ccaagaatag 1260
tgaggactta agcaagtgtg aatcaaggtc atatggttgg ttattgaatc ttgaccatgc 1320
accatgattc ctcaatccat ggagagcttg acatagatgt ctccacatgg aagcaaacia 1380
tggtcagaaa aagaaggttc aaatgaccac attgtttgcc ccatgcatgc tcgctatcta 1440
catttgtatt tctgttttgt agcatttagc tagttgaatt atcagttctt ctgaatctgg 1500
ctgtatttta aacaaattct agtttgtgtc agatgatatc ttgcttgcta gatgtttcat 1560
gtctaacttt caacaggaac ttcagagatc cattttgatc aacagaaaac tgtttgaaga 1620
acc 1623

```

```

<210> 84
<211> 426
<212> PRT
<213> Saccharum officinarum

```

<400> 84

```

Met Ser Ala Glu Phe Cys Ala Ala Ala Gly Met Glu Leu Gly Val Gly
1           5           10           15

Asp Val Met Gly Leu Gln Gln Gly Ile Ala Ile Thr Ala Pro Ser Pro
20          25          30

Arg Gly Ser Gly Asp Leu Gly Leu Leu Lys Arg Ala Ala Leu Thr Gln
35          40          45

Ala Ala Ala Gly Pro Tyr Pro Ser Pro Phe Leu Asp Glu Gln Lys Met
50          55          60

Leu Arg Phe Ser Lys Ala Ala His Thr Leu Pro Ser Gly Leu Gly Leu
65          70          75          80

Asp Phe Gly Gly Pro Ser Glu Gln Ala Phe Leu Leu Ser Arg Thr Lys
85          90          95

Arg Pro Phe Thr Pro Ser Gln Trp Met Glu Leu Glu His Gln Ala Leu
100         105         110

Ile Tyr Lys Tyr Leu Asn Ala Lys Ala Pro Ile Pro Ser Ser Leu Leu
115         120         125

Ile Ser Ile Ser Lys Ser Phe Arg Ser Ser Asn Arg Val Ser Trp Arg
130         135         140

Pro Leu Tyr Gln Gly Tyr Thr Asn Ala Asp Ser Asp Pro Glu Pro Gly
145         150         155         160

```

Arg Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Ser Lys Glu Ala
 165 170 175
 Met Ala Asp His Lys Tyr Cys Glu Arg His Ile Asn Arg Asn Arg His
 180 185 190
 Arg Ser Arg Lys Pro Val Glu Asn Gln Pro Lys Lys Thr Thr Lys Glu
 195 200 205
 Val Pro Ala Ala Ala Ser Ser Leu Pro Cys Ala Gly Pro Gln Gly Cys
 210 215 220
 Leu Lys Lys Ala Lys Val Asn Asp Ser Lys Pro Gly Thr Val Ser Cys
 225 230 235 240
 Trp Thr Asp Ser Leu Asn Arg Thr Met Leu Ser Arg Glu Lys Ala Asn
 245 250 255
 Lys Pro Thr Glu Asp Asn Ser Leu Leu Leu Asn Ser Thr Asn Ser Gln
 260 265 270
 Pro Thr Leu Ser Leu Leu Ser Gln Leu Lys Gln Gln Asn Lys Pro Asp
 275 280 285
 Lys Leu Gly Pro Thr Leu Glu Asn Glu Ser Asn Ser Asp Thr Ile Leu
 290 295 300
 Lys Ala Trp Gly Gly Asn Gln Pro Ser His Lys Ser Ile Ser Ser Thr
 305 310 315 320
 Gln His His Asp Ala Glu Ser Leu Gln Ser Val Leu Gln Asn Phe Ser
 325 330 335
 Leu Ala Gln Asn Glu Lys Met Glu Ser Glu Lys Asn Lys Tyr Ser Asp
 340 345 350
 Ser Met Leu Val Ser Ser Thr Phe Tyr Ser Ala Asp Gly Pro Arg Ser
 355 360 365
 Thr Cys Leu Thr Pro Asn Met Thr Gln Val Gln Gln Asp Cys Ile Ser
 370 375 380
 Ser Ser Trp Glu Met Pro Gln Gly Gly Pro Leu Gly Glu Ile Leu Thr
 385 390 395 400
 Asn Ser Lys Asn Ser Glu Asp Leu Ser Lys Cys Glu Ser Arg Ser Tyr
 405 410 415
 Gly Trp Leu Leu Asn Leu Asp His Ala Pro
 420 425

<210> 85
 <211> 1515
 <212> ДНК
 <213> Vitis vinifera

<400> 85
 atgatgatga gtgcaagaaa caggtctcct ttcacagcat cacagtggca agagcttgaa 60
 catcaagctc ttatcttcaa atatatagtg tcaggagtac caatcccagc tgatctcatc 120
 tgcactgtca aaagaagctt ggactcttca ttgtcttcaa ggctatttcc tcaccaaccc 180

```

attgggtggg gttgttttca gatggggttt ggcaggaaag cagacccaga gccaggagg 240
tgcagaagaa ctgatggcaa gaaatggagg tgctccaaag aagcatacce agattcaaaa 300
tactgtgaga gacacatgca cagaggcaaa aaccgttcaa gaaagcctgt ggaagttatt 360
tcagctacaa acccttcacc aaccatctca tcaatcaact caaatccttc ctccaccacc 420
accaatttctt actctctctc tcctctctct cctctctctt cttcaatgac ttctgaaacc 480
tcccatcccc atcaccattc ctaccacaac acctctcttt atcccttcct ctaccctcac 540
ccctctctct ctagacctcc tggttcttgc ctatcacctc aagccaccag cagttacagc 600
acccatcctc tgtttttgga ctctgggtct tattcccagg ctgataggga ttacaggggt 660
gtggatgaga gagctttctt ccagaagct tcagggactg taaggggcct acatgattca 720
tatactccat taacaatgag ttctccaag ggatactctc actttcagta tcaaagcccc 780
gctgataatc ccaaacagca gcaagaacag caagagcagc agcactgctt tgtcttgggc 840
actgatttca aatcgtcaag gccaatataa gtagagagag atgatgaagc ccagaagcct 900
ctccaccatt tctttggaga gtggcctcta aagaacagag actcctggct tgaccttgag 960
gaggatccac caaccatgc atcattctcc accaccagc tctcaatttc aatcccaatg 1020
tcctcacaca agcttcttgc atcggattcc agaatecaaa ctggtactta gacttcactt 1080
cagatttggc cttcttgcct tttattttcc cttttctgct aagtctcctc ttctacttca 1140
tttttcccc ttgtgcagat ggatgagttc tcaatactgg ttcttctgat catggccaaa 1200
aaagtacttg tactggtggg ttcaatgctt ttcttgttga ttttgtgact gaaggaagtt 1260
tcttttgcca aatgtgcgga tgaataatgt agggcctata ggaggattct tgtctttgtg 1320
ctttctgagt tgctaatttt cattcttctc tttaagaaa catgtttgaa tttgtagact 1380
tgtttgtttg acaggaagca tcttgatatg gtttttgagt ttgagtttga gttgttctct 1440
aatctctatg ttgttttgtg agttgtggcc accttttctt ttcccttttg cttctgctta 1500
ttgtacttca gaaag 1515

```

```

<210> 86
<211> 356
<212> PRT
<213> Vitis vinifera

```

<400> 86

```

Met Met Met Ser Ala Arg Asn Arg Ser Pro Phe Thr Ala Ser Gln Trp
1          5          10          15

Gln Glu Leu Glu His Gln Ala Leu Ile Phe Lys Tyr Ile Val Ser Gly
20          25          30

Val Pro Ile Pro Ala Asp Leu Ile Cys Thr Val Lys Arg Ser Leu Asp
35          40          45

Ser Ser Leu Ser Ser Arg Leu Phe Pro His Gln Pro Ile Gly Trp Gly

```

50	55	60
Cys Phe Gln Met Gly Phe Gly Arg Lys Ala Asp Pro Glu Pro Gly Arg		
65	70	75 80
Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Ser Lys Glu Ala Tyr		
	85	90 95
Pro Asp Ser Lys Tyr Cys Glu Arg His Met His Arg Gly Lys Asn Arg		
	100	105 110
Ser Arg Lys Pro Val Glu Val Ile Ser Ala Thr Asn Pro Ser Pro Thr		
	115	120 125
Ile Ser Ser Ile Asn Ser Asn Pro Ser Ser Thr Thr Thr Asn Ser Tyr		
	130	135 140
Ser Leu Ser Pro Leu Ser Pro Leu Ser Ser Ser Met Thr Ser Glu Thr		
	145	150 155 160
Ser His Pro His His His Ser Tyr His Asn Thr Ser Leu Tyr Pro Phe		
	165	170 175
Leu Tyr Pro His Pro Ser Ser Ser Arg Pro Pro Gly Ser Cys Leu Ser		
	180	185 190
Pro Gln Ala Thr Ser Ser Tyr Ser Thr His His Leu Phe Leu Asp Ser		
	195	200 205
Gly Ser Tyr Ser Gln Ala Asp Arg Asp Tyr Arg Gly Val Asp Glu Arg		
	210	215 220
Ala Phe Phe Pro Glu Ala Ser Gly Thr Val Arg Gly Leu His Asp Ser		
	225	230 235 240
Tyr Thr Pro Leu Thr Met Ser Ser Ser Lys Gly Tyr Ser His Phe Gln		
	245	250 255
Tyr Gln Ser Pro Ala Asp Asn Pro Lys Gln Gln Gln Glu Gln Gln Glu		
	260	265 270
Gln Gln His Cys Phe Val Leu Gly Thr Asp Phe Lys Ser Ser Arg Pro		
	275	280 285
Ile Lys Val Glu Arg Asp Asp Glu Ala Gln Lys Pro Leu His His Phe		
	290	295 300
Phe Gly Glu Trp Pro Leu Lys Asn Arg Asp Ser Trp Leu Asp Leu Glu		
	305	310 315 320
Glu Asp Pro Pro Thr His Ala Ser Phe Ser Thr Thr Gln Leu Ser Ile		
	325	330 335
Ser Ile Pro Met Ser Ser His Lys Leu Leu Ala Ser Asp Ser Arg Ile		
	340	345 350
Gln Thr Gly Thr		
	355	
<210>	87	
<211>	945	
<212>	ДНК	
<213>	Zea mays	

```

<400> 87
agagcgccgt atcacctgtc tctccgtcca cgcgcgtctc gatccgcgcc aaagatacct    60
ttccccacc ccttcctcgc gccgccgttt ggtgcgacca tgacggcgga gggggaggcc    120
aagaacccgt cggccggtgg cggaggggat aacccccagc accagcaggc tgcgccggcg    180
ccggcgccgg cacaggggga agtggcgag gaggtgcag tgcaggggac gggacaagag    240
caggagcggg acaaggcgga tcgagaggtg caggcgcgcg cgggggagaa ggacgacggc    300
gcgtgcagag atctggctct ggtcgaggat ccggaggtcc tcgccgtcga ggatccggag    360
gaagctgcag caaccgcagc actccaggaa gaaatgaaag cgcttggtggc atcgatccct    420
gatggtgctg gagcagcatt cacagccatg cagcttcagg agctagagca gcagtcccgg    480
gtgtaccagt acatggctgc ccgagtacct gtgcctactc acctcgtctt cccggtatgg    540
aagagtgtga ccggtgcacg ctctgaaggc gccagaagt accctacttt gatggggctta    600
gcaacgctct gcttggactt tgggaagaac ccggaaccag aaccagggag gtgtcggcga    660
acagatggta agaaatggcg atgttgaga aacactatcc caaacgagaa atactgcgaa    720
cgtcacatgc atcgtggccg caagcgtcct gtacaggttt tcctggagga cgacgagccc    780
gattctgctt cagggcmeta acccgccgct cctggcaagg ctaccgaagg tgccaagaag    840
gccgatgaca agagcccaag cagcaagaag cttgcagtgg cagcgcctgc cgctgtgcag    900
tctacatagt caattgcagc tttagtagcc cgcagaaaga gcata                      945

```

```

<210> 88
<211> 269
<212> PRT
<213> Zea mays

```

```

<400> 88
Met Thr Ala Glu Gly Glu Ala Lys Asn Pro Ser Ala Gly Gly Gly Gly
1          5          10          15
Asp Asn Pro Gln His Gln Gln Ala Ala Pro Ala Pro Ala Pro Ala Gln
20          25          30
Gly Glu Val Ala Gln Glu Ala Ala Val Gln Gly Thr Gly Gln Glu Gln
35          40          45
Glu Arg Asp Lys Ala Asp Arg Glu Val Gln Gly Gly Ala Gly Glu Lys
50          55          60
Asp Asp Gly Ala Cys Arg Asp Leu Val Leu Val Glu Asp Pro Glu Val
65          70          75          80
Leu Ala Val Glu Asp Pro Glu Glu Ala Ala Ala Thr Ala Ala Leu Gln
85          90          95
Glu Glu Met Lys Ala Leu Val Ala Ser Ile Pro Asp Gly Ala Gly Ala
100         105         110
Ala Phe Thr Ala Met Gln Leu Gln Glu Leu Glu Gln Gln Ser Arg Val

```


115	120	125
Tyr Gln Tyr Met Ala Ala Arg Val Pro Val Pro Thr His Leu Val Phe		
130	135	140
Pro Val Trp Lys Ser Val Thr Gly Ala Ser Ser Glu Gly Ala Gln Lys		
145	150	155
Tyr Pro Thr Leu Met Gly Leu Ala Thr Leu Cys Leu Asp Phe Gly Lys		
165	170	175
Asn Pro Glu Pro Glu Pro Gly Arg Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys		
180	185	190
Trp Arg Cys Trp Arg Asn Thr Ile Pro Asn Glu Lys Tyr Cys Glu Arg		
195	200	205
His Met His Arg Gly Arg Lys Arg Pro Val Gln Val Phe Leu Glu Asp		
210	215	220
Asp Glu Pro Asp Ser Ala Ser Gly Ser Lys Pro Ala Ala Pro Gly Lys		
225	230	235
Ala Thr Glu Gly Ala Lys Lys Ala Asp Asp Lys Ser Pro Ser Ser Lys		
245	250	255
Lys Leu Ala Val Ala Ala Pro Ala Ala Val Gln Ser Thr		
260	265	

<210> 89
 <211> 1372
 <212> ДНК
 <213> Zea mays

<400> 89	
gcctctgaca ccagcacaaa cctggagact actactagta ttggagtccc ctccacttcc	60
acctcccttg ccactgaagc gagagctctc ggagccgtcg tctctgtctc ctcatccttc	120
ttcgttggtg agcaaagcgg gctcgaggag gagatgatgc tgagcgggca cggcggcggg	180
agggcgctgt tcacggcgtc gcagtggcag gagctggagc accaggcgct catcttcaaa	240
tacatggcct ccggcgcgcc cgtgccgcac gacctcgtcc tgccgctccg cctcgccacc	300
ggcgctcgaca ccgcgccttc cctcgcttc cgcgccagc ctcgcccgtc gctggcgctac	360
tggggctgct atggcgcggg ggcgccgttc ggccgcaagg cggaggaccc ggagcccggg	420
cggtgccggc ggacggacgg caagaagtgg cgatgctcca gggaggccca cggagactcc	480
aagtactgcg agaagcacat ccaccgcggg aagagccgtt caagaaagcc tgtggaagtg	540
acctcccccg ccgctaccg ccgctccggg ttctccatct cgcgcctcg cgcggccgac	600
gcgcgcgcgc cgcgcgggg cctcgccac ccgcagcagc agcatctccg ccacggcgct	660
ctctctccag caggccgcgc ccacgcgct ggcgctctcc agctccacct cgactcgagc	720
ctgcacggcg cgtcgccgc gccgtcctac cacaggtacg cccactccca cgctcactac	780
acgcgcgcgc cgcgcggtc gctctacgac tacgggcagt ccaaggagct tcgggaggcg	840

gcggagctca ggcggcgcca cttccacgcg ctcggggccg acctgagcct cgacaagccg 900
ctggccgacg cggggcgccg ggagaagccc ctgcggcgtt tcttcgacga gtggccgcgg 960
gagagaggcg acacgaggcc gtcgtggcg gggcgagg acgcgacga gctctccatc 1020
tccatccccc cggttcgcc ctcctctgac cagctgcct ctgccgcgc gcgatgccac 1080
aacgatggga gtgatcgtg catctcctag ctgcaactgc aatgcaagcc tgcaaccgcg 1140
tggattgttg ttgattggtg tagtttccta gctgcaattc aagcctgcaa cagcgagcag 1200
tgagcagcaa atgcgtgggg agggcacga gctcaggctg atgcgcaaaa tccgaagcga 1260
gtcaagcagc aataggactc taggtctatg atttgatctt cctttgtagc agtacgttac 1320
caaaatgtta gctcgttgtt gtcggtgtg acattttcgt tcaggttgct cc 1372

<210> 90
<211> 318
<212> PRT
<213> Zea mays

<400> 90

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

Tyr Thr Pro Pro Pro Pro Pro Ser Leu Tyr Asp Tyr Gly Gln Ser Lys
 210 215 220
 Glu Leu Arg Glu Ala Ala Glu Leu Arg Arg Arg His Phe His Ala Leu
 225 230 235 240
 Gly Ala Asp Leu Ser Leu Asp Lys Pro Leu Ala Asp Ala Gly Ala Ala
 245 250 255
 Glu Lys Pro Leu Arg Arg Phe Phe Asp Glu Trp Pro Arg Glu Arg Gly
 260 265 270
 Asp Thr Arg Pro Ser Trp Ala Gly Ala Glu Asp Ala Thr Gln Leu Ser
 275 280 285
 Ile Ser Ile Pro Ala Ala Ser Pro Ser Ser Asp His Ala Ala Ser Ala
 290 295 300
 Ala Ala Arg Cys His Asn Asp Gly Ser Asp Arg Cys Ile Ser
 305 310 315

<210> 91
 <211> 1099
 <212> ДНК
 <213> Zea mays

<400> 91
 cgcattccgtt ctctatcgaa agggaggagg agggagcgcgc gggagtgggc tggggggccca 60
 ccgatgctga gctcggcgtc ctcggccggg gcggccatgg ggatgggagg cgggtaccaa 120
 caccagccgc tgccactgcc gcagcgcggg gcggcggcgg cgggtcttcac cgccgcgcag 180
 tgggaggagc tggagcagca ggcgctcatc tacaagtacc tcatggcggg cgtccccgtc 240
 ccgcccgatc tcctccgccc cgccccccac gccgcgcgct tctccttcgc cagccccgcc 300
 gcgtcgccct tctaccatca ccaccaccac caccgcgtcc tgagttacta cgcctactac 360
 gggaagaagc tggaccgga gccgtggcgg tgccgccgca ccgacggcaa gaagtggcgg 420
 tgctccaagg aggcgcaccc cgactccaag tactgcgagc gccacatgca ccgtggcgcg 480
 aaccgttcaa gaaagcctgt ggaatccaag accgcctcct cgccgccccg gctgtccacc 540
 gtcgtcacca ccaccaccac ccgggaggcc gccgcgcgca cggccctcga gtccctcgcg 600
 ggggaggggg gtaaggctca cggcctgtcc ctcggcggcg gggctggctc gtcgcacctc 660
 agcgtcgacg cttcgaacac tcactttcgc tatggcagca agtaccctct tggagctaaa 720
 tccgatgctg gcgagctgag cttctttcga ggagcaccag ggaactccag gggcttcacc 780
 attgattctc cagcagataa ctcttgccac tccctgccat ccaacgtgcc cccgtttaca 840
 ctgtccaagg gcagagattc tggcctcctg cctggagcgc caccagtcgt cgttcagcag 900
 cagcggggcc ggcgctggtg ggttgctggg gagcgtgaag caggagaacc agccgctgag 960
 gcccttcttc gacgagtggc ctgggacgcg ggactcgtgg tcggagatgg acgacgcgag 1020
 gtccagtagg acctccttct cgacgaccca gctctccatc tccattccga tgcccagatg 1080

tgattgagaa cgaagctcg

1099

<210> 92

<211> 321

<212> PRT

<213> Zea mays

<400> 92

Met Leu Ser Ser Ala Ser Ser Ala Gly Ala Ala Met Gly Met Gly Gly
 1 5 10 15
 Gly Tyr Gln His Gln Pro Leu Pro Leu Pro Gln Arg Gly Ala Ala Ala
 20 25 30
 Ala Val Phe Thr Ala Ala Gln Trp Ala Glu Leu Glu Gln Gln Ala Leu
 35 40 45
 Ile Tyr Lys Tyr Leu Met Ala Gly Val Pro Val Pro Pro Asp Leu Leu
 50 55 60
 Arg Pro Ala Pro His Ala Ala Ala Phe Ser Phe Ala Ser Pro Ala Ala
 65 70 75 80
 Ser Pro Phe Tyr His His His His His Pro Ser Leu Ser Tyr Tyr
 85 90 95
 Ala Tyr Tyr Gly Lys Lys Leu Asp Pro Glu Pro Trp Arg Cys Arg Arg
 100 105 110
 Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Ser Lys Glu Ala His Pro Asp Ser
 115 120 125
 Lys Tyr Cys Glu Arg His Met His Arg Gly Arg Asn Arg Ser Arg Lys
 130 135 140
 Pro Val Glu Ser Lys Thr Ala Ser Ser Pro Pro Gln Leu Ser Thr Val
 145 150 155 160
 Val Thr Thr Thr Thr Thr Arg Glu Ala Ala Ala Ala Thr Pro Leu Glu
 165 170 175
 Ser Leu Ala Gly Ala Gly Gly Lys Ala His Gly Leu Ser Leu Gly Gly
 180 185 190
 Gly Ala Gly Ser Ser His Leu Ser Val Asp Ala Ser Asn Thr His Phe
 195 200 205
 Arg Tyr Gly Ser Lys Tyr Pro Leu Gly Ala Lys Ser Asp Ala Gly Glu
 210 215 220
 Leu Ser Phe Phe Ser Gly Ala Pro Gly Asn Ser Arg Gly Phe Thr Ile
 225 230 235 240
 Asp Ser Pro Ala Asp Asn Ser Trp His Ser Leu Pro Ser Asn Val Pro
 245 250 255
 Pro Phe Thr Leu Ser Lys Gly Arg Asp Ser Gly Leu Leu Pro Gly Ala
 260 265 270
 Pro Pro Val Val Val Gln Gln Gln Arg Gly Arg Arg Trp Trp Val Ala
 275 280 285

Gly Glu Arg Glu Ala Gly Glu Pro Ala Ala Glu Ala Leu Leu Arg Arg
 290 295 300

Val Ala Trp Asp Ala Gly Leu Val Val Gly Asp Gly Arg Arg Glu Val
 305 310 315 320

Gln

<210> 93
 <211> 1328
 <212> ДНК
 <213> Zea mays

<400> 93
 cctcccggtca gcctcttctt ctccccctga tgagcgctga gttctgtgct gccgccgctg 60
 gtgctgtggc catggagctc ggagtcgggg atgtgatggg gctgcagcaa ggcatcgccg 120
 ccgccaccgg gccatcgctc ggagacagcg acctgggtct tctcaagcga gcaggcctcg 180
 cccaggcagc cacctctac ccctccctt tctcgacca acagaagatg ctcaggttct 240
 ccaaggcggc ggcggtcac acgtcgccct caggcctaga ttctggagga ggccaagcg 300
 agcaggcttt cctgctgtcc aggaccaagc ggccgttcac cccgtcgagc tggatggagc 360
 tggagcacca ggtctcata tacaagtatc tcaatgcaa ggcacctata cctccagcc 420
 tgctcgtttc catcagcaag agcttcaggt catccaacag agtgagctgg aggcctcttt 480
 accaaggcta cgcaaacgca gactccgacc cagaacctgg gaggtgccgg cggacagacg 540
 gaaagaagtg gcggtgtctt aaggaggcga tgcctgatca caagtactgc gaggccaca 600
 tcaataggaa ccgccaccgt tcaagaaagc ctgtggaaaa ccaacctaga aagaccagca 660
 aggaggtgcc taccgctgct gctggctcgt tgcctgtgct cgggccacaa ggtagcttga 720
 agaaggcaaa agttaatgac tccaagccag gcactggcag ctattggaca gatagcttaa 780
 acaggacaat gctgagcagg gagaaggcaa acaaaccgac ggaagacgag tctttgctgc 840
 ttagttctac gaagaacagc cagcccacct tgtccctgct cactcaactg aagcagcaga 900
 acaaaccaga taagttaggt cccacaccgg aaaatgagcc gaactcggac acaatgttga 960
 aagcctgggg tggcagccac cacaagaaca ttctctccac acagcgccat gacgctgaat 1020
 cctccaatc agtcctcaa aatttcagcc tagcccagaa tgacaggttg gagtcagaaa 1080
 agaacagata ttctgattcc gtgctagtct catcggtctt ctattctgca gacggtccac 1140
 aaactacctg ccttacacct aacatgacac aagtcgagca ggactgcata tcaagctcct 1200
 gggagatgcc tcaagggtga cctctaggcg agatcttaac gaactccaag attagtgagg 1260
 actcaagcaa gtgtggatct aggtcatatg gttggctatt gaatcttgac catgcaccat 1320
 gattcctc 1328

<210> 94

<211> 430
 <212> PRT
 <213> Zea mays

<400> 94

```

Met Ser Ala Glu Phe Cys Ala Ala Ala Gly Ala Val Ala Met Glu
1      5      10      15

Leu Gly Val Gly Asp Val Met Gly Leu Gln Gln Gly Ile Ala Ala Ala
20      25      30

Thr Gly Pro Ser Ser Gly Asp Ser Asp Leu Gly Leu Leu Lys Arg Ala
35      40      45

Gly Leu Ala Gln Ala Ala Thr Ser Tyr Pro Ser Pro Phe Leu Asp Gln
50      55      60

Gln Lys Met Leu Arg Phe Ser Lys Ala Ala Ala Ala His Thr Ser Pro
65      70      75      80

Ser Gly Leu Asp Phe Gly Gly Gly Pro Ser Glu Gln Ala Phe Leu Leu
85      90      95

Ser Arg Thr Lys Arg Pro Phe Thr Pro Ser Gln Trp Met Glu Leu Glu
100     105     110

His Gln Ala Leu Ile Tyr Lys Tyr Leu Asn Ala Lys Ala Pro Ile Pro
115     120     125

Ser Ser Leu Leu Val Ser Ile Ser Lys Ser Phe Arg Ser Ser Asn Arg
130     135     140

Val Ser Trp Arg Pro Leu Tyr Gln Gly Tyr Ala Asn Ala Asp Ser Asp
145     150     155     160

Pro Glu Pro Gly Arg Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys
165     170     175

Ser Lys Glu Ala Met Pro Asp His Lys Tyr Cys Glu Arg His Ile Asn
180     185     190

Arg Asn Arg His Arg Ser Arg Lys Pro Val Glu Asn Gln Pro Arg Lys
195     200     205

Thr Ser Lys Glu Val Pro Thr Ala Ala Ala Gly Ser Leu Pro Cys Ala
210     215     220

Gly Pro Gln Gly Ser Leu Lys Lys Ala Lys Val Asn Asp Ser Lys Pro
225     230     235     240

Gly Thr Gly Ser Tyr Trp Thr Asp Ser Leu Asn Arg Thr Met Leu Ser
245     250     255

Arg Glu Lys Ala Asn Lys Pro Thr Glu Asp Glu Ser Leu Leu Leu Ser
260     265     270

Ser Thr Lys Asn Ser Gln Pro Thr Leu Ser Leu Leu Thr Gln Leu Lys
275     280     285

Gln Gln Asn Lys Pro Asp Lys Leu Gly Pro Thr Pro Glu Asn Glu Pro
290     295     300
    
```

Asn Ser Asp Thr Met Leu Lys Ala Trp Gly Gly Ser His His Lys Asn
 305 310 315 320
 Ile Ser Ser Thr Gln Arg His Asp Ala Glu Ser Leu Gln Ser Val Leu
 325 330 335
 Gln Asn Phe Ser Leu Ala Gln Asn Asp Arg Leu Glu Ser Glu Lys Asn
 340 345 350
 Arg Tyr Ser Asp Ser Val Leu Val Ser Ser Ala Phe Tyr Ser Ala Asp
 355 360 365
 Gly Pro Gln Thr Thr Cys Leu Thr Pro Asn Met Thr Gln Val Gln Gln
 370 375 380
 Asp Cys Ile Ser Ser Ser Trp Glu Met Pro Gln Gly Gly Pro Leu Gly
 385 390 395 400
 Glu Ile Leu Thr Asn Ser Lys Ile Ser Glu Asp Ser Ser Lys Cys Gly
 405 410 415
 Ser Arg Ser Tyr Gly Trp Leu Leu Asn Leu Asp His Ala Pro
 420 425 430

<210> 95
 <211> 1440
 <212> ДНК
 <213> Zea mays

<400> 95
 gccaccaaga gccctccaac acacacctga cctcccccttc cccctctctc ccgccgcccg 60
 ttccccgcgc ctccgcccgt acgtcccgtt cccggtcggc cggccggtcc aaagggaggg 120
 gaggaggagg ggcgcgaggag tcgggggccg caccgatgct gagctcggca tcctcggccg 180
 cggggggcgc catgggggatg ggcggcggcg ggtacgcgca ccagccccc ccacagcgcg 240
 cgggtcttcac cgccgcgcag tgggcggagc tggagcagca ggcgctcacc tacaagtacc 300
 tcatggcccg cgtccccgtc ccgcccgacc tcctcctccc cgtccgcccc ggccccgcgg 360
 ccgccttctc cttcgcggcg cccgcgcgcg cgtcgccctt ctaccaccaa caccaccgct 420
 ccctgagcta ctacgcctac tacggcaaga agctggaccc ggagccgtgg cggtgccgcc 480
 gcaccgacgg caagaagtgg cgggtgtcca aggaggcgca ccccgactcc aagtactgcg 540
 agcgccacat gcaccgtggc cgcaaccggt caagaaagcc tgtggaatcc aagaccgcct 600
 cgtcgtcgtc gcccgcgcac ccgtcgccgc ccagctgtc caccgtcacc accaccgcgc 660
 ctctcgagcc ccttgacgag gcggggggca aggtccacgg cctgtccctc ggcggcgggc 720
 ctgctggctc gtcgcacctc ggcgtcgatg cttcgaatgc tcactatcgt tatggtagca 780
 acaggtagcc tctcggagct aaaccggacg gcggcgagtt gagcttcttc tcaggagcgt 840
 catcggggaa caactcgagg ggtggcttca ccatcgactc tccatcagat acaactcgt 900
 ggcaactccg cctggcggtc agcgtgcccc cgttcacgct gtcgacgaag agcggggact 960
 ccggcctcct gcccgcgccc tacgctcctt actcccagtc ccactccac atggagccgc 1020

cgcgaggagct cgggcaggtc accatcgctt cgtggcgca ggagcaggag cgccagcagc 1080
 cgttcagtgg tgggatgctc gggaacgtga agcaggagaa ccagaaccag ccgctgcggc 1140
 ccttcttcga cgagtggccc gggaacgggg cggactcgtg gccgccggag atggacggcg 1200
 cgccgcgggc cggcaggacc tccttctcct cctccaccac ccagctctcc atctccatcc 1260
 cgatgcccag atgtgagctg catctcagaa accagaactc ttaattctgt tcgctgcccg 1320
 aatcatgctt gaccgaaact tgttttctgc aggcgactga cgaggaaccg tcgatcgggc 1380
 ggccactaga cgggtggacgc tcacgctcac tagtgcgctg tcgcctggag tggagatcga 1440

<210> 96
 <211> 382
 <212> PRT
 <213> Zea mays

<400> 96

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

Phe Ser Gly Ala Ser Ser Gly Asn Asn Ser Arg Gly Gly Phe Thr Ile
 225 230 235 240
 Asp Ser Pro Ser Asp Asn Asn Ser Trp His Ser Ala Leu Ala Ser Ser
 245 250 255
 Val Pro Pro Phe Thr Leu Ser Thr Lys Ser Gly Asp Ser Gly Leu Leu
 260 265 270
 Pro Gly Ala Tyr Ala Ser Tyr Ser Gln Ser His Ser His Met Glu Pro
 275 280 285
 Pro Arg Glu Leu Gly Gln Val Thr Ile Ala Ser Leu Ala Gln Glu Gln
 290 295 300
 Glu Arg Gln Gln Pro Phe Ser Gly Gly Met Leu Gly Asn Val Lys Gln
 305 310 315 320
 Glu Asn Gln Asn Gln Pro Leu Arg Pro Phe Phe Asp Glu Trp Pro Gly
 325 330 335
 Thr Arg Ala Asp Ser Trp Pro Pro Glu Met Asp Gly Ala Pro Arg Ala
 340 345 350
 Gly Arg Thr Ser Phe Ser Ser Ser Thr Thr Gln Leu Ser Ile Ser Ile
 355 360 365
 Pro Met Pro Arg Cys Glu Leu His Leu Arg Asn Gln Asn Ser
 370 375 380

<210> 97
 <211> 1388
 <212> ДНК
 <213> Zea mays

<400> 97
 gacagggtga gatggcgatg ccgtatgcct ctctttcccc ggcaggcgcc gccgaccacc 60
 gctcctccac agccacggcg tccctcgtcc ccttctgccg ctccaccccg ctctccgcgg 120
 gcggcgggct gggggaggag gacgcccagg cgagcgcgag gtggccggcc gcgaggccgg 180
 tgggtccgtt cagcggcg cagtaccagg agctggagca gcaggcgctc atatacaagt 240
 acctggtggc cggcgtgccc gttccgcgg atctcgtggt tccaatccgc cgcggcctcg 300
 actccctcgc taccgccttc tacggccaac ccacactcgg gtacggaccg tacctgggga 360
 ggaaactgga tccggagccc ggccggtgcc ggcgaacgga cggcaagaag tggcggtgct 420
 ccaaggaagc cgcggcgac tccaagtact gcgagcgcca catgcaccgc ggccgcaacc 480
 gttcaagaaa gcctgtggaa acgcagctcg cgcccagtc ccaaccgccc gccgcgcgg 540
 ccgtctccgc cgctccgccc ctggcagccg ccgcccgcgc gccaccaac ggcagcggt 600
 tccagaacca ctctctctac ccggccatcg ccggcagcac tgggtggtgga ggaggagt 660
 gcgggtcccg caatatctcc tccccgttct cctcgtcgat ggggggatcg tctcagctgc 720
 acatggacag tgttgccagc tactctctac cagctcttgg tgggtggaact gcaaaggatc 780

```

tcaggtacaa cgcttacgga ataagatctc tggcggacga gcacaaccag ctgatcgag 840
aagccatcga ctgctcgata gagagccaga ggcgcctccc cagctcgteg ttcccgtctt 900
cgagctaccc acatctcggg gcgctgggcg acctgggagg ccagaacagc acggtgagct 960
cgctgccgaa gatggagaag cagcagccgc cctcgtcctt cctaggggaa gacaccgggg 1020
ccggcatggc catgggctcc gcctccgca agcaggaggg ccagacgctg cggcacttct 1080
tcgacgagtg gcccaaggcg cgggactcct ggccgggect ctccgacgag accgccagcc 1140
tcgcctcgtc cccccggcg acccagctgt cgatgtccat acccatggcg tcctccgact 1200
tctccgtggc cagctcccag tcgcccacg atgactaatg gtgcgtggat cgctcgcttc 1260
tggccctttg tctatctccc ctccagtctt ccaccaccg cgcagtagta gctgcggaaa 1320
cagcccatgc tcctgtatat ttgtcggtea ttttcgtgt cagatctgtg taccaaacca 1380
agcggcgg 1388

```

```

<210> 98
<211> 408
<212> PRT
<213> Zea mays

```

```

<400> 98

```

```

Met Ala Met Pro Tyr Ala Ser Leu Ser Pro Ala Gly Ala Ala Asp His
1           5           10          15

Arg Ser Ser Thr Ala Thr Ala Ser Leu Val Pro Phe Cys Arg Ser Thr
20          25          30

Pro Leu Ser Ala Gly Gly Gly Leu Gly Glu Glu Asp Ala Gln Ala Ser
35          40          45

Ala Arg Trp Pro Ala Ala Arg Pro Val Val Pro Phe Thr Pro Ala Gln
50          55          60

Tyr Gln Glu Leu Glu Gln Gln Ala Leu Ile Tyr Lys Tyr Leu Val Ala
65          70          75          80

Gly Val Pro Val Pro Pro Asp Leu Val Val Pro Ile Arg Arg Gly Leu
85          90          95

Asp Ser Leu Ala Thr Arg Phe Tyr Gly Gln Pro Thr Leu Gly Tyr Gly
100         105         110

Pro Tyr Leu Gly Arg Lys Leu Asp Pro Glu Pro Gly Arg Cys Arg Arg
115         120         125

Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Ser Lys Glu Ala Ala Pro Asp Ser
130         135         140

Lys Tyr Cys Glu Arg His Met His Arg Gly Arg Asn Arg Ser Arg Lys
145         150         155         160

Pro Val Glu Thr Gln Leu Ala Pro Gln Ser Gln Pro Pro Ala Ala Ala
165         170         175

Ala Val Ser Ala Ala Pro Pro Leu Ala Ala Ala Ala Ala Ala Thr

```

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

<210> 99
 <211> 1506
 <212> ДНК
 <213> Zea mays

<400> 99	
ccatctggcc atctccctt cccctgctcc cccgaagcag caagccagcc tgcccacccg	60
cagccatcac ctccgccgct ctccaccatg aatcccatcc accagcacga catcgtaccc	120
aatccttcgt gactgttgcc tccgcgcac tccgggagca atggaaggag gccgagatgt	180
gttcttaggt gcggcgga gggcgccgcc gccgccgcc tcttgcccgt ttcacggatc	240
cgctaccgcc acccgctccg gtggagcgca gatgctcagc ttctcctcca atggcgtagc	300
aggggtgggt ctgtgctcag gtgccagcaa gatgcagggt gtgttgctga gggtagaggag	360
gcccttact ccgacgcagt ggatggagct ggagcaccag gccctgatct acaagcactt	420

```

cgctgtgaat gccctgtgc cgtccagctt gtcctccct atcaaaagaa gcctcaatcc 480
atggagcagc cttggctcca gctcattggg atgggcacca ttctgttccg gctctgctga 540
tgcagaacca ggaagatgcc gccgcacaga tggcaagaag tggcgggtgct ctagagatgc 600
tgtcggggac caaaaatact gtgagcgata cataaaacgt ggttgccacc gttcaagaaa 660
gcatgtggaa ggccgaaagg caacaccgac cactgcagat ccaaccatgg ctgtttctgg 720
tggttcattg ttgcacagcc atgctgttgc ttggcagcag cagggcaaaa gctcagctgc 780
taatgtgact gatccattct cactagggtc caacaggaat ttgctggata agcagaatct 840
aggtgaccag ttctctgtat ccacttccat ggactccttt gactttctcat catcacattc 900
ttcccaaac caagccaaag ttgcattttc accggtggcc atgcagcacg aacatgatca 960
gctgtatctt gtgcatggag ccggcagctc agcagaaaac gttaacaagt ctcaggatgg 1020
tcagctgcta gtctcgaggg aaacaattga cgacggacct ctgggcgagg tgttcaaggg 1080
caagagttgc cagtcagcat ccgcagacat cttaactgac cattggactt cgactcgtga 1140
cttgcgctct ccaaccggag tcctacaaat gtctagcagc aacacagtgc cagcagagaa 1200
tcacacgagt aacagtagct atctcatggc gaggatggcg aattctcaga ccgtcccaac 1260
actccactga gtgttcatca ggctgggtctt tgttgggacc aaaaataac tgaagccatg 1320
ttgatgtcct gagtttgctg atacagtgat actaggtttt cagtcgagtc ttgtaactcc 1380
tgttttagag ttgttatatg ttcacgtcat gttgcctttc attttcgggt tcattcagat 1440
gggtgtacta ataatttctt tccttcttac ctgtgaagga tttgagttcc aatctgagac 1500
gtgggt 1506

```

```

<210> 100
<211> 369
<212> PRT
<213> Zea mays

```

```

<400> 100

```

```

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

Pro Pro Pro Pro Ser Cys Pro Phe His Gly Ser Ala Thr Ala Thr Arg
20          25          30

Ser Gly Gly Ala Gln Met Leu Ser Phe Ser Ser Asn Gly Val Ala Gly
35          40          45

Leu Gly Leu Cys Ser Gly Ala Ser Lys Met Gln Gly Val Leu Ser Arg
50          55          60

Val Arg Arg Pro Phe Thr Pro Thr Gln Trp Met Glu Leu Glu His Gln
65          70          75          80

Ala Leu Ile Tyr Lys His Phe Ala Val Asn Ala Pro Val Pro Ser Ser
85          90          95

```

Leu Leu Leu Pro Ile Lys Arg Ser Leu Asn Pro Trp Ser Ser Leu Gly
 100 105 110
 Ser Ser Ser Leu Gly Trp Ala Pro Phe Arg Ser Gly Ser Ala Asp Ala
 115 120 125
 Glu Pro Gly Arg Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Ser
 130 135 140
 Arg Asp Ala Val Gly Asp Gln Lys Tyr Cys Glu Arg Tyr Ile Lys Arg
 145 150 155 160
 Gly Cys His Arg Ser Arg Lys His Val Glu Gly Arg Lys Ala Thr Pro
 165 170 175
 Thr Thr Ala Asp Pro Thr Met Ala Val Ser Gly Gly Ser Leu Leu His
 180 185 190
 Ser His Ala Val Ala Trp Gln Gln Gln Gly Lys Ser Ser Ala Ala Asn
 195 200 205
 Val Thr Asp Pro Phe Ser Leu Gly Ser Asn Arg Asn Leu Leu Asp Lys
 210 215 220
 Gln Asn Leu Gly Asp Gln Phe Ser Val Ser Thr Ser Met Asp Ser Phe
 225 230 235 240
 Asp Phe Ser Ser Ser His Ser Ser Pro Asn Gln Ala Lys Val Ala Phe
 245 250 255
 Ser Pro Val Ala Met Gln His Glu His Asp Gln Leu Tyr Leu Val His
 260 265 270
 Gly Ala Gly Ser Ser Ala Glu Asn Val Asn Lys Ser Gln Asp Gly Gln
 275 280 285
 Leu Leu Val Ser Arg Glu Thr Ile Asp Asp Gly Pro Leu Gly Glu Val
 290 295 300
 Phe Lys Gly Lys Ser Cys Gln Ser Ala Ser Ala Asp Ile Leu Thr Asp
 305 310 315 320
 His Trp Thr Ser Thr Arg Asp Leu Arg Pro Pro Thr Gly Val Leu Gln
 325 330 335
 Met Ser Ser Ser Asn Thr Val Pro Ala Glu Asn His Thr Ser Asn Ser
 340 345 350
 Ser Tyr Leu Met Ala Arg Met Ala Asn Ser Gln Thr Val Pro Thr Leu
 355 360 365

His

<210> 101
 <211> 1350
 <212> ДНК
 <213> Zea mays

<400> 101
 tagccgtgct ccgctcacct tctctcgcg c tacagtctca aggggtagct agccaagcta 60

```

ccaagctcgt caggaacgag agaaagaggc cggcgggtgcg cggggatgat gatgatgagc 120
agcgcccggg cgggcggcgg ggccaccgcg gggcgggtacc cgttcacggc gtcgcagtgg 180
caggagctgg agcaccaggc gtcctcttac aagtgcctgg cgtccggcaa gcccatccct 240
tcctacctca tgccgcccgt ccgcccgcac ctcgactccg ccctcgccac gtcgcccgtcc 300
ctcgcttacc cggcgcaacc ctgctggggc tggggctgct tcgggatggg cttcacccgg 360
aaggccgacg aggaccggga gcccgggcgg tgccggcgca cggacggcaa gaagtggcgc 420
tgctccaagg aggcgtaccc ggactccaag tactgcgaga agcacatgca cgggggcaag 480
aaccgttcaa gaaagcctgt ggaatgtcc ttggccacgc cggccccggc gccggccccc 540
gccgcccga caaccgccac cgcacctca tccccggcgc cgtcctacca ccgcccggcc 600
cacgacgcca cgccgtctcc gtaccacgcg ctgtatggag gcggcgcgcg cggcggcggt 660
agcccttact cggcgtcggc acgcccagga gcaaccggag gcggcgcgcg gtaccaccac 720
gcgcagcatg tgagccctt ccacctccac ctcgagacca cccaccgca ccgcccggc 780
ccctacaact actccgccga ccagagggac tacgcgtacg ggcacgcggc cgccaaggag 840
gtcggcgagc acgccttctt ctcgacgccc gcggcgcgagc gggtcgaccg ccaggccgcg 900
gcggggcagt ggcagttcag gcagctcggg gtggagacga agccggggcc cagcccgctg 960
ttcccgcgc cgggtacgg gcacggcgcg gcgtcgccgt acggcgctga gctgggcaag 1020
gacgacgacg agcaggagga gaggcgcgc cagcactgct tcgttcttgg agccgacctg 1080
cggctggagc ggccgtcgtc gggccatggc catggccatg gccatgacca tgacgacgcc 1140
gccgcccgcg agaagccgct ccggcccttc ttcgacgagt ggccgcacca gaagggggac 1200
aaggccgggt cgtggatggg gctcgacggc gagacgcagc tctccatgct catccccatg 1260
gccgtaccg acctccccgt cacctcccgc ttccgtaacg acgagtgatg ccacatcaaa 1320
cctggcgctg gaaactcgga acgtatggtg 1350

```

<210> 102

<211> 400

<212> PRT

<213> Zea mays

<400> 102

```

Met Met Met Met Ser Ser Gly Arg Ala Gly Gly Gly Ala Thr Ala Gly
1          5          10          15
Arg Tyr Pro Phe Thr Ala Ser Gln Trp Gln Glu Leu Glu His Gln Ala
          20          25          30
Leu Ile Tyr Lys Cys Leu Ala Ser Gly Lys Pro Ile Pro Ser Tyr Leu
          35          40          45
Met Pro Pro Leu Arg Arg Ile Leu Asp Ser Ala Leu Ala Thr Ser Pro
          50          55          60

```

```

Ser Leu Ala Tyr Pro Pro Gln Pro Ser Leu Gly Trp Gly Cys Phe Gly
65              70              75              80

Met Gly Phe Thr Arg Lys Ala Asp Glu Asp Pro Glu Pro Gly Arg Cys
85              90              95

Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Ser Lys Glu Ala Tyr Pro
100            105            110

Asp Ser Lys Tyr Cys Glu Lys His Met His Arg Gly Lys Asn Arg Ser
115            120            125

Arg Lys Pro Val Glu Met Ser Leu Ala Thr Pro Ala Pro Ala Pro Ala
130            135            140

Pro Ala Ala Ala Thr Thr Ala Thr Ala Thr Ser Ser Pro Ala Pro Ser
145            150            155            160

Tyr His Arg Pro Ala His Asp Ala Thr Pro Ser Pro Tyr His Ala Leu
165            170            175

Tyr Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ser Pro Tyr Ser Ala Ser Ala
180            185            190

Arg Pro Gly Ala Thr Gly Gly Gly Gly Ala Tyr His His Ala Gln His
195            200            205

Val Ser Pro Phe His Leu His Leu Glu Thr Thr His Pro His Pro Pro
210            215            220

Pro Pro Tyr Asn Tyr Ser Ala Asp Gln Arg Asp Tyr Ala Tyr Gly His
225            230            235            240

Ala Ala Ala Lys Glu Val Gly Glu His Ala Phe Phe Ser Asp Gly Ala
245            250            255

Gly Glu Arg Val Asp Arg Gln Ala Ala Ala Gly Gln Trp Gln Phe Arg
260            265            270

Gln Leu Gly Val Glu Thr Lys Pro Gly Pro Thr Pro Leu Phe Pro Val
275            280            285

Ala Gly Tyr Gly His Gly Ala Ala Ser Pro Tyr Gly Val Glu Leu Gly
290            295            300

Lys Asp Asp Asp Glu Gln Glu Glu Arg Arg Arg Gln His Cys Phe Val
305            310            315            320

Leu Gly Ala Asp Leu Arg Leu Glu Arg Pro Ser Ser Gly His Gly His
325            330            335

Gly His Gly His Asp His Asp Asp Ala Ala Ala Ala Gln Lys Pro Leu
340            345            350

Arg Pro Phe Phe Asp Glu Trp Pro His Gln Lys Gly Asp Lys Ala Gly
355            360            365

Ser Trp Met Gly Leu Asp Gly Glu Thr Gln Leu Ser Met Ser Ile Pro
370            375            380

Met Ala Ala Thr Asp Leu Pro Val Thr Ser Arg Phe Arg Asn Asp Glu
385            390            395            400

```

<210> 103
 <211> 1028
 <212> ДНК
 <213> Zea mays

<400> 103
 tcccttcacc gctgcctcga cccgcgccga aagatacctt tccccccctt cctctcgcg 60
 cgccgttttg gtgcgaccat ggcgccggag ggggaggcca agaaccgctc cgccggtggc 120
 gaagggggta acccccagca ccagcaggca gtgcaggctg cgccggcgga gccgccaatg 180
 gcacaggggg aagcgggtgca ggaggctgga gcgcaggcga cgggacaaga gccggagggg 240
 gagaaggcga atcgagatgg ggagggaagc gcgggggaga aggacgacgg cgctgtcaga 300
 gatctggttc tggttgagga tccggagggtg ctgcgcgtcg aggaccgga ggaagctgca 360
 gcaaccgcag cactccagga agaaatgaaa gcgctcgtgg catccgtccc tgacggtgct 420
 ggggcagcat tcacagccat gcagcttcag gagctagagc agcagtcccg ggtttatcag 480
 tacatggctg cccgagtacc tgtgcctact cacctcgtct tccccgtatg gaagagtgtg 540
 accggtgcat cctctgaagg cgcccagaag taccctactt tgttgggctt agcaaacctc 600
 tgcttggaact tcgggaagaa cctgaacca gaaccaggga ggtgccggcg aacggatggc 660
 aaaaaatggc gatgttggag aaacactatt ccaaacgaga agtactgcga acgccgcatg 720
 catcgcggtc gcaagcgtcc tgtacaggtc gtcgaggaag ccgagcctga ctctgcttca 780
 ggctcaaaat ctgctcccg caaggccacc gaaggcgcca agaagggttg cgacaagagc 840
 ccaggtagca agaagcttgc cgtggcgcg gcagctgcag ctgctgcgca gtctacgtaa 900
 ttgatgcagc attttagtag tcgcaggaag agcatggcgg cgctggcaac tagcgccttc 960
 ttttcattgc atgtgatctt tagctataac ctcatttagc acactcccag tgggtgccgt 1020
 gggaggag 1028

<210> 104
 <211> 273
 <212> PRT
 <213> Zea mays

<400> 104

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

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

<210> 105
 <211> 1374
 <212> ДНК
 <213> Zea mays

<400> 105
 cagccaggta aggc aaaaga gagagggcgg aagcagcggc agagcggaga gggagagaga 60
 agagcatata tgggcatggc gatgcccttt gcctccccgt ctccggcagc cgaccaccgc 120
 cctcctcccc tctccccctt ctgccgcgcc gcccctctct ccgcggcgagg agaggacgcc 180
 gcgcagcagc acgcgatgag cggcagggtgg gccgcgaggc cggcgctctt caggcgggcg 240
 cagtacgagg agctggagca ccaggcgctc atatacaagt acctcgctgc cggcggtgcc 300
 gtcccgccgg acctcctcct cccctgcgc cgaggcttcg tcttcacca gccaccgcc 360
 ctgggtacg gccctactt cggcaagaag gtggaccgg agcccgggcg gtgccggcgt 420
 acggacggca agaagtggcg gtgctccaag gagggcgccc cggactccaa gtactgcgag 480
 cgccacatgc accgcggcgg caaccgttca agaaagcctg tggaagcgca gctcgcgccc 540

```

ccgccgcacg cccagccgcc gcagcagcag caggcccccg cgcgcgctgc tggtttccag    600
aaccactcgc tgtaccctgc gatcctcaac ggcaacggcg gcggcgggtt aggtgctggt    660
gctggtggtg gcacgttcgg cctggggccc acctctcagc tgcacatgga cagtgccgct    720
gcctacgcga ctgctgccgg tggagggagc aaatatctca ggtactctgc atacggggtg    780
aaatctctgt cggacgagca cagcacgctc ttgtcgggcg gcatggatcc gtcgatgatg    840
gacaactcgt ggcgcttctt gccatcccaa aacaacacat tccaagccac aagctaccct    900
gtgttcggca cgctgagtgg gctagacgag agcaccatcg cgctcgtgcc gaagaccag    960
agggagcccc tctctttctt cgggagcgac ttcgtgaccg ccgccaaagca ggagaaccag   1020
acgctgcgcc ctttcttcga cgagtggccc aagtcgaggg actcgtggcc ggagctgggc   1080
gaggacggca gcctcggctt ctcgccacc cagctctcca tctccattcc catggcgacc   1140
tccgacttct ccaacaccag ctccagatcg ccgggtggaa taccgtcgag atgaacgagt   1200
accgtgcatg tggatcccag cgtcttaggg ttgacgactc ttcggtgctg gcctcatcgt   1260
atcatgctcc taaattttcg aacgatatat gccttatgta acgctatttc tctcattggt   1320
acaacacctt ttaccggttt ggaattgtgt tgaagtggat ggtctgcggt gctc       1374

```

```

<210> 106
<211> 374
<212> PRT
<213> Zea mays

```

```

<400> 106

```

```

Met Gly Met Ala Met Pro Phe Ala Ser Pro Ser Pro Ala Ala Asp His
1          5          10          15
Arg Pro Ser Ser Leu Leu Pro Phe Cys Arg Ala Ala Pro Leu Ser Ala
          20          25          30
Ala Gly Glu Asp Ala Ala Gln Gln His Ala Met Ser Gly Arg Trp Ala
          35          40          45
Ala Arg Pro Ala Leu Phe Thr Ala Ala Gln Tyr Glu Glu Leu Glu His
          50          55          60
Gln Ala Leu Ile Tyr Lys Tyr Leu Val Ala Gly Val Pro Val Pro Pro
65          70          75          80
Asp Leu Leu Leu Pro Leu Arg Arg Gly Phe Val Phe His Gln Pro Pro
          85          90          95
Ala Leu Gly Tyr Gly Pro Tyr Phe Gly Lys Lys Val Asp Pro Glu Pro
          100          105          110
Gly Arg Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Ser Lys Glu
          115          120          125
Ala Ala Pro Asp Ser Lys Tyr Cys Glu Arg His Met His Arg Gly Arg
          130          135          140

```

Asn Arg Ser Arg Lys Pro Val Glu Ala Gln Leu Ala Pro Pro Pro His
 145 150 155 160

Ala Gln Pro Pro Gln Gln Gln Gln Ala Pro Ala Pro Ala Ala Gly Phe
 165 170 175

Gln Asn His Ser Leu Tyr Pro Ser Ile Leu Asn Gly Asn Gly Gly Gly
 180 185 190

Gly Leu Gly Ala Gly Ala Gly Gly Gly Thr Phe Gly Leu Gly Pro Thr
 195 200 205

Ser Gln Leu His Met Asp Ser Ala Ala Ala Tyr Ala Thr Ala Ala Gly
 210 215 220

Gly Gly Ser Lys Tyr Leu Arg Tyr Ser Ala Tyr Gly Val Lys Ser Leu
 225 230 235 240

Ser Asp Glu His Ser Thr Leu Leu Ser Gly Gly Met Asp Pro Ser Met
 245 250 255

Met Asp Asn Ser Trp Arg Leu Leu Pro Ser Gln Asn Asn Thr Phe Gln
 260 265 270

Ala Thr Ser Tyr Pro Val Phe Gly Thr Leu Ser Gly Leu Asp Glu Ser
 275 280 285

Thr Ile Ala Ser Leu Pro Lys Thr Gln Arg Glu Pro Leu Ser Phe Phe
 290 295 300

Gly Ser Asp Phe Val Thr Ala Ala Lys Gln Glu Asn Gln Thr Leu Arg
 305 310 315 320

Pro Phe Phe Asp Glu Trp Pro Lys Ser Arg Asp Ser Trp Pro Glu Leu
 325 330 335

Gly Glu Asp Gly Ser Leu Gly Phe Ser Ala Thr Gln Leu Ser Ile Ser
 340 345 350

Ile Pro Met Ala Thr Ser Asp Phe Ser Asn Thr Ser Ser Arg Ser Pro
 355 360 365

Gly Gly Ile Pro Ser Arg
 370

<210> 107
 <211> 1172
 <212> ДНК
 <213> Zea mays

<400> 107
 gatatatggc gatgcccttt gcctccctgt ctccggcagc cgaccaccgc ccctcctccc 60
 tcctcccta ctgccgcgcc gccctctct ccgcggtggg agaggacgcc gccgcgcagg 120
 gcgagcagca gcagcagcag cacgctatga gcggcaggtg ggcagcgagg ccgcccggcg 180
 tcttcacagc ggcgcagtac gaggagctgg agcaccaggc gctcatatac aagtacctcg 240
 tcgccggcgt gcccgccccg ccggacctcc tcctccccct acgccgaggc ttcgtctacc 300
 accaaccgc ccttgggtac gggccctact tcggcaagaa ggtggaccgc gagccccggc 360

```

gggtgccggcg tacggacggc aagaagtggc ggtgctcaa ggaggccgcc ccggactcca 420
agtactgcga gcgccacatg caccgcggcc gcaaccgttc aagaaagcct gtggaagcgc 480
agctcgtgcc cccgccgcac gccagccgc agcagcaggc ccccgcgccc accgctggct 540
tccagagcca ccccatgtac ccatccatcc tcgccggcaa cggcgggcggc ggcggcgggg 600
taggtggcgg tgctggcggg ggcacgttcg gcctggggccc cacctctcag ctgcgcatgg 660
acagtgcgcg tgcttacgcg actgctgctg atggagggag caaagatctc aggtactctg 720
cctacggggg gaagtcaactg tcggacgagc acagccagct cttgccccgc ggcggcgggc 780
gcatggacgc gtcaatggac aactcgtggc gcctgttgcc gtcccaaacc gccgccacgt 840
tccaagccac aagctaccct ctgttcggcg cgctgagcgg tctggacgag agcaccatcg 900
cctcgtgcc caagacgcag agggagcccc tctccttctt cgggagcgac ttcgtgaccc 960
cgaagcagga gaaccagacg ctgcgccct tcttcgacga gtggcccaag tcgagggact 1020
cgtggccgga gctgaacgag gacaacagcc tcggctcctc ggccaccag ctctccacct 1080
ccatcccat ggcgccctcc gacttcaaca ccagctccag atcgccgaat ggaataccgt 1140
caagatgaac ctgagtaacc atgcggaccc ca 1172

```

<210> 108

<211> 380

<212> PRT

<213> Zea mays

<400> 108

```

Met Ala Met Pro Phe Ala Ser Leu Ser Pro Ala Ala Asp His Arg Pro
1          5          10          15
Ser Ser Leu Leu Pro Tyr Cys Arg Ala Ala Pro Leu Ser Ala Val Gly
20        25        30
Glu Asp Ala Ala Ala Gln Ala Gln Gln Gln Gln Gln His Ala Met
35        40        45
Ser Gly Arg Trp Ala Ala Arg Pro Pro Ala Leu Phe Thr Ala Ala Gln
50        55        60
Tyr Glu Glu Leu Glu His Gln Ala Leu Ile Tyr Lys Tyr Leu Val Ala
65        70        75        80
Gly Val Pro Val Pro Pro Asp Leu Leu Leu Pro Leu Arg Arg Gly Phe
85        90        95
Val Tyr His Gln Pro Ala Leu Gly Tyr Gly Pro Tyr Phe Gly Lys Lys
100       105       110
Val Asp Pro Glu Pro Gly Arg Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp
115       120       125
Arg Cys Ser Lys Glu Ala Ala Pro Asp Ser Lys Tyr Cys Glu Arg His
130       135       140
Met His Arg Gly Arg Asn Arg Ser Arg Lys Pro Val Glu Ala Gln Leu

```

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

<210> 109
<211> 1154
<212> ДНК
<213> Zea mays

<400> 109
agcgtgcatt gttgagcgag tgcggccaag caacgcgggc tcgaggagat gatgctgagc 60
gggcacggcg gcgggaggcg cctgttcacg gcgtcgagcaggcaggagct cgagcaccag 120
gcgctcatct tcaagtacat ggcctcgggc gcgcccgctc cgcacgacct cgtcctaccg 180
ctccgcctcg ccaccggcgt cgacaccgcg ccctccctcg ccttcccgcc ccagccttcg 240
ccgtcgctgg cgtactgggg ctgctacggc gcggggggcg cggttcgctcg ccgcaaggcg 300
gcggaggaca cggagccggg gcggtgccgg cggacggacg gcaagaagtg gcggtgctcc 360
agggaggccc acggcgactc caagtactgc gagaagcaca ttcaccgcgg gaagagccgt 420

tcaagaaagc ctgtggaagt gacctcctcc cccgccgcgc gcgcgcgtgc ggcgtaccga 480
 ccgtccgcga tctccaccat ctgcgcgcgc cgcgcggcgc acgcgcgcgc gccgagcctc 540
 gcctaccgcg agcagcatct cctccacggc gcctcctcct ccgcagcagc ccgcgcgcgc 600
 gctggcgctc tccagctcca cctcgacgcg agcctgcacg cggcggcggc gtcgccatcg 660
 ccgccgcgcg cctaccacag gtacgccac tacacaccgc cagcgtcgtc gctcttcccg 720
 ggccggcggt acggctacga ctacgactac gggcagtcga aggagctcag gcgacggcac 780
 ttccacgcgc tcgggggcga cctgagcctc gacaagccgc tgcccagacc cgacaccggc 840
 tccgacgaga agcagccctt cggcggtttc ttcgacgagt ggccgcggga gagcggcgac 900
 atggcgggcg acgacgcgac gcagcttttc atctccatcc ccgcggcttc gccctccgac 960
 ctgcgtgcta cctccgcctc cgcgcgcgc gcgcgattcc acaacgggga gtgatcggtc 1020
 catctcctag ctgcagccct gcaacagcgt ggattgaccg ctgcatttcc tggctgcaat 1080
 gcaagcctgc aacagcgagc agtaagccag tgacgtggat gcattctcga gcggcaaacc 1140
 ctgcttctgc ctct 1154

<210> 110
 <211> 321
 <212> PRT
 <213> Zea mays

<400> 110

Met Met Leu Ser Gly His Gly Gly Gly Arg Arg Leu Phe Thr Ala Ser
 1 5 10 15
 Gln Trp Gln Glu Leu Glu His Gln Ala Leu Ile Phe Lys Tyr Met Ala
 20 25 30
 Ser Gly Ala Pro Val Pro His Asp Leu Val Leu Pro Leu Arg Leu Ala
 35 40 45
 Thr Gly Val Asp Thr Ala Pro Ser Leu Ala Phe Pro Pro Gln Pro Ser
 50 55 60
 Pro Ser Leu Ala Tyr Trp Gly Cys Tyr Gly Ala Gly Ala Pro Phe Val
 65 70 75 80
 Gly Arg Lys Ala Ala Glu Asp Thr Glu Pro Gly Arg Cys Arg Arg Thr
 85 90 95
 Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Ser Arg Glu Ala His Gly Asp Ser Lys
 100 105 110
 Tyr Cys Glu Lys His Ile His Arg Gly Lys Ser Arg Ser Arg Lys Pro
 115 120 125
 Val Glu Val Thr Ser Ser Pro Ala Ala Gly Ala Ala Ala Tyr Arg
 130 135 140
 Pro Ser Ala Ile Ser Thr Ile Ser Pro Pro Arg Ala Ala Asp Ala Pro
 145 150 155 160

Pro Pro Ser Leu Ala Tyr Pro Gln Gln His Leu Leu His Gly Ala Ser
165 170 175
Ser Ser Ala Ala Ala Arg Ala Pro Ala Gly Ala Leu Gln Leu His Leu
180 185 190
Asp Ala Ser Leu His Ala Ala Ala Ala Ser Pro Ser Pro Pro Pro Ser
195 200 205
Tyr His Arg Tyr Ala His Tyr Thr Pro Pro Ala Ser Ser Leu Phe Pro
210 215 220
Gly Gly Gly Tyr Gly Tyr Asp Tyr Asp Tyr Gly Gln Ser Lys Glu Leu
225 230 235 240
Arg Arg Arg His Phe His Ala Leu Gly Ala Asp Leu Ser Leu Asp Lys
245 250 255
Pro Leu Pro Glu Pro Asp Thr Gly Ser Asp Glu Lys Gln Pro Leu Arg
260 265 270
Arg Phe Phe Asp Glu Trp Pro Arg Glu Ser Gly Asp Met Ala Ala Asp
275 280 285
Asp Ala Thr Gln Leu Ser Ile Ser Ile Pro Ala Ala Ser Pro Ser Asp
290 295 300
Leu Ala Ala Thr Ser Ala Ser Ala Ala Ala Arg Phe His Asn Gly
305 310 315 320
Glu

<210> 111
<211> 1516
<212> ДНК
<213> Zea mays

<400> 111
ttcggcacga cccaacaatg cacaccaaca tccactcct cgtcaggtc ctctcccca 60
aatgagcgct gagttctgcg ctgctgctggg tgctgtggcc atggagctcg gggtcggaga 120
tgcgctgggg ctgcagcaag gcatcgcaat caccgcgcca tcgcccaggg acagcgacct 180
gggtcttctc aagcgagcag gctcaccga ggctgctggct gctgccccct accctcccc 240
cttccttgac ggggagaaga tgctcaggtt ctccaaggcg gctcacacat cgcactcagg 300
cttggtattt ggaggcccag gtgagcaggc tttcctgctg tccaggacca agatgccatt 360
tactccctcg cagtggatgg agctggggca ccaggctctg atatacaagt acctcaatgc 420
aaaggccccc atacctcca gctgctcat ttcaatcagc aagagcttca gatcatccaa 480
tagagtgagc tggaggcctc tgtatcaagg ctacacaaat gcagactctg acccagaacc 540
tgaggagatgc cgacgaacgg atggaaagaa gtggcggtgc tccaaggaag caatggctga 600
tcacaagtac tgtgagcggc acatcaacag aaaccgtcac cgttcaagaa agcctgtgga 660
aaatcaacct aagaagacca ccaaggaggt gctgctgct gctggctcat taccatgtgc 720

```

tggggcacaa ggtagcttga agaaggcaaa agttaatgac tccaagccag gcaactgtcag 780
ctattgggca gatagtttaa acaggacaat gttgagcaga gagaaagcaa acaaaccgac 840
ggaagatagc tctttgctgc ttacttttac gaacagccaa cccacctggt ccctgctctc 900
tcagctgaag cagcaaaaca aaccagataa gttaggcccc aactggaaa atgagtcaaa 960
cccagacaca atattgaaag cctgggggtg caaccagcct agccacaaga gcatttcctc 1020
tacagagcgc catgatgctg aatccctcca atcagtcctt caaaatctca gcctagccca 1080
gaatgagaag atggagtcag aaaaggacaa atattctgat tccgtgctag tttcgtcgac 1140
tttctattct gcaggcggtc caagagctac ctgccttaca cctaactga cacaggtgaa 1200
gcaggattgc atatcaagct cttgggagat gcctcaaggt ggacctctag gcgaaatctt 1260
aacgaactcc aagaatagca aggacttaag caagtgcaaa ccaaggtcat atggttggtt 1320
gttgaatctt gaccatgcac catgattcct caatccatga agagcttgac atagatgtcc 1380
catcatgtag gcaaacaatg gtcagaaaaa ggttatgacc acattgcttg ccccatgcat 1440
gcttgctatc tacatttgta tttctgttgc gtagcattta gctagttgaa ttatcagttc 1500
ttctggatac ggctgt 1516

```

```

<210> 112
<211> 427
<212> PRT
<213> Zea mays

```

```

<400> 112

```

```

Met Ser Ala Glu Phe Cys Ala Ala Ala Gly Val Val Ala Met Glu Leu
1          5          10          15

Gly Val Gly Asp Ala Leu Gly Leu Gln Gln Gly Ile Ala Ile Thr Ala
20          25          30

Pro Ser Pro Arg Asp Ser Asp Leu Gly Leu Leu Lys Arg Ala Gly Leu
35          40          45

Thr Gln Ala Ala Ala Ala Ala Pro Tyr Pro Ser Pro Phe Leu Asp Gly
50          55          60

Glu Lys Met Leu Arg Phe Ser Lys Ala Ala His Thr Ser His Ser Gly
65          70          75          80

Leu Asp Phe Gly Gly Pro Gly Glu Gln Ala Phe Leu Leu Ser Arg Thr
85          90          95

Lys Met Pro Phe Thr Pro Ser Gln Trp Met Glu Leu Gly His Gln Ala
100         105         110

Leu Ile Tyr Lys Tyr Leu Asn Ala Lys Ala Pro Ile Pro Ser Ser Leu
115         120         125

Leu Ile Ser Ile Ser Lys Ser Phe Arg Ser Ser Asn Arg Val Ser Trp
130         135         140

```


Arg Pro Leu Tyr Gln Gly Tyr Thr Asn Ala Asp Ser Asp Pro Glu Pro
145 150 155 160

Gly Arg Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Ser Lys Glu
165 170 175

Ala Met Ala Asp His Lys Tyr Cys Glu Arg His Ile Asn Arg Asn Arg
180 185 190

His Arg Ser Arg Lys Pro Val Glu Asn Gln Pro Lys Lys Thr Thr Lys
195 200 205

Glu Val Pro Ala Ala Ala Gly Ser Leu Pro Cys Ala Gly Pro Gln Gly
210 215 220

Ser Leu Lys Lys Ala Lys Val Asn Asp Ser Lys Pro Gly Thr Val Ser
225 230 235 240

Tyr Trp Ala Asp Ser Leu Asn Arg Thr Met Leu Ser Arg Glu Lys Ala
245 250 255

Asn Lys Pro Thr Glu Asp Ser Ser Leu Leu Leu Thr Ser Thr Asn Ser
260 265 270

Gln Pro Thr Trp Ser Leu Leu Ser Gln Leu Lys Gln Gln Asn Lys Pro
275 280 285

Asp Lys Leu Gly Pro Thr Leu Glu Asn Glu Ser Asn Pro Asp Thr Ile
290 295 300

Leu Lys Ala Trp Gly Gly Asn Gln Pro Ser His Lys Ser Ile Ser Ser
305 310 315 320

Thr Glu Arg His Asp Ala Glu Ser Leu Gln Ser Val Leu Gln Asn Leu
325 330 335

Ser Leu Ala Gln Asn Glu Lys Met Glu Ser Glu Lys Asp Lys Tyr Ser
340 345 350

Asp Ser Val Leu Val Ser Ser Thr Phe Tyr Ser Ala Gly Gly Pro Arg
355 360 365

Ala Thr Cys Leu Thr Pro Asn Met Thr Gln Val Lys Gln Asp Cys Ile
370 375 380

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

Thr Asn Ser Lys Asn Ser Lys Asp Leu Ser Lys Cys Lys Pro Arg Ser
405 410 415

Tyr Gly Trp Leu Leu Asn Leu Asp His Ala Pro
420 425

<210> 113
<211> 1139
<212> ДНК
<213> Zea mays

<400> 113
gtaggtcgtt cgcaggtagg taaccgtaac ctagctagct cgtcgggatg atgatgatga 60
gcggtcgagc ggccaccgcg gggcgggtacc cggtcacggc gtcgcagtgg caggagctgg 120

```

agcaccaggc gctcatctac aagtgcctgg cgtccggcaa gcccatcccg tctacctca 180
tgccaccgct ccgccgcac ctcgactccg ccctcgccac gtcgccgtcg ctcgccgcct 240
tccagccgca accctcgctg gggtaggggg gctgcttcgg gatgggcttc agcaggaagc 300
ccgccgacga ggacccggag cccggggcgt gccggcgcac ggacggcaag aagtggcgct 360
gctccaagga ggcgtaccgg gactccaagt actgcgagaa gcacatgcac cggggcaaga 420
accgttcaag aaagcctgtg gaaatgtcct tggccacgcc ggccgcgcgg gcctcctccg 480
ctgccaccac ctcgacgtcc ccggcgccgt cctaccaccg ccgggccccg gccgcgcacg 540
acgcctgtgc gtaccacgcg cctacggcg ccggtacca tcacacgcag acgcaggtga 600
tgagccccct ccacctccac ctcgagacca cccaccgcga cccggccggc ccgccgcct 660
actactacgc ggaccagagg gactacgcct acggcaagga ggtcggcgag cgcgccttct 720
tctccgacgg cgcgggggag agggaccgcc agcagcaggc cgcggggcag tggcagttca 780
agcagctcgg gacgatggag gcgacgaagc cgtgccccac cccacgcgg cgtctccccg 840
ccgccgggta cgcggtcggg caggccaagg aagacgagga ggaggaaac cggcggcagc 900
agcagcagca ctgcttcgtt cttggcgccg acctgcggct ggccggagcgg ccgtcggggg 960
cacatgacga cgcgcgcgag aagccgctcc ggcatttctt cgacgagtgg ccgcacgaga 1020
aagggaagca ggccgggtgg tggattgggg gactcgacgg cgagacgacg cagctctcca 1080
tgtccatccc gatggcggcc gctgccgacc tccccgtcac ctcccgctac cgtacgtga 1139

```

<210> 114
 <211> 363
 <212> PRT
 <213> Zea mays

<400> 114

```

Met Met Met Met Ser Gly Arg Ala Ala Thr Ala Gly Arg Tyr Pro Phe
1          5          10          15

Thr Ala Ser Gln Trp Gln Glu Leu Glu His Gln Ala Leu Ile Tyr Lys
20        25        30

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

Arg Arg Ile Leu Asp Ser Ala Leu Ala Thr Ser Pro Ser Leu Ala Ala
50        55        60

Phe Gln Pro Gln Pro Ser Leu Gly Trp Gly Gly Cys Phe Gly Met Gly
65          70          75          80

Phe Ser Arg Lys Pro Ala Asp Glu Asp Pro Glu Pro Gly Arg Cys Arg
85          90          95

Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg Cys Ser Lys Glu Ala Tyr Pro Asp
100        105        110

```

```

Ser Lys Tyr Cys Glu Lys His Met His Arg Gly Lys Asn Arg Ser Arg
 115                      120                      125

Lys Pro Val Glu Met Ser Leu Ala Thr Pro Ala Pro Pro Ala Ser Ser
 130                      135                      140

Ala Ala Thr Thr Ser Thr Ser Pro Ala Pro Ser Tyr His Arg Pro Ala
145                      150                      155                      160

Pro Ala Ala His Asp Ala Val Pro Tyr His Ala Pro Tyr Gly Ala Ala
                      165                      170                      175

Tyr His His Thr Gln Thr Gln Val Met Ser Pro Phe His Leu His Leu
                      180                      185                      190

Glu Thr Thr His Pro His Pro Pro Pro Pro Pro Tyr Tyr Tyr Ala
                      195                      200                      205

Asp Gln Arg Asp Tyr Ala Tyr Gly Lys Glu Val Gly Glu Arg Ala Phe
210                      215                      220

Phe Ser Asp Gly Ala Gly Glu Arg Asp Arg Gln Gln Gln Ala Ala Gly
225                      230                      235                      240

Gln Trp Gln Phe Lys Gln Leu Gly Thr Met Glu Ala Thr Lys Pro Cys
                      245                      250                      255

Pro Thr Pro Thr Pro Leu Leu Pro Ala Ala Gly Tyr Gly Val Gly Gln
                      260                      265                      270

Ala Lys Glu Asp Glu Glu Glu Glu Thr Arg Arg Gln Gln Gln Gln His
                      275                      280                      285

Cys Phe Val Leu Gly Ala Asp Leu Arg Leu Ala Glu Arg Pro Ser Gly
290                      295                      300

Ala His Asp Asp Ala Ala Gln Lys Pro Leu Arg His Phe Phe Asp Glu
305                      310                      315                      320

Trp Pro His Glu Lys Gly Ser Lys Ala Gly Trp Trp Ile Gly Gly Leu
                      325                      330                      335

Asp Gly Glu Thr Thr Gln Leu Ser Met Ser Ile Pro Met Ala Ala Ala
                      340                      345                      350

Ala Asp Leu Pro Val Thr Ser Arg Tyr Arg Thr
                      355                      360

<210> 115
<211> 39
<212> PRT
<213> Штучна послідовність

<220>
<223> QLQ domain

<400> 115

Arg Pro Pro Phe Thr Pro Thr Gln Trp Glu Glu Leu Glu His Gln Ala
1                      5                      10                      15

Leu Ile Tyr Lys Tyr Met Val Ser Gly Val Pro Val Pro Pro Glu Leu
20                      25                      30

```

Ile Phe Ser Ile Arg Arg Ser
35

<210> 116
<211> 44
<212> PRT
<213> Штучна послідовність

<220>
<223> WRC domain

<400> 116

Asp Pro Glu Pro Gly Arg Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg
1 5 10 15

Cys Ser Arg Glu Ala Tyr Pro Asp Ser Lys Tyr Cys Glu Lys His Met
20 25 30

His Arg Gly Arg Asn Arg Ala Arg Lys Ser Leu Asp
35 40

<210> 117
<211> 2194
<212> ДНК
<213> Oryza sativa

<400> 117
aatccgaaaa gttttctgcac cgttttcacc ccctaactaa caatataggg aacgtgtgct 60
aaatataaaa tgagacctta tatatgtagc gctgataact agaactatgc aagaaaaact 120
catccaccta ctttagtggc aatcgggcta aataaaaaag agtcgctaca ctagtttcgt 180
tttccttagt aattaagtgg gaaaatgaaa tcattattgc ttagaatata cgttcacatc 240
tctgtcatga agttaaatga ttcgaggtag ccataattgt catcaaactc ttcttgaata 300
aaaaaatctt tctagctgaa ctcaatgggt aaagagagag atttttttta aaaaaataga 360
atgaagatat tctgaacgta ttggcaaaga tttaaacata taattatata attttatagt 420
ttgtgcattc gtcatatcgc acatcattaa ggacatgtct tactccatcc caatttttat 480
ttagtaatta aagacaattg acttattttt attattttatc ttttttcgat tagatgcaag 540
gtacttacgc acacactttg tgctcatgtg catgtgtgag tgcacctcct caatacacgt 600
tcaactagca acacatctct aatatcactc gcctatttaa tacatttagg tagcaatatc 660
tgaattcaag cactccacca tcaccagacc acttttaata atatctaaaa tacaaaaaat 720
aattttacag aatagcatga aaagtatgaa acgaactatt taggtttttc acatacaaaa 780
aaaaaaagaa ttttgctcgt gcgcgagcgc caatctccca tattgggcac acaggcaaca 840
acagagtggc tgccacaga acaaccaca aaaaacgatg atctaacgga ggacagcaag 900
tccgcaaca ccttttaaca gcaggctttg cggccaggag agaggaggag aggcaagaa 960
aaccaagcat cctccttctc ccattctataa attcctcccc ccttttcccc tctctatata 1020

```

ggagggcatcc aagccaagaa gagggagagc accaaggaca cgcgactagc agaagccgag 1080
cgaccgcctt ctcgatccat atcttccggt cgagttcttg gtcgatctct tccctcctcc 1140
acctcctcct cacaggggat gtgcctccct tcggttggtc ttggatttat tgttctaggt 1200
tgtgtagtac gggcggtgat gttaggaaag gggatctgta tctgtgatga ttctgttctt 1260
tggatttggg atagaggggt tcttgatggt gcatgttata ggttcggttt gatttagtagt 1320
atggttttca atcgtctgga gagctctatg gaaatgaaat ggtttaggga tcggaatctt 1380
gcgattttgt gattaccttt tgtttgaggt aaaatcagag caccggtgat tttgcttggg 1440
gtaataaagt acggttggtt ggtcctcgat tctggtagtg atgcttctcg atttgacgaa 1500
gctatccttt gtttattccc tattgaacaa aaataatcca actttgaaga cgggtccggt 1560
gatgagattg aatgattgat tcttaagcct gtccaaaatt tcgcagctgg cttgtttaga 1620
tacagtagtc cccatcacga aattcatgga aacagttata atcctcagga acaggggatt 1680
cctgttctt ccgatttgct ttagtcccag aatttttttt cccaaatata ttaaaaagtc 1740
actttctggt tcagttcaat gaattgattg ctacaaataa tgcttttata gcgttatcct 1800
agctgtagtt cagttaatag gtaatacccc tatagtttag tcaggagaag aacttatccg 1860
atttctgata tccattttta attatatgaa atgaactgta gcataagcag tattcatttg 1920
gattattttt tttattagct ctcacccctt cattattctg agctgaaagt ctggcatgaa 1980
ctgtcctcaa ttttggtttc aaattcacat cgattatcta tgcattatcc tcttgatatc 2040
acctgtagaa gtttcttttt gggtattcct tgactgcttg attacagaaa gaaatttatg 2100
aagctgtaat cgggtagatt atactgcttg ttcttatgat tcatttcctt tgtgcagttc 2160
ttggtgtagc ttgccacttt caccagcaaa gttc 2194

```

```

<210> 118
<211> 58
<212> ДНК
<213> Штучна послідовність

```

```

<220>
<223> праймер: prml0010

```

```

<400> 118
ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctt aaacaatgat gagtctaagt ggaagtag 58

```

```

<210> 119
<211> 52
<212> ДНК
<213> Штучна послідовність

```

```

<220>
<223> праймер: prml0011

```

```

<400> 119
ggggaccact ttgtacaaga aagctgggta gctctactta attagctacc ag 52

```

```

<210> 120

```

```

<211> 633
<212> ДНК
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 120
atgcaacagc acctgatgca gatgcagccc atgatggctg gttactaccc cagcaatggt      60
acctctgatc atatccaaca gtacttggac gaaaacaaat cgttgattct gaagattggt      120
gagtctcaaa actctggaaa gcttagcgaa tgcgccgaga atcaagcaag gcttcaacgc      180
aacctaattgt acctagctgc aatagcagat tctcagcctc agccaccaag tgtgcatagc      240
cagtatggat ctgctggtgg tgggatgatt cagggagaag gagggtcaca ctatttgcag      300
cagcaacaag cgactcaaca gcaacagatg actcagcagt ctctaattggc ggctcgatct      360
tcaatgttgt atgctcagca acagcggcag cagcagcctt acgcgacgct tcagcatcag      420
caatcgcacc atagccagct tggaatgagc tcgagcagcg gaggaggagg aagcagtggg      480
ctccatatcc ttcagggaga ggctggtggg tttcatgatt ttggccgtgg gaagccggaa      540
atgggaagtg gtggtggcgg tgaaggcaga ggaggaagtt caggggatgg tggagaaacc      600
ctttacttga aatcatcaga tgatgggaat tga                                     633

<210> 121
<211> 210
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 121
Met Gln Gln His Leu Met Gln Met Gln Pro Met Met Ala Gly Tyr Tyr
1          5          10          15
Pro Ser Asn Val Thr Ser Asp His Ile Gln Gln Tyr Leu Asp Glu Asn
20          25          30
Lys Ser Leu Ile Leu Lys Ile Val Glu Ser Gln Asn Ser Gly Lys Leu
35          40          45
Ser Glu Cys Ala Glu Asn Gln Ala Arg Leu Gln Arg Asn Leu Met Tyr
50          55          60
Leu Ala Ala Ile Ala Asp Ser Gln Pro Gln Pro Pro Ser Val His Ser
65          70          75          80
Gln Tyr Gly Ser Ala Gly Gly Gly Met Ile Gln Gly Glu Gly Gly Ser
85          90          95
His Tyr Leu Gln Gln Gln Gln Ala Thr Gln Gln Gln Gln Met Thr Gln
100         105         110
Gln Ser Leu Met Ala Ala Arg Ser Ser Met Leu Tyr Ala Gln Gln Gln
115         120         125
Arg Gln Gln Gln Pro Tyr Ala Thr Leu Gln His Gln Gln Ser His His
130         135         140
Ser Gln Leu Gly Met Ser Ser Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Gly
145         150         155         160

```

Leu His Ile Leu Gln Gly Glu Ala Gly Gly Phe His Asp Phe Gly Arg
165 170 175

Gly Lys Pro Glu Met Gly Ser Gly Gly Gly Gly Glu Gly Arg Gly Gly
180 185 190

Ser Ser Gly Asp Gly Gly Glu Thr Leu Tyr Leu Lys Ser Ser Asp Asp
195 200 205

Gly Asn
210

<210> 122

<211> 588

<212> ДНК

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 122

atgcagcagc agcagtcctcc gcaaatgttt ccgatgggtc cgtcgattcc ccctgctaac 60
aacatcacta ccgaacagat ccaaaagtac cttgatgaga acaagaagct gattatggcc 120
atcatggaaa accagaatct cggtaaaactt gctgagtgcg ccagtagcca agctcttctc 180
cagaagaact tgatgtatct tgctgcaatt gctgatgctc aacccccacc acctacgcca 240
ggaccttcac catctacagc tgctgctgcc cagatggcaa caccgcattc tgggatgcaa 300
ccacctagct acttcatgca acaccacaa gcatccctg cagggatttt cgctccaagg 360
ggctcctttac agtttggtag cccactccag ttccaggatc cgcaacagca gcagcagata 420
catcagcaag ctatgcaagg acacatgggg attagaccaa tgggtatgac caacaacggg 480
atgcagcatg cgatgcaaca accagaaacc ggtcttgag gaaacgtggg gcttagagga 540
ggaaagcaag atggagcaga tggacaagga aaagatgatg gcaagtga 588

<210> 123

<211> 195

<212> PRT

<213> Arabidopsis thaliana

<400> 123

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

Ser Gly Met Gln Pro Pro Ser Tyr Phe Met Gln His Pro Gln Ala Ser
100 105 110
Pro Ala Gly Ile Phe Ala Pro Arg Gly Pro Leu Gln Phe Gly Ser Pro
115 120 125
Leu Gln Phe Gln Asp Pro Gln Gln Gln Gln Ile His Gln Gln Ala
130 135 140
Met Gln Gly His Met Gly Ile Arg Pro Met Gly Met Thr Asn Asn Gly
145 150 155 160
Met Gln His Ala Met Gln Gln Pro Glu Thr Gly Leu Gly Gly Asn Val
165 170 175
Gly Leu Arg Gly Gly Lys Gln Asp Gly Ala Asp Gly Gln Gly Lys Asp
180 185 190

Asp Gly Lys
195

<210> 124
<211> 672
<212> ДНК
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 124
atgcagcaat ctccacagat gattccgatg gttcttctt catttccgcc caccaataat 60
atcaccaccg aacagatcca aaagtatctt gatgagaaca agaagctgat aatggcgatc 120
ttggaaaatc agaacctcgg taaacttgca gaatgtgctc agtatcaagc tcttctccag 180
aagaatttga tgtatctcgc tgcaattgcg gatgctcaac ctccagccacc agcagctaca 240
ctaaccatcag gagccatgac tccccaagca atggctccta atccgtcacc aatgcagcca 300
ccaccaagct acttcatgca gcaacatcaa gctgtgggaa tggctcaaca aatacctcct 360
gggattttcc ctctagagg tccattgcaa tttggtagcc cgcacatggt tctggatccg 420
cagcaacagt tacatcaaca agctatgcaa gggcacatgg ggattagacc aatgggtttg 480
aataataaca acggactgca acatcaaagc caccaccatg aaactgctct tgccgcaaac 540
aatgcgggtc ctaacgatgc tagtggagga ggtaaacccg atgggaccaa tatgagccag 600
agtggagctg atgggcaagg tggctcagcc gctagacatg gcggtggtga tgcaaaaact 660
gaaggaaaat ga 672

<210> 125
<211> 223
<212> PRT
<213> Arabidopsis thaliana

<400> 125
Met Gln Gln Ser Pro Gln Met Ile Pro Met Val Leu Pro Ser Phe Pro
1 5 10 15
Pro Thr Asn Asn Ile Thr Thr Glu Gln Ile Gln Lys Tyr Leu Asp Glu

[illegible]

<400>	126	atgcagcagc	cgccagccagc	gatgggaacc	atgggctcgg	tgccacctac	tagcatcacc	60
		accgaacaga	ttcaaaggta	cttggatgag	aacaaacagt	taatattggc	aattttggat	120
		aatcaaaatt	taggaagact	gaatgagtgt	gctcaatatc	aagctcagct	tcaaaagaat	180
		ctgctttacc	tggcagcaat	agctgatgct	cagcctcagt	ctcctgcggt	gcgtctgcag	240
		atgatgcctc	aagggtgcagc	tgccacgcct	caagctggaa	accaatttat	gcagcagcag	300
		agccctaatt	tccctcccaa	aacaggaatg	caatttactc	ctcaacaagt	acaagaattg	360
		cagcagcaac	agctacaaca	tcagccacat	atgatgcctc	catttcaagg	tcaaatgggt	420
		atgagaccta	tgaatggaat	gcaggcgaca	atgcatgcag	attcatctct	tgcttataac	480
		actaacaata	agcaagatgc	aggaaacgca	gcttatgaaa	atactgctgc	caacacagat	540
		ggttccattc	aaaagaaaac	agcaaatgat	gatttaqacc	cttctgcagc	aaaccctaga	600

aggtctgaag atgccaaatc atcatga

627

<210> 127
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> Allium cepa

<400> 127

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

<210> 128
 <211> 633
 <212> DHK
 <213> Aquilegia formosa x Aquilegia pubescens

<400> 128

atgcaacaca tgcagatgca gcccatgatg ccaccttata gtgccaacag cgtcactact 60
 gatcatatcc aacagtactt ggatgaaaat aaggcgttga ttctgaagat acttgagaac 120
 caaaattcgg gaaaagttag tgaatgtgca gagaaccaag caagacttca acgaaatctt 180
 atgtatctgg ctgcaattgc tgattctcaa ccacagcctc ccaatatgca tgctcagtac 240

tctaatacgcg gtataccacc tgggtgcacat tacctacaac accaacaggc ccaacagatg 300
 acacaacagt cgctcatggc tgctcgatca aatatgctgt atgctcagcc aatcacagga 360
 atgcagcaac agcaagcaat gcatagccag cttggcatga gctctggtgg taacagtgga 420
 ctccacatga tgcacaatga gggcagcatg ggaggtagtg gggcacttgg aagctattct 480
 gattatggcc gtggcagtgg tggtaggagta actatcgcta gcaaacaaga tggtaggaagt 540
 ggttctggtg aaggacgagg tggaaactct ggaggccaaa gtgcagatgg aggtgaatct 600
 ctttacctga aaaacagtga cgaagggaac taa 633

<210> 129
 <211> 210
 <212> PRT
 <213> Aquilegia formosa x Aquilegia pubescens

<400> 129

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

```

<210> 130
<211> 668
<212> ДНК
<213> Aquilegia formosa x Aquilegia pubescens

<400> 130
atgcagcaac ctccgccaat gatgaacatg gtcccacccat ttctctctac taacattaca      60
actgaacaga ttcaaaaagta tctggatgag aacaaaacac tgattttggc aatattagac      120
aatcagaatc ttggaaaatt agccgaatgt gctcagtacc aagctcagct tcagaagaat      180
ctgatgtatc ttgctgcaat tgctgatgcc caaccgcaag ctctgcagc tccctctcag      240
atgccaacac atccggcaat gcaacaggga ggacattata tgcaacatcc gcaagcagct      300
atgcctcaac agcccagtgg ttttcacccc aagtccccc tgcaatttaa ccctcagcaa      360
atgcaagagc agcaacggct gcagctacaa cagcaacacc aacaggcact tcaagggtcat      420
atgggcattc gacctggagt caacaatggt ttgcaaatgc atggggatgg taatgttggg      480
ggcagcagca gcggtggccc atcatcaacc ggtaacttac ctgatttctc acgcagtggg      540
gccggtctctg gtgctggttc tagttcattg gatgcacggg aaggtaagca agatggagtg      600
gaagcgggtg ctggtgatgg tcaaggcaat tcagcagcca gaaataatgg ttcaaatggg      660
gatacatg                                          668

<210> 131
<211> 222
<212> PRT
<213> Aquilegia formosa x Aquilegia pubescens

<400> 131
Met Gln Gln Pro Pro Pro Met Met Asn Met Val Pro Pro Phe Pro Pro
1          5          10          15
Thr Asn Ile Thr Thr Glu Gln Ile Gln Lys Tyr Leu Asp Glu Asn Lys
20          25          30
Thr Leu Ile Leu Ala Ile Leu Asp Asn Gln Asn Leu Gly Lys Leu Ala
35          40          45
Glu Cys Ala Gln Tyr Gln Ala Gln Leu Gln Lys Asn Leu Met Tyr Leu
50          55          60
Ala Ala Ile Ala Asp Ala Gln Pro Gln Ala Pro Ala Val Pro Ser Gln
65          70          75          80
Met Pro Thr His Pro Ala Met Gln Gln Gly Gly His Tyr Met Gln His
85          90          95
Pro Gln Ala Ala Met Pro Gln Gln Pro Ser Gly Phe Pro Pro Lys Ser
100         105         110
Pro Met Gln Phe Asn Pro Gln Gln Met Gln Glu Gln Gln Arg Leu Gln
115         120         125
Leu Gln Gln Gln His Gln Gln Ala Leu Gln Gly His Met Gly Ile Arg
130         135         140

```

Pro Gly Val Asn Asn Gly Leu Gln Met His Gly Asp Gly Asn Val Gly
 145 150 155 160
 Gly Ser Ser Ser Gly Gly Pro Ser Ser Thr Gly Asn Leu Pro Asp Phe
 165 170 175
 Ser Arg Ser Gly Ala Gly Pro Gly Ala Gly Ser Ser Ser Leu Asp Ala
 180 185 190
 Arg Glu Gly Lys Gln Asp Gly Val Glu Ala Gly Ala Gly Asp Gly Gln
 195 200 205
 Gly Asn Ser Ala Ala Arg Asn Asn Gly Ser Asn Gly Asp Thr
 210 215 220

<210> 132
 <211> 633
 <212> ДНК
 <213> Aspergillus officinalis

<400> 132
 atgcagcagc acctgatgca gatgcagccc atgatggcaa cctacgggttc accgaatcag 60
 gtcaccaccg atatcattca gcagtatctg gacgagaaca agcagttgat tctggctatt 120
 cttgaaaacc aaaattcagg aaaagctgat gaatgtgctg agaatcaggc taagcttcag 180
 aggaatctga tgtatcttgc agccattgcg gatagccagc cccaagttcc taccattgct 240
 cagtatcctc ccaacgctgt tgctgctatg caatcgagtg ctgctacat gcaacaacac 300
 caagcagctc aacagatgac ccctcaatct ctcatggctg ctgctcctc aatgctctac 360
 tcacagtccc caatgtctgc actccagcag caacagcagc aagcagcaat gcatagccag 420
 ctgcgcatga gctccggagg caacaacagc agcaccggag gattcaccat tcttcatggt 480
 gaagctagca taggaggcaa tggctcaatg aattctgggt gagtctttgg agattttgga 540
 cggagcagcg gtgggaagca agagactggg agcgaagggc acgggacaga gactcctatg 600
 tacctgaaag gctctgaaga agaaggaaac tga 633

<210> 133
 <211> 210
 <212> PRT
 <213> Aspergillus officinalis

<400> 133
 Met Gln Gln His Leu Met Gln Met Gln Pro Met Met Ala Thr Tyr Gly
 1 5 10 15
 Ser Pro Asn Gln Val Thr Thr Asp Ile Ile Gln Gln Tyr Leu Asp Glu
 20 25 30
 Asn Lys Gln Leu Ile Leu Ala Ile Leu Glu Asn Gln Asn Ser Gly Lys
 35 40 45
 Ala Asp Glu Cys Ala Glu Asn Gln Ala Lys Leu Gln Arg Asn Leu Met
 50 55 60

Tyr Leu Ala Ala Ile Ala Asp Ser Gln Pro Gln Val Pro Thr Ile Ala
65 70 75 80
Gln Tyr Pro Pro Asn Ala Val Ala Ala Met Gln Ser Ser Ala Arg Tyr
85 90 95
Met Gln Gln His Gln Ala Ala Gln Gln Met Thr Pro Gln Ser Leu Met
100 105 110
Ala Ala Arg Ser Ser Met Leu Tyr Ser Gln Ser Pro Met Ser Ala Leu
115 120 125
Gln Gln Gln Gln Gln Gln Ala Ala Met His Ser Gln Leu Ala Met Ser
130 135 140
Ser Gly Gly Asn Asn Ser Ser Thr Gly Gly Phe Thr Ile Leu His Gly
145 150 155 160
Glu Ala Ser Ile Gly Gly Asn Gly Ser Met Asn Ser Gly Gly Val Phe
165 170 175
Gly Asp Phe Gly Arg Ser Ser Gly Gly Lys Gln Glu Thr Gly Ser Glu
180 185 190
Gly His Gly Thr Glu Thr Pro Met Tyr Leu Lys Gly Ser Glu Glu Glu
195 200 205

Gly Asn
210

<210> 134
<211> 558
<212> ДНК
<213> Beta vulgaris

<400> 134
atgcagcaac aatcacctca atgtttcaac caccacacctt cacaaccac aattactacc 60
gaacaaattc aaaagtatct tgatgagaac aagcagttga ttttggcaat tatggaaagt 120
caaaactctg gaaaaatgaa tgaatgtgcc cagtatcaag ctgagctgca gaaaaacttg 180
atgtacttgg ctgcaattgc tgatgctcag ccaccagcac ctacagggcc ctctcagtct 240
cagccgcaga attctcagat gcctatgcaa tcgaccattc cacaaggccc ttttatgccg 300
cctcctaacc ctgcagttac cccacagcaa acaggtccca gattgccctt tgctctacag 360
tcgtttgatc agcagtcacc ccatatgcaa atgcaatacc aacagtccat ggcaggctcc 420
atgggtatga gaatgggtgg gaataatggt ttacgccctt ccatccagac cggatatgga 480
gctccaacac attttatgga tgcacggaac agacaagatg gttctgacgc aagtctcggt 540
gatgatcatg gaaagtaa 558

<210> 135
<211> 185
<212> PRT
<213> Beta vulgaris

<400> 135

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

<210> 136
 <211> 615
 <212> DHK
 <213> Brachypodium distachyon

<400> 136
 atgcagcagg cgatgtccat gtccccgggg tcggccggcg cgggtgccgcc tccggccggc 60
 atcaccacag agcagatcca aaagtatttg gatgaaaata agcaacttat ttggtccatc 120
 ctggaaaatc agaacctagg aaagttgact gaatgtgctc agtatcaagc tcaacttcag 180
 aagaatctct tgtatctggc tgccattgcg gatgcccaac caccacagaa ccctggaagt 240
 cgccccaga tgggtgcagcc tgggtggtatg ccagggtgcag ggcattacat gtcgcaagta 300
 ccaatgttcc ctccaagaac ccctttaacc ccacaacaga tgcaagagca acagcaccag 360
 cagcttcagc agcagcaagc acaggtctct gctttcccca gccagatggt catgagacca 420
 ggtactgtga acggcatgca gcctatgcaa gctgatctcc aagcagcagc agcagcacct 480
 ggcttgccag acagccgagg aagtaagcag gacgcagcgg tagctggggc catctcggaa 540
 ccttctggca ccgagagtca caagagtaca ggagcggatc atgaggcagg tggcgatgta 600
 gctgagcaat cctaa 615

<210> 137
 <211> 204
 <212> PRT
 <213> *Brachypodium distachyon*

<400> 137

```

Met Gln Gln Ala Met Ser Met Ser Pro Gly Ser Ala Gly Ala Val Pro
1          5          10          15

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

Asn Lys Gln Leu Ile Leu Ala Ile Leu Glu Asn Gln Asn Leu Gly Lys
          35          40          45

Leu Thr Glu Cys Ala Gln Tyr Gln Ala Gln Leu Gln Lys Asn Leu Leu
          50          55          60

Tyr Leu Ala Ala Ile Ala Asp Ala Gln Pro Pro Gln Asn Pro Gly Ser
65          70          75          80

Arg Pro Gln Met Val Gln Pro Gly Gly Met Pro Gly Ala Gly His Tyr
          85          90          95

Met Ser Gln Val Pro Met Phe Pro Pro Arg Thr Pro Leu Thr Pro Gln
          100          105          110

Gln Met Gln Glu Gln Gln His Gln Gln Leu Gln Gln Gln Gln Ala Gln
          115          120          125

Ala Leu Ala Phe Pro Ser Gln Met Val Met Arg Pro Gly Thr Val Asn
          130          135          140

Gly Met Gln Pro Met Gln Ala Asp Leu Gln Ala Ala Ala Ala Pro
145          150          155          160

Gly Leu Ala Asp Ser Arg Gly Ser Lys Gln Asp Ala Ala Val Ala Gly
          165          170          175

Ala Ile Ser Glu Pro Ser Gly Thr Glu Ser His Lys Ser Thr Gly Ala
          180          185          190

Asp His Glu Ala Gly Gly Asp Val Ala Glu Gln Ser
          195          200
    
```

<210> 138
 <211> 591
 <212> ДНК
 <213> *Brassica napus*

<400> 138

```

atgcagccca tgatggctgg ttactacccc agcaatgtca cctctgatca tatccagcag      60

tacttggaag agaacaagtc ttgtattctg aagatagttg agtctcaaaa ctcaggaaag      120

ctcagcgagt gtgccgagaa tcaggcaagg cttcaacgca acctcatgta cttggctgca      180

atagcagatt ctcagcctca acctccaagc gtgcatagcc agtatggatc tgctgggtgg      240

gggttgattc agggagaagg agcgtcacac tatttgcagc agcaacaggc gactcaacag      300
    
```


cagcagatga ctcagcagtc tcttatggca gctcgttctt caatgatgta tcagcagcag 360
 caacagcctt atgcaacgct tcagcatcag cagttgcacc atagccagct tgggatgagc 420
 tctagcagcg gaggaggaag cagtggcttc catatccttc agggagaggc tggtagggttt 480
 catgaatttg gccgtgggaa gccggagatg ggaagtgggtg aaggcagggg tggaagctca 540
 ggggatgggtg gagaaacact ctacttgaag tcatcagatg atgggaactg a 591

<210> 139
 <211> 203
 <212> PRT
 <213> Brassica napus

<400> 139

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

<210> 140
 <211> 636
 <212> ДНК
 <213> Brassica napus

<400> 140
 atgcagcagc agcagcagca gcagcagcag cctccgcaaa tgtttccgat ggctccttcg 60

```

atgccgcca ctaacatcac caccgaacag atccaaaagt accttgagga gaacaagaag 120
ctgataatgg caatcatgga aaatcagaat cttggcaagc ttgcagagtg tgcacagtac 180
caagctcttc tccagaagaa cttaatgtac ctgctgcta ttgctgatgc tcaacctcct 240
ccatctaccg ctggagctac accaccacca gctatggctt cccagatggg ggcaccgcat 300
cctgggatgc aaccgccgag ctactttatg caacaccac aagcttcagg gatggctcaa 360
caagcaccac ccgctggtat cttccctccg agaggctcct tgcagtttgg tagccacac 420
cagcttcagg atccgcaaca gcagcatatg catcaacagg ctatgcaagg acacatgggg 480
atgcgaccaa tgggtatcaa caacaacaat gggatgcagc atcagatgca gcaacaacaa 540
ccagaaacct ctcttgaggg aagcgtgca aacgtggggc ttagaggtgg aaagcaagat 600
ggagcagatg gacaaggaaa agatgatggc aatga 636

```

```

<210> 141
<211> 203
<212> PRT
<213> Brassica napus

```

```

<400> 141

```

```

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

```

Thr Leu Tyr Leu Lys Ser Ser Asp Asp Gly Asn
195 200

<210> 142
<211> 552
<212> ДНК
<213> Chlamydomonas reinhardtii

<400> 142
atggcggcag cctcaaaacc tccaccgatg acgaccgaca aaatacaaga catgctggag 60
gagaatttca agttcattaa agccattgcc gagcagcaaa acttgggccg ggttcaagaa 120
gtgcaccagt accagcagaa gctgcaggag aacctgatgc tgctggccgc agtggcagac 180
acctactcca actcagcagc agcagcacag ccgggggggag aagctggcgc agccgcaccc 240
gcgggcgcca cggcacgacc acccaccgcg cctggagcgc cgctgggggc accgggagca 300
ccgccgcccg cggtccggc tctcacacca cagcagatcc acgcggccgt gcagcaggca 360
ctggccatga agcagcagca gcagcagcag cagcagcaac agccgcagca gccgcagcag 420
tcggcggtgg cgcagtacca gcaaccgctt caagcggggc tgcccatacc gggcgggatg 480
gcgcccgggc aaggcgcgcc gccaggcttc acgctaccgg cgccaccgcc cctgaaccta 540
gccgggcagt ag 552

<210> 143
<211> 183
<212> PRT
<213> Chlamydomonas reinhardtii

<400> 143
Met Ala Ala Ala Ser Lys Pro Pro Pro Met Thr Thr Asp Lys Ile Gln
1 5 10 15
Asp Met Leu Glu Glu Asn Phe Lys Phe Ile Lys Ala Ile Ala Glu Gln
20 25 30
Gln Asn Leu Gly Arg Val Gln Glu Val His Gln Tyr Gln Gln Lys Leu
35 40 45
Gln Glu Asn Leu Met Leu Leu Ala Ala Val Ala Asp Thr Tyr Ser Asn
50 55 60
Ser Ala Ala Ala Ala Gln Pro Gly Gly Glu Ala Gly Ala Ala Ala Pro
65 70 75 80
Ala Ala Ala Thr Ala Arg Pro Pro Thr Ala Pro Gly Ala Pro Leu Gly
85 90 95
Ala Pro Gly Ala Pro Pro Pro Ala Ala Pro Ala Leu Thr Pro Gln Gln
100 105 110
Ile His Ala Ala Val Gln Gln Ala Leu Ala Met Lys Gln Gln Gln Gln
115 120 125
Gln Gln Gln Gln Gln Gln Pro Gln Gln Pro Gln Gln Ser Ala Val Ala
130 135 140

Gln Tyr Gln Gln Pro Pro Gln Ala Gly Leu Pro Ile Pro Gly Gly Met
145 150 155 160

Ala Pro Gly Gln Gly Ala Pro Pro Gly Phe Thr Leu Pro Ala Pro Pro
165 170 175

Pro Leu Asn Leu Ala Gly Gln
180

<210> 144
<211> 663
<212> ДНК
<213> Citrus sinensis

<400> 144
atgcaacagc acctgatgca gatgcagccc atgatggcag cttattatcc caacaacgtc 60
actactgacc acattcaaca gtatctagat gagaacaaat cattgatttt gaagattgtt 120
gagagccaga attcagggaa actgagcgag tgtgcagaga accaggcaag attgcagcgg 180
aatctcatgt acctggctgc tattgctgat gctcaacccc aaccacctag cgttcatgcc 240
cagttctctt ctggtggcat tatgcagcca ggagctcact atatgcaaca ccagcaatct 300
cagccaatga caccacagtc acttatggct gcacgctcat ccatgggtgta ctctcaacag 360
caattttcag tgcttcagca acagcaagcc ttgcatggct agcttggcat gagctctggt 420
ggtagctcag gacttcacat gctgcaaagt gagggtagta ctgcaggagg tagtggttca 480
cttgggggtg ggggattccc tgattttggc cgtggctcat ctggtgaagg cttgcaactca 540
aggggaaatgg ggagcaagca tgatataggc agttctggat ctgctgaagg acgaggaggg 600
agctcaggaa gccaagatgg aggcgaaact ctctactga aaggggctga tgatggaaat 660
taa 663

<210> 145
<211> 219
<212> PRT
<213> Citrus sinensis

<400> 145
Met Gln Gln His Leu Met Gln Met Gln Pro Met Met Ala Ala Tyr Tyr
1 5 10 15
Pro Asn Asn Val Thr Thr Asp His Ile Gln Gln Tyr Leu Asp Glu Asn
20 25 30
Lys Ser Leu Ile Leu Lys Ile Val Glu Ser Gln Asn Ser Gly Lys Leu
35 40 45
Ser Glu Cys Ala Glu Asn Gln Ala Arg Leu Gln Arg Asn Leu Met Tyr
50 55 60
Leu Ala Ala Ile Ala Asp Ala Gln Pro Gln Pro Pro Ser Val His Ala
65 70 75 80
Gln Phe Ser Ser Gly Gly Ile Met Gln Pro Gly Ala His Tyr Met Gln

[illegible]

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

<210> 148
 <211> 729
 <212> ДНК
 <213> *Cryptomeria japonica*

<400> 148
 atgcagcagc atctcatgca aatgcagccg atgatggcag cagcttacgc ttctaacaac 60
 attaccactg atcacattca aaagtacttg gatgagaaca agcagttgat attagcaatt 120
 atggacaatc aaaatctggg aaagcttaat gaatgtgcac agtaccaagc aaaacttcaa 180
 cagaacttga tgtatctagc tgctattgct gattctcagc ctcaagttcc ggctgcacat 240
 gctcagattc ctctaatgc ggttggtgcag tctgggtggc ttttcatgca gcaccagcaa 300
 gcacagcagc aagttactcc tcagtctctt atggcagcta gatcttccat gttgtatacc 360
 cagcagccga tggctgcttt gcatcaagcc cagcagcagc agcaacaaca atctcttcac 420
 agccatcttg gtataagttc tggaggaagc aatggcttgc acatgttgca tgggtgaagca 480
 aacatgggag gtaacgggcc tctctcatct ggaggcttcc ctgacttttc acgtggaact 540

ggggcctctg gtgaaggcat tcaggccaat aggggcatgt gtatagatcg tgggtgcaaat 600
aagcatgatg gcgctggaac ggagaatgct catccaggcc caggggatgg gcgagggagt 660
tcgactggag gccagaatac agatgggtca gaacaatcat acctgaaagc ctcagaagag 720
gggaactag 729

<210> 149
<211> 242
<212> PRT
<213> *Cryptomeria japonica*

<400> 149

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

```

<210> 150
<211> 651
<212> ДНК
<213> Curcuma longa

<400> 150
atgcagcaat ctccacattc gctagccccc atgtcagcag cccctgttgc gaatattaca 60
acagaacaaa ttcaaaagta cttggatgag aataagcagc tcatttttggc aatattggaa 120
aatcagaacc ttgggaaaatt ggctgaatgt gctcagtacc aagcgcagct tcagaaaaat 180
ctactttatc ttgctgcaat tgctgatgct caacctaatg cacctgcagt tcgtccccag 240
cagatcatgc cacacggtac gataccacag ggaagccctt tcatgcaaca atcacccatc 300
ttccctcgag gtccctcttc atataatcct caacaaatgc aagggcagct acatccccaa 360
ccccaggaa tgggtgttccc aggccatatg ggcattagc cggcgctgt caacggctta 420
catggctcgc atactgaacc atctcatggt ggcactgcta atcccctcac aactccaagc 480
ttgtctggat tcccaccaac caactcagat ggacgtggga gtaagcaaga agccggcatc 540
gccatggtac ctgccgtagc tgagagccac aggaactcag gaagtgaagc tgctcagtggg 600
gatgctgata aatcacatgc taaaagacca gaggatacaa agacaccatg a 651

<210> 151
<211> 216
<212> PRT
<213> Curcuma longa

<400> 151
Met Gln Gln Ser Pro His Ser Leu Ala Pro Met Ser Ala Ala Pro Val
1 5 10 15
Ala Asn Ile Thr Thr Glu Gln Ile Gln Lys Tyr Leu Asp Glu Asn Lys
20 25 30
Gln Leu Ile Leu Ala Ile Leu Glu Asn Gln Asn Leu Gly Lys Leu Ala
35 40 45
Glu Cys Ala Gln Tyr Gln Ala Gln Leu Gln Lys Asn Leu Leu Tyr Leu
50 55 60
Ala Ala Ile Ala Asp Ala Gln Pro Asn Ala Pro Ala Val Arg Pro Gln
65 70 75 80
Gln Ile Met Pro His Gly Thr Ile Pro Gln Gly Ser Pro Phe Met Gln
85 90 95
Gln Ser Pro Ile Phe Pro Arg Gly Pro Leu Pro Tyr Asn Pro Gln Gln
100 105 110
Met Gln Gly Gln Leu His Pro Gln Pro Pro Gly Met Val Phe Pro Gly
115 120 125
His Met Gly Ile Arg Pro Gly Ala Val Asn Gly Leu His Gly Ser His
130 135 140

```


Thr Glu Pro Ser His Gly Gly Thr Ala Asn Pro Leu Thr Thr Pro Ser
145 150 155 160

Leu Ser Gly Phe Pro Pro Thr Asn Ser Asp Gly Arg Gly Ser Lys Gln
165 170 175

Glu Ala Gly Ile Ala Met Val Pro Ala Val Ala Glu Ser His Arg Asn
180 185 190

Ser Gly Ser Glu Pro Val Ser Gly Asp Ala Asp Gln Ser His Ala Lys
195 200 205

Arg Pro Glu Asp Thr Lys Thr Pro
210 215

<210> 152
<211> 597
<212> ДНК
<213> Euphorbia esula

<400> 152
atgcagcagc aaccgcagat gatgcctatg atgccttcac atccaccagc aaacattacc 60
acggagcaaa tccaaaagta tcttgatgaa aataaaaaat tgattttggc gatcttgat 120
aatcaaaatc ttggaaaact cgctgagtgt gcacagtatc aagccctgct gcaaaaaaat 180
ctgatgtatt tagccgcaat tgctgatgca caacccacaga cccacccat gccacctcag 240
atgtcccccac atccggctat gcaacaagga gcatattaca tgcaacatcc tcaggctgca 300
gcagcagcaa tggctcatca gtcgggtatt ttcccaccaa agatgtctcc gttacaattc 360
aataatcctc atcaaatata ggacccccag cagttacatc aagcagccct ccaagggcaa 420
atgggaatga ggcccatggg gcccaataac gggatgcac cgatgcaccc cgaggcaa 480
cttgaggat ctaatgatgg tcgtggagga acaaacagg atgctccgga gacgggagca 540
tcgggaggtg atgggcaagg caattctggt ggtgatgggg ctgaagatgg gaaatga 597

<210> 153
<211> 198
<212> PRT
<213> Euphorbia esula

<400> 153

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

Ala Asn Ile Thr Thr Glu Gln Ile Gln Lys Tyr Leu Asp Glu Asn Lys
20 25 30

Lys Leu Ile Leu Ala Ile Leu Asp Asn Gln Asn Leu Gly Lys Leu Ala
35 40 45

Glu Cys Ala Gln Tyr Gln Ala Leu Leu Gln Lys Asn Leu Met Tyr Leu
50 55 60

Ala Ala Ile Ala Asp Ala Gln Pro Gln Thr Pro Pro Met Pro Pro Gln
65 70 75 80

Met Ser Pro His Pro Ala Met Gln Gln Gly Ala Tyr Tyr Met Gln His
85 90 95

Pro Gln Ala Ala Ala Ala Met Ala His Gln Ser Gly Ile Phe Pro
100 105 110

Pro Lys Met Ser Pro Leu Gln Phe Asn Asn Pro His Gln Ile Gln Asp
115 120 125

Pro Gln Gln Leu His Gln Ala Ala Leu Gln Gly Gln Met Gly Met Arg
130 135 140

Pro Met Gly Pro Asn Asn Gly Met His Pro Met His Pro Glu Ala Asn
145 150 155 160

Leu Gly Gly Ser Asn Asp Gly Arg Gly Gly Asn Lys Gln Asp Ala Pro
165 170 175

Glu Thr Gly Ala Ser Gly Gly Asp Gly Gln Gly Asn Ser Gly Gly Asp
180 185 190

Gly Ala Glu Asp Gly Lys
195

<210> 154
<211> 597
<212> ДНК
<213> Fragaria vesca

<400> 154
atgcagcagc agccacagca gatgatgccc aacatgactt cgcttcctcc caataccatc 60
accaccgagc aaattcagaa gtgccttgat gagaacaaaa agttgattct agcaatattg 120
gacaatcaaa accttggaag acttgctgag tgtgcccagt accaaactca gcttcaaaag 180
aatctcatgt atttagcagc aattgctgat gcacaaccac aaccacaacc acaagcacca 240
gcaatgccgg ccagcagct ggccccgcat cctgcgatgc aacaagctgg atattacatg 300
cagcaccctc aggtctgcagc agcaatggct cagcaacagg gtcttttccc tcaaaagatg 360
caaatgcagt ttaatagccc acaacaaatg cagcagatgc agcagcagtt acaccaacag 420
gccatgcagt gccagatggg gatgagacct ggaggggcca atgggatgcc ttcaatgcat 480
catactgaga acacccatgg aggaagcaag caagacaact cagaggctgg ggcaggtggt 540
gatggccagg ggaactcagc cgggtggccac agaagtggcg acggagagga caagtga 597

<210> 155
<211> 198
<212> PRT
<213> Fragaria vesca

<400> 155

Met Gln Gln Gln Pro Gln Gln Met Met Pro Asn Met Thr Ser Leu Pro
1 5 10 15

Pro Asn Thr Ile Thr Thr Glu Gln Ile Gln Lys Cys Leu Asp Glu Asn
20 25 30

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

<210> 156
<211> 639
<212> ДНК
<213> Glycine max

<400> 156
atgcagcagc acctgatgca gatgcagccc atgatggctg cctactaccc caacaacgtc 60
accactgatc acattcaaca gtacctggat gagaacaagt ccttgattct gaagattgtt 120
gaaagccaga attctggcaa gctgagcgag tgtgccgaga accaatcaag gctgcagaga 180
aatctcatgt acctagctgc aatagctgat tctcaaccac aacctctcc attggctgggt 240
cagtatcctt ctagtggact tgtgcagcag ggagcacact acatgcaggc tcaacaggct 300
cagcagatgt cacaacaaca gctaattggct tcgcgctcct cgctcctgta ctcccaacag 360
cctttctcag tgcttcaaca gcagcaaggc atgcacagcc aacttggeat gagctccagt 420
ggaagtcaag gcctccacat gctgcaaagt gaagccacta atgttgagg caatgcaacc 480
ataggaaccg gagggagggt tccggacttt gtacgcattg gtagtggcaa gcaagatatt 540
ggaatctctg gtgaaggcag aggaggaaac tctagtggcc actctggtga tgggtggtgag 600
acacttaatt acctgaaagc tgctggtgat ggaaactga 639

<210> 157
<211> 212

<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 157

```

Met Gln Gln His Leu Met Gln Met Gln Pro Met Met Ala Ala Tyr Tyr
1           5           10           15

Pro Asn Asn Val Thr Thr Asp His Ile Gln Gln Tyr Leu Asp Glu Asn
20           25           30

Lys Ser Leu Ile Leu Lys Ile Val Glu Ser Gln Asn Ser Gly Lys Leu
35           40           45

Ser Glu Cys Ala Glu Asn Gln Ser Arg Leu Gln Arg Asn Leu Met Tyr
50           55           60

Leu Ala Ala Ile Ala Asp Ser Gln Pro Gln Pro Ser Pro Leu Ala Gly
65           70           75           80

Gln Tyr Pro Ser Ser Gly Leu Val Gln Gln Gly Ala His Tyr Met Gln
85           90           95

Ala Gln Gln Ala Gln Gln Met Ser Gln Gln Gln Leu Met Ala Ser Arg
100          105          110

Ser Ser Leu Leu Tyr Ser Gln Gln Pro Phe Ser Val Leu Gln Gln Gln
115          120          125

Gln Gly Met His Ser Gln Leu Gly Met Ser Ser Ser Gly Ser Gln Gly
130          135          140

Leu His Met Leu Gln Ser Glu Ala Thr Asn Val Gly Gly Asn Ala Thr
145          150          155          160

Ile Gly Thr Gly Gly Gly Phe Pro Asp Phe Val Arg Ile Gly Ser Gly
165          170          175

Lys Gln Asp Ile Gly Ile Ser Gly Glu Gly Arg Gly Gly Asn Ser Ser
180          185          190

Gly His Ser Gly Asp Gly Gly Glu Thr Leu Asn Tyr Leu Lys Ala Ala
195          200          205

Gly Asp Gly Asn
210

```

<210> 158
<211> 633
<212> ДНК
<213> Glycine max

<400> 158

```

atgcagcagc acctgatgca gatgcagccc atgatggcag gctactaccc caacaacgtc      60

accactgatc acattcagca gtatctggat gagaacaagt ccttaattct gaagattgtt      120

gaaagccaga attctggcaa gctgagcgag tgtgccgaga accaagcaag gcttcagaga      180

aatctcatgt acttagctgc aatagctgat tctcaacccc aaccacccac catgtctggt      240

cagtaccctc cgagtgggat gatgcagcag ggagcacagt acatgcaggc tcaacaacag      300

```

gcacagcaga tgacaccaca acaactaatg gcagcacgct catctctttt gtacgcacag 360
cagccgtact cagcacttca acagcagcaa gccatgcaca gtgcactggg gtcgagttcg 420
gggctccaca tgctgcaaag tgaaggcagc aatgtgaatg tgggaggagg gtttcctgac 480
tttgtgcgtg gcggcagctc cacaggggag ggtttgcaca gtggtggaag ggggtatcatt 540
ggaagtagca agcaggaaat ggggggttca agtgaaggcc gcggtgaagg gggtgaaaac 600
ctctacctca aagttgctga tgatggaaac tag 633

<210> 159
<211> 210
<212> PRT
<213> Glycine max

<400> 159

Met Gln Gln His Leu Met Gln Met Gln Pro Met Met Ala Gly Tyr Tyr
1 5 10 15
Pro Asn Asn Val Thr Thr Asp His Ile Gln Gln Tyr Leu Asp Glu Asn
20 25 30
Lys Ser Leu Ile Leu Lys Ile Val Glu Ser Gln Asn Ser Gly Lys Leu
35 40 45
Ser Glu Cys Ala Glu Asn Gln Ala Arg Leu Gln Arg Asn Leu Met Tyr
50 55 60
Leu Ala Ala Ile Ala Asp Ser Gln Pro Gln Pro Pro Thr Met Ser Gly
65 70 75 80
Gln Tyr Pro Pro Ser Gly Met Met Gln Gln Gly Ala Gln Tyr Met Gln
85 90 95
Ala Gln Gln Gln Ala Gln Gln Met Thr Pro Gln Gln Leu Met Ala Ala
100 105 110
Arg Ser Ser Leu Leu Tyr Ala Gln Gln Pro Tyr Ser Ala Leu Gln Gln
115 120 125
Gln Gln Ala Met His Ser Ala Leu Gly Ser Ser Ser Gly Leu His Met
130 135 140
Leu Gln Ser Glu Gly Ser Asn Val Asn Val Gly Gly Gly Phe Pro Asp
145 150 155 160
Phe Val Arg Gly Gly Ser Ser Thr Gly Glu Gly Leu His Ser Gly Gly
165 170 175
Arg Gly Ile Ile Gly Ser Ser Lys Gln Glu Met Gly Gly Ser Ser Glu
180 185 190
Gly Arg Gly Glu Gly Gly Glu Asn Leu Tyr Leu Lys Val Ala Asp Asp
195 200 205
Gly Asn
210
<210> 160
<211> 642

<212> ДНК

<213> Glycine max

<400> 160

```

atgcagcaga caccgccaat gattcctatg atgccttctt tcccacctac gaacataacc      60
accgagcaga ttcaaaaata ccttgatgag aacaagaagc tgattctggc aatattggac      120
aatcaaaatc ttggaaaact tgcagaatgt gcccagtacc aagctcagct tcaaaagaat      180
ttgatgtatt tagctgcaat tgctgatgcc cagcctcaaa ccccgccat gcctccgcag      240
atggcaccgc accctgccat gcaaccagga ttctatatgc aacatcctca ggctgctgca      300
gcagcaatgg ctcagcagca gcaaggaatg ttccccaga aaatgccatt gcaatttggc      360
aatccacatc aaatgcagga acaacaacag cagctacacc agcaggccat ccaaggtcaa      420
atgggactta gacctggaga tataaataat ggcatgcatc caatgcacag tgaggctgct      480
cttgagggtg gaaacagcgg tgggccacct tcggctactg gtccaaacga tgcacgtggt      540
ggaagcaagc aagatgcctc tgaggctgga acagctggtg gagacggcca aggcagctcc      600
gcggctgctc ataacagtgg agatggtgaa gaggcaaagt ga                        642

```

<210> 161

<211> 213

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 161

```

Met Gln Gln Thr Pro Pro Met Ile Pro Met Met Pro Ser Phe Pro Pro
1                               10                      15

Thr Asn Ile Thr Thr Glu Gln Ile Gln Lys Tyr Leu Asp Glu Asn Lys
20                      25                      30

Lys Leu Ile Leu Ala Ile Leu Asp Asn Gln Asn Leu Gly Lys Leu Ala
35                      40                      45

Glu Cys Ala Ala Gln Tyr Gln Ala Gln Leu Gln Lys Asn Leu Met Tyr Leu
50                      55                      60

Ala Ala Ile Ala Asp Ala Gln Pro Gln Thr Pro Ala Met Pro Pro Gln
65                      70                      75                      80

Met Ala Pro His Pro Ala Met Gln Pro Gly Phe Tyr Met Gln His Pro
85                      90                      95

Gln Ala Ala Ala Ala Ala Met Ala Gln Gln Gln Gln Gly Met Phe Pro
100                     105                     110

Gln Lys Met Pro Leu Gln Phe Gly Asn Pro His Gln Met Gln Glu Gln
115                     120                     125

Gln Gln Gln Leu His Gln Gln Ala Ile Gln Gly Gln Met Gly Leu Arg
130                     135                     140

Pro Gly Asp Ile Asn Asn Gly Met His Pro Met His Ser Glu Ala Ala
145                     150                     155                     160

```

Leu Gly Gly Gly Asn Ser Gly Gly Pro Pro Ser Ala Thr Gly Pro Asn
165 170 175

Asp Ala Arg Gly Gly Ser Lys Gln Asp Ala Ser Glu Ala Gly Thr Ala
180 185 190

Gly Gly Asp Gly Gln Gly Ser Ser Ala Ala Ala His Asn Ser Gly Asp
195 200 205

Gly Glu Glu Ala Lys
210

<210> 162

<211> 633

<212> ДНК

<213> Glycine max

<400> 162

atgcagcaga caccgcctat gattcctatg atgccttcgt tcccacctac gaacataacc 60

accgagcaga ttcaaaaata ccttgatgag aacaagaagc tgattctggc aatattggac 120

aatcaaaatc ttggaaaact tgcagaatgt gcccagtacc aagctcagct tcaaaagaat 180

ttgatgtatt tagctgcaat tgctgatgcc cagcctcaaa caccagccat gcctccacag 240

atggcaccac accctgccat gcaaccagga ttctatatgc aacatcctca ggctgcagca 300

gcagcaatgg ctcagcagca gcagcaagga atgttcccc agaaaatgcc attgcaattt 360

ggcaatccac atcaaatgca ggaacaacag cagcagctac accagcaagc catccaaggt 420

caaatgggac tgagacctgg aggaataaat aatggcatgc atccaatgca caatgagggc 480

ggcaacagcg gtgggtccacc ctgggtacc ggtccgaacg acgcacgtgg tggaagcaag 540

caagatgctt ctgaggctgg aacagctggt ggagatggcc aaggcagctc tgcagctgct 600

cataacagtg gagatggtga agaggcaaag tga 633

<210> 163

<211> 210

<212> PRT

<213> Glycine max

<400> 163

Met Gln Gln Thr Pro Pro Met Ile Pro Met Met Pro Ser Phe Pro Pro
1 5 10 15

Thr Asn Ile Thr Thr Glu Gln Ile Gln Lys Tyr Leu Asp Glu Asn Lys
20 25 30

Lys Leu Ile Leu Ala Ile Leu Asp Asn Gln Asn Leu Gly Lys Leu Ala
35 40 45

Glu Cys Ala Gln Tyr Gln Ala Gln Leu Gln Lys Asn Leu Met Tyr Leu
50 55 60

Ala Ala Ile Ala Asp Ala Gln Pro Gln Thr Pro Ala Met Pro Pro Gln
65 70 75 80

Met Ala Pro His Pro Ala Met Gln Pro Gly Phe Tyr Met Gln His Pro

	85	90	95	
Gln Ala Ala Ala Ala Ala Met Ala Gln Gln Gln Gln Gly Met Phe	100	105	110	
Pro Gln Lys Met Pro Leu Gln Phe Gly Asn Pro His Gln Met Gln Glu	115	120	125	
Gln Gln Gln Gln Leu His Gln Gln Ala Ile Gln Gly Gln Met Gly Leu	130	135	140	
Arg Pro Gly Gly Ile Asn Asn Gly Met His Pro Met His Asn Glu Gly	145	150	155	160
Gly Asn Ser Gly Gly Pro Pro Ser Ala Thr Gly Pro Asn Asp Ala Arg	165	170	175	
Gly Gly Ser Lys Gln Asp Ala Ser Glu Ala Gly Thr Ala Gly Gly Asp	180	185	190	
Gly Gln Gly Ser Ser Ala Ala Ala His Asn Ser Gly Asp Gly Glu Glu	195	200	205	
Ala Lys	210			
<210>	164			
<211>	633			
<212>	ДНК			
<213>	Glycine soya			
<400>	164			
atgcagcaga caccgcctat gattcctatg atgccttcgt tccacacctac gaacataacc				60
accgagcaga ttcaaaaata ccttgatgag aacaagaagc tgattctggc aatattggac				120
aatcaaaatc ttggaaaact tgcagaatgt gcccagtacc aagctcagct tcaaaagaat				180
ttgatgtatt tagctgcaat tgctgatgcc cagcctcaaa caccagccat gcctccacag				240
atggcaccac accctgccat gcaaccagga ttctatatgc aacatcctca ggctgcagca				300
gcagcaatgg ctcagcagca gcagcaagga atgttccccc agaaaatgcc attgcaattt				360
ggcaatccac atcaaatgca ggaacaacag cagcagctac accagcaagc catccaaggt				420
caaatgggac tgagacctgg aggaataaat aatggcatgc atccaatgca caatgagggc				480
ggcaacacgc gtggtccacc ctcggtacc ggtccgaacg acgcacgtgg tggaagcaag				540
caagatgctt ctgaggctgg aacagctggg ggagatggcc aaggcagctc tgcagctgct				600
cataacagtg gagatggtga agaggcaaag tga				633
<210>	165			
<211>	210			
<212>	PRT			
<213>	Glycine soya			
<400>	165			
Met Gln Gln Thr Pro Pro Met Ile Pro Met Met Pro Ser Phe Pro Pro	5	10	15	
1				

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

<210> 166
 <211> 660
 <212> ДНК
 <213> Gossypium arboreum

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (309)..(309)
 <223> n is a, c, g, or t

<400> 166
 atgcagcagc acctgatgca gatgcagccc atgatggcag cttattatcc caacaacgtc 60
 actactgatc atattcaaca gtatctcgat gagaacaagt cattgatctt aaagattgtt 120
 gagagccaga attctgggaa attgagtga tgtgctgaga accaagcaag gctgcagcga 180
 aacctcatgt acctggctgc cattgcggat tctcaacccc aaccacccac cgtgcatgca 240
 cagtttccat ctggtggtat catgcagcaa ggagctgggc actacatgca gcaccaacaa 300
 gctcaacana tgacacaaca gtcgcttatg gctgctcggt cctcaatgtt gtattctcag 360

```

caaccatttt ctgcaactgca acaacaacaa caacaaggct ttgcacagtc agcttggeat 420
gagctctggc gggagcacag gcctttcata tgctgcaaac tgaatctagt actgcagggg 480
gcagtgagac accttggggc cgaggggtgt cctgatttgg acgggggtct tttggagagg 540
catccctggt ggcaggccaa tggccggggg aacaacaaa aatccgggga ggccggctca 600
cctaaggggc gggaggagcc cttggggcag ggggggtga tggggggaac ctcttcttaa 660

```

```

<210> 167
<211> 219
<212> PRT
<213> Gossypium arboreum

```

```

<220>
<221> невизначено
<222> (103)..(103)
<223> Xaa означає будь-яку природну амінокислоту

```

<400> 167

```

Met Gln Gln His Leu Met Gln Met Gln Pro Met Met Ala Ala Tyr Tyr
1           5           10           15

Pro Asn Asn Val Thr Thr Asp His Ile Gln Gln Tyr Leu Asp Glu Asn
          20           25           30

Lys Ser Leu Ile Leu Lys Ile Val Glu Ser Gln Asn Ser Gly Lys Leu
          35           40           45

Ser Glu Cys Ala Glu Asn Gln Ala Arg Leu Gln Arg Asn Leu Met Tyr
          50           55           60

Leu Ala Ala Ile Ala Asp Ser Gln Pro Gln Pro Pro Thr Val His Ala
65           70           75           80

Gln Phe Pro Ser Gly Gly Ile Met Gln Gln Gly Ala Gly His Tyr Met
          85           90           95

Gln His Gln Gln Ala Gln Xaa Met Thr Gln Gln Ser Leu Met Ala Ala
          100          105          110

Arg Ser Ser Met Leu Tyr Ser Gln Gln Pro Phe Ser Ala Leu Gln Gln
          115          120          125

Gln Gln Gln Gln Gly Phe Ala Gln Ser Ala Trp His Glu Leu Trp Arg
          130          135          140

Glu His Arg Pro Phe Ile Cys Cys Lys Leu Asn Leu Val Leu Gln Gly
145          150          155          160

Ala Val Arg His Leu Gly Pro Glu Gly Cys Pro Asp Leu Asp Gly Gly
          165          170          175

Leu Leu Glu Arg His Pro Trp Trp Gln Ala Asn Gly Arg Gly Asn Asn
          180          185          190

Gln Lys Ser Gly Glu Ala Gly Ser Pro Lys Gly Arg Glu Glu Pro Leu
          195          200          205

Gly Gln Gly Gly Val Met Gly Gly Thr Ser Ser
          210          215

```

```

<210> 168
<211> 690
<212> ДНК
<213> Gossypium hirsutum

<400> 168
atgcagcagc acctgatgca gatgcagccc atgatggcag cttattatcc caacaacgtc   60
actactgata atattcaaca gtatctcgat gagaacaagt cattgatctt aaagattgtt   120
gagagccaga attctgggaa attgagtga tgtgctgaga accaagcaag gctgcagcga   180
aacctcatgt acctggctgc cattgcggat tctcaacccc aaccaccac cgtgcatgca   240
cagtttccat ctggtggtat catgcagcca ggagctgggc actacatgca gcaccaacaa   300
gctcaacaaa tgacacaaca gtcgcttatg gctgctcggc cctcaatgtt gtattctcag   360
caaccatttt ctgcactgca acaacaacag cagcaagctt tgcacagtca gcttggcatg   420
agctctggcg gaagcacagg ccttcatatg ctgcaaaactg aatctagtag tgcaggtggc   480
agtggagcac ttggggcccg agggtttccg gattttggac gtggttcttc tggagaaggc   540
atccatggtg gcaggccaat ggcaggtgga agcaagcaag atatcgggag tgccggctca   600
gctgaaggtc gtggaggaag ctctggtggt cagggtggtg gtgatggggg tgaaacctt   660
tacttaaaag cagccgatga tgggaactga   690

<210> 169
<211> 229
<212> PRT
<213> Gossypium hirsutum

<400> 169
Met  Gln  Gln  His  Leu  Met  Gln  Met  Gln  Pro  Met  Met  Ala  Ala  Tyr  Tyr
1      5      10      15
Pro  Asn  Asn  Val  Thr  Thr  Asp  His  Ile  Gln  Gln  Tyr  Leu  Asp  Glu  Asn
20     25     30
Lys  Ser  Leu  Ile  Leu  Lys  Ile  Val  Glu  Ser  Gln  Asn  Ser  Gly  Lys  Leu
35     40     45
Ser  Glu  Cys  Ala  Glu  Asn  Gln  Ala  Arg  Leu  Gln  Arg  Asn  Leu  Met  Tyr
50     55     60
Leu  Ala  Ala  Ile  Ala  Asp  Ser  Gln  Pro  Gln  Pro  Pro  Thr  Val  His  Ala
65     70     75     80
Gln  Phe  Pro  Ser  Gly  Gly  Ile  Met  Gln  Pro  Gly  Ala  Gly  His  Tyr  Met
85     90     95
Gln  His  Gln  Gln  Ala  Gln  Gln  Met  Thr  Gln  Gln  Ser  Leu  Met  Ala  Ala
100    105    110
Arg  Ser  Ser  Met  Leu  Tyr  Ser  Gln  Gln  Pro  Phe  Ser  Ala  Leu  Gln  Gln
115    120    125
Gln  Gln  Gln  Gln  Ala  Leu  His  Ser  Gln  Leu  Gly  Met  Ser  Ser  Gly  Gly

```

130 135 140

Ser Thr Gly Leu His Met Leu Gln Thr Glu Ser Ser Thr Ala Gly Gly
145 150 155 160

Ser Gly Ala Leu Gly Ala Gly Gly Phe Pro Asp Phe Gly Arg Gly Ser
165 170 175

Ser Gly Glu Gly Ile His Gly Gly Arg Pro Met Ala Gly Gly Ser Lys
180 185 190

Gln Asp Ile Gly Ser Ala Gly Ser Ala Glu Gly Arg Gly Gly Ser Ser
195 200 205

Gly Gly Gln Gly Gly Gly Asp Gly Gly Glu Thr Leu Tyr Leu Lys Ala
210 215 220

Ala Asp Asp Gly Asn
225

<210> 170
<211> 642
<212> ДНК
<213> Gossypium hirsutum

<400> 170
atgccgcagc caccgcaa atgattcctgtg atgccttcat atccacctac taatatcact 60
actgaacaga ttcagaagta ccttgatgag aataagaagt tgattttggc aattttggac 120
aatcagaatc ttggaaaact cgctgaatgc gccagatgc aagctcagct gcaaaagaat 180
ttgatgtatt tagctgcaat tgcggatgct caacctcaat caacgccagc aatgtcgctt 240
cagatggcac cgcattccagc aatgcaaccc ggaggatatt ttatgcaaca tcctcaagct 300
gctgcaatgt cacagcaacc tggcatgtac cctcaaaagg tgccattgca attcaatagt 360
ccgcatcaaa tgcaggaccc tcagcacctc ctatatcagc agcatcaaca agcaatgcaa 420
gggtcaaatgg gaatcaggcc tgggggaccc aataatagca tgcattccat gcattcagag 480
gctagccttg gaggcggcag cagtgggtgt cccctcaac cttcaggccc aagtgatgga 540
cgtgctggaa acaagcaaga gggctccgaa gctggtggtg atgggcaggg cagcacaact 600
gggtgggcatg gtggcggtga tggagcggat gaggcaaagt ga 642

<210> 171
<211> 213
<212> PRT
<213> Gossypium hirsutum

<400> 171

Met Pro Gln Pro Pro Gln Met Ile Pro Val Met Pro Ser Tyr Pro Pro
1 5 10 15

Thr Asn Ile Thr Thr Glu Gln Ile Gln Lys Tyr Leu Asp Glu Asn Lys
20 25 30

Lys Leu Ile Leu Ala Ile Leu Asp Asn Gln Asn Leu Gly Lys Leu Ala
35 40 45

Glu Cys Ala Gln Tyr Gln Ala Gln Leu Gln Lys Asn Leu Met Tyr Leu
50 55 60

Ala Ala Ile Ala Asp Ala Gln Pro Gln Ser Thr Pro Ala Met Ser Pro
65 70 75 80

Gln Met Ala Pro His Pro Ala Met Gln Pro Gly Gly Tyr Phe Met Gln
85 90 95

His Pro Gln Ala Ala Ala Met Ser Gln Gln Pro Gly Met Tyr Pro Gln
100 105 110

Lys Val Pro Leu Gln Phe Asn Ser Pro His Gln Met Gln Asp Pro Gln
115 120 125

His Leu Leu Tyr Gln Gln His Gln Gln Ala Met Gln Gly Gln Met Gly
130 135 140

Ile Arg Pro Gly Gly Pro Asn Asn Ser Met His Pro Met His Ser Glu
145 150 155 160

Ala Ser Leu Gly Gly Gly Ser Ser Gly Gly Pro Pro Gln Pro Ser Gly
165 170 175

Pro Ser Asp Gly Arg Ala Gly Asn Lys Gln Glu Gly Ser Glu Ala Gly
180 185 190

Gly Asn Gly Gln Gly Ser Thr Thr Gly Gly His Gly Gly Gly Asp Gly
195 200 205

Ala Asp Glu Ala Lys
210

<210> 172
<211> 630
<212> ДНК
<213> Helianthus annuus

<400> 172
atgcagcagc acctgatgca gatgcagccc atgatggcag cctattatcc caccaacaac 60
gtcactactg atcatattca acagtacttg gatgaaaaca agtctctgat cttgaagatt 120
gttgagagcc aaaactctgg gaaaatggct gaatgtgcag aacatcaggc caagcttcag 180
agaaacctta tgtaccttgc tgcaattgct gattctcaac ctcaagcacc tagtcttcac 240
ttctcagtatc ctcaagggtg gatgatgcag cagcaggctg gaagtcacta catgcagcag 300
caccaacagg cacaacagat gtcaccacaa gcactcatgg ctgcacgctc atccatgatg 360
tacagtcagc agcagtactc ttactacag cagcaagcaa tgcatagccca tctgggcatg 420
agttctggaa ctggaaccag tggacttcac atgctgcaga ccgacaataa tagcgcggtt 480
gtcagtgagg cccacctaag tgggtgggttc cccgactttg gtcgtaagca agatattggt 540
cccaccggtg aggggcgggg tgggtggtagc tctggcgggt gagacggtgg cgagacgctc 600
tacttgaagt cgcctgataa aggtaactga 630

<210> 173

<211> 209
<212> PRT
<213> Helianthus annuus

<400> 173

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

Asn

<210> 174
<211> 561
<212> ДНН
<213> Hordeum vulgare

<400> 174

atgcagcaag ccatgcccat gccgccggcg gcggcgggcg ctgggatgcc tccttctgcc 60
ggcctcagca ccgagcagat ccaaaagtac ctggatgaaa ataaacaact aattttggct 120
atcttgaaa atcagaacct gggaaagttg gcggaatgtg ctgagtatca agctcagctt 180
cagaagaatc ttttgatatt ggctgcgatt gctgatactc agccacagac ctctgtaagc 240
cgtcctcaga tggcaccacc tgctgcatcc ccaggggcag ggcattacat gtcacagggtg 300

```

ccaatgttcc ctcgaggac cctctaacg cctcagcaga tgcaggagca gcaactacag 360
caacaacagg ctcagatgct tccgtttgct ggtcaaattg ttgcgagacc cggggctgtc 420
aatggcattc cccaggcccc tcaagttgaa caaccagcct atgcagcagg tggggccagt 480
tccgagcctt ctggcaccga gagccacagg agcactggcg ccgataacga tgggtgggagc 540
ggcttggtg accagtccta a 561

```

```

<210> 175
<211> 186
<212> PRT
<213> Hordeum vulgare

```

```

<400> 175

```

```

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

```

```

<210> 176
<211> 555
<212> ДНК
<213> Lactuca serriola

```

```

<220>
<221> misc_feature
<222> (253)..(253)
<223> n is a, c, g, or t

```

```

<400> 176
atgaagcagc cgatgatgcc gaatccaatg atgtcttctt cgtttctctc tacaacatc      60
accaccgatc agatccaaaa gttccttgat gaaaacaagc aactaattat agcaataatg      120
agcaacctaa atcttggaag gcttgctgaa tgtgcccagt accaagctct actccaaaaa      180
aatttgatgt atctagcagc cattgcagat gctcaaccac ctacacctac accaactacta      240
aatatctctt atnagatggg cccgggtcca catccaggga tgccacagca aggtggattt      300
tacatggcgc agcagcacc tcaggcggct gtaatgacgg ctcagccacc ttctggtttt      360
ccacaaccga tgcttggtat gcaatttaac agcccacagg ctattcaagg gcagatgggc      420
gggagggtccg gtggggccgcc aagctcagcc gctagtgatg tctggagagg aagcatgcaa      480
gatggtggtg gtggtgctgc tgctgatggt ggtaaggatg gtcagtctgg cgggtggacct      540
gaggaagcaa agtaa                                                    555

```

```

<210> 177
<211> 184
<212> PRT
<213> Lactuca serriola

<220>
<221> невизначено
<222> (85)..(85)
<223> Xaa означає будь-яку природну амінокислоту

```

```

<400> 177
Met Lys Gln Pro Met Met Pro Asn Pro Met Met Ser Ser Ser Phe Pro
1              5              10              15

Pro Thr Asn Ile Thr Thr Asp Gln Ile Gln Lys Phe Leu Asp Glu Asn
          20              25              30

Lys Gln Leu Ile Ile Ala Ile Met Ser Asn Leu Asn Leu Gly Lys Leu
          35              40              45

Ala Glu Cys Ala Gln Tyr Gln Ala Leu Leu Gln Lys Asn Leu Met Tyr
          50              55              60

Leu Ala Ala Ile Ala Asp Ala Gln Pro Pro Thr Pro Thr Pro Thr Leu
65              70              75              80

Asn Ile Ser Tyr Xaa Met Gly Pro Val Pro His Pro Gly Met Pro Gln
          85              90              95

Gln Gly Gly Phe Tyr Met Ala Gln Gln His Pro Gln Ala Ala Val Met
          100              105              110

Thr Ala Gln Pro Pro Ser Gly Phe Pro Gln Pro Met Pro Gly Met Gln
          115              120              125

Phe Asn Ser Pro Gln Ala Ile Gln Gly Gln Met Gly Gly Arg Ser Gly
          130              135              140

Gly Pro Pro Ser Ser Ala Ala Ser Asp Val Trp Arg Gly Ser Met Gln
145              150              155              160

```


Asp Gly Gly Gly Gly Ala Ala Ala Asp Gly Gly Lys Asp Gly His Ala
 165 170 175

Gly Gly Gly Pro Glu Glu Ala Lys
 180

<210> 178
 <211> 627
 <212> ДНК
 <213> *Lycopersicon esculentum*

<400> 178
 atgcagcagc acctgatgca gatgcagccc atgatggcag cttactatcc aacgaacgtc 60
 actactgacc atattcaaca gtatttggat gaaaacaaat cactcattct gaagattgtt 120
 gagagccaga actctgggaa actcagttaa tgtgcggaga accaagctag gcttcagagg 180
 aatctgatgt accttgctgc gattgctgat tcacaacctc aaccttctag catgcattct 240
 cagttctctt ctggtgggat gatgcagcca gggacacaca gttacttgca gcagcagcag 300
 cagcaacaac aagcgcaaca aatggcaaca caacaactca tggtgcaag atcctcgtcg 360
 atgctctatg gacaacagca gcagcaatct cagttatcgc aatatcaaca aggcttgcag 420
 agtagccaac tcggcatgag ttctggcagt ggcggaagca ctggacttca tcacatgctt 480
 caaagtgaat catcacctca tgggtggtgt ttctctcatg acttcggccg cgaaaataag 540
 caagacattg ggagtagtat gtctgctgaa gggcgcggcg gaagttcagg tggtagaat 600
 ctttatctga aagcttctga ggattga 627

<210> 179
 <211> 208
 <212> PRT
 <213> *Lycopersicon esculentum*

<400> 179
 Met Gln Gln His Leu Met Gln Met Gln Pro Met Met Ala Ala Tyr Tyr
 1 5 10 15
 Pro Thr Asn Val Thr Thr Asp His Ile Gln Gln Tyr Leu Asp Glu Asn
 20 25 30
 Lys Ser Leu Ile Leu Lys Ile Val Glu Ser Gln Asn Ser Gly Lys Leu
 35 40 45
 Ser Glu Cys Ala Glu Asn Gln Ala Arg Leu Gln Arg Asn Leu Met Tyr
 50 55 60
 Leu Ala Ala Ile Ala Asp Ser Gln Pro Gln Pro Ser Ser Met His Ser
 65 70 75 80
 Gln Phe Ser Ser Gly Gly Met Met Gln Pro Gly Thr His Ser Tyr Leu
 85 90 95
 Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln Ala Gln Gln Met Ala Thr Gln Gln
 100 105 110

Leu Met Ala Ala Arg Ser Ser Ser Met Leu Tyr Gly Gln Gln Gln Gln
115 120 125
Gln Ser Gln Leu Ser Gln Tyr Gln Gln Gly Leu His Ser Ser Gln Leu
130 135 140
Gly Met Ser Ser Gly Ser Gly Gly Ser Thr Gly Leu His His Met Leu
145 150 155 160
Gln Ser Glu Ser Ser Pro His Gly Gly Gly Phe Ser His Asp Phe Gly
165 170 175
Arg Ala Asn Lys Gln Asp Ile Gly Ser Ser Met Ser Ala Glu Gly Arg
180 185 190
Gly Gly Ser Ser Gly Gly Glu Asn Leu Tyr Leu Lys Ala Ser Glu Asp
195 200 205

<210> 180
<211> 624
<212> ДНК
<213> Malus domestica

<400> 180
atgcagcagc caccacaaat gatccccgtc atgccttcat ttcctccac caacatcacc 60
accgaacaaa ttcagaagta ccttgatgac aacaaaaagt tgattctggc aatattggat 120
aatcaaaatc ttggaaaact tgctgagtgt gctcagtacc aggctctgct tcaaaagaat 180
ctgatgtatt tagcagcaat tgccgatgcg caaccacagg caccagctgc cctccccag 240
atggccccac atcctgctat gcaacaggca ggatattaca tgcaacatcc tcaggcagca 300
gcaatggctc agcaacaggg tattttctcc ccaaagatgc cgatgcaatt caataacatg 360
catcaaatgc acgatccaca gcagcaccaa caagccatgc aaggggcaaat gggaatgaga 420
cctggagggc ctaacggcat gccttccatg cttcatactg aggccacaca tggtggtggt 480
agtgggcgcc caaattcagc tggagaccca aatgatgggc gtggaggaag caagcaagac 540
gcctctgagt ctggggcagg tggatgatggc caggggacct cagccggcgg gcgtggaact 600
ggtgatggag aggacggcaa gtga 624

<210> 181
<211> 207
<212> PRT
<213> Malus domestica

<400> 181
Met Gln Gln Pro Pro Gln Met Ile Pro Val Met Pro Ser Phe Pro Pro
1 5 10 15
Thr Asn Ile Thr Thr Glu Gln Ile Gln Lys Tyr Leu Asp Asp Asn Lys
20 25 30
Lys Leu Ile Leu Ala Ile Leu Asp Asn Gln Asn Leu Gly Lys Leu Ala
35 40 45
Glu Cys Ala Gln Tyr Gln Ala Leu Leu Gln Lys Asn Leu Met Tyr Leu

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

<210> 182
 <211> 636
 <212> ДНК
 <213> Medicago trunculata

<400> 182	
atgcagcagc acctgatgca gatgcagccc atgatggcag cttactatcc taacaacgtc	60
actactgatc atattcaaca gtatcttgat gagaacaagt ccttgattct caagattggt	120
gaaagccaga acaactggcaa gctcaccgag tgtgctgaga accaatcaag gcttcagaga	180
aatctcatgt acctagctgc aatagctgat tctcaacccc aaccacctac tatgcctggc	240
cagtaccctt caagtggaat gatgcagcag ggaggacact acatgcaggc tcaacaagct	300
cagcagatga cacaacaaca attaatggct gcacgttctt ctcttatgta tgctcaacag	360
cttcaacagc agcaagcctt gcaaagccaa cttggtatga attccagtgg aagtcaaggc	420
cttcacatgt tgcatagtga aggggctaatt gttggaggca attcatctct aggggctggt	480
tttcttgatt ttggccgtag ctcagccggt gatgggttgc acggcagtgg taagcaagac	540
attggaagca ctgatggccg cgggtggaagc tctagtggtc actctggtga tggcggcgaa	600
acactttacc tgaaatcttc tggatgatggg aattag	636

<210> 183
 <211> 211
 <212> PRT
 <213> Medicago trunculata

<400> 183

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

<210> 184
 <211> 639
 <212> ДНК
 <213> Medicago trunculata

<400> 184
 atgcagcaga cacctcaaat gattcctatg atgccttcat tcccacaaca aacaaacata 60
 accactgagc agattcaaaa atatcttgat gagaacaaga agctgacccg ggcaatattg 120
 gacaatcaaa atcttggaag acttgacagaa tgtgcccagt accaagctca gcttcagaag 180
 aatttgatgt atttagctgc aattgctgac gcgcagccac aaacaccggc cttgcctcca 240
 cagatggccc cgcaccctgc gatgcaacaa ggattctata tgcaacatcc tcaggctgca 300
 gcaatggctc agcaacaagg aatgttcccc caaaaaatgc caatgcagtt cggtaatccg 360
 catcaaatgc aggatcagca gcatcagcag caacaacagc agctacatca gcaagctatg 420

caaggtcaaa tgggacttag acctggaggg ataaataacg gcatgcatcc aatgcacaac 480
gaggctgctc tcggaggttag cggcagtggt ggtcaaatga cgggcgtggt ggtggagcaa 540
gcaagatgct tcggagctgg gacagccggc ggtgatggtc aaggaacctc tgccgcagct 600
gcgcacaaca gtggagatgc ttcagaagaa ggaaagtaa 639

<210> 185
<211> 213
<212> PRT
<213> Medicago trunculata

<400> 185

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

<210> 186
<211> 684
<212> DHK
<213> Oryza sativa

<400> 186

```

atgcagcagc aacacctgat gcagatgaac cagggcatga tggggggata tgcttccct 60
accaccgtca ccaactgatct cattcagcag tatctggatg agaacaagca gctgatcctg 120
gccatccttg acaaccagaa caatgggaag gtggaagagt gcgctcggaa ccaagctaag 180
ctccagcaca atctcatgta cctcgccgcc atcgccgaca gccagccgcc gcagacggcc 240
gccatgtccc agtatccgtc gaacctgatg atgcagtcgg gggcgaggta catgccgcag 300
cagtcggcgc agatgatggc gccgcagtcg ctgatggcgg cgaggtcttc gatgatgtac 360
gcgcagccgg cgctgtcgcc gctccagcag cagcagcagc agcaggcggc ggcggcgcac 420
gggcagctgg gcatgggctc ggggggcacc accagcgggt tcagcatcct ccacggcgag 480
gccagcatgg gcggcgccgg cggcggcggg ggcgccggta acagcatgat gaacgccggc 540
gtgttctccg acttcggacg cggcgccggc ggcggcgcca aggaggggtc cacctcgctg 600
tccgtcgacg tccggggcgc caactccggc gccagagcgg ggcacgggga gtacctcaag 660
ggcaccgagg aggaaggcag ctag 684

```

<210> 187
 <211> 227
 <212> PRT
 <213> Oryza sativa

<400> 187

```

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

```

Met Asn Ala Gly Val Phe Ser Asp Phe Gly Arg Gly Gly Gly Gly Gly
180 185 190

Gly Lys Glu Gly Ser Thr Ser Leu Ser Val Asp Val Arg Gly Ala Asn
195 200 205

Ser Gly Ala Gln Ser Gly Asp Gly Glu Tyr Leu Lys Gly Thr Glu Glu
210 215 220

Glu Gly Ser
225

<210> 188
<211> 558
<212> ДНК
<213> Oryza sativa

<400> 188
atgcagcagc agccgatgcc gatgcccgcg caggcgccgc cgacggccgg aatcaccacc 60
gagcagatcc aaaagtatct ggatgaaaac aagcagctta ttttggtat tttggaaaat 120
cagaatctgg gaaagttggc agaattgtct cagtatcaag cgcagcttca gaagaatctc 180
ttgtacttgg ctgcaattgc tgatactcaa cgcagacca ctataagccg tccccagatg 240
gtgccgcatg gtgcatcgcc ggggttaggg gggcaataca tgtcgcaggt gccaatgttc 300
ccccccagga cccctctaac gccccagcag atgcaggagc agcagctgca gcaacagcaa 360
gcccagctgc tctcgttcgg cggtcagatg gttatgaggc ctggcggtgt gaatggcatt 420
cctcagcttc tgcaaggcga aatgcaccgc ggagcagatc accagaacgc tggcggggcc 480
acctcggagc cttccgagag ccacaggagc accggcaccg aaaatgacgg tggaagcgac 540
ttcggcgatc aatcctaa 558

<210> 189
<211> 185
<212> PRT
<213> Oryza sativa

<400> 189

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

Val Pro Met Phe Pro Pro Arg Thr Pro Leu Thr Pro Gln Gln Met Gln
100 105 110
Glu Gln Gln Leu Gln Gln Gln Gln Ala Gln Leu Leu Ser Phe Gly Gly
115 120 125
Gln Met Val Met Arg Pro Gly Val Val Asn Gly Ile Pro Gln Leu Leu
130 135 140
Gln Gly Glu Met His Arg Gly Ala Asp His Gln Asn Ala Gly Gly Ala
145 150 155 160
Thr Ser Glu Pro Ser Glu Ser His Arg Ser Thr Gly Thr Glu Asn Asp
165 170 175
Gly Gly Ser Asp Phe Gly Asp Gln Ser
180 185

<210> 190
<211> 618
<212> ДНК
<213> Oryza sativa

<400> 190
atgcagcagc agatggccat gccggcgggg gccgccgccg ccgcggtgcc gccggcgggc 60
ggcatcacca ccgagcagat ccaaaagtat ttggatgaaa ataaacagct aattttggcc 120
atccttgaaa atcaaacct agggaagttg gctgaatgtg ctcagtacca agctcagctt 180
caaaagaatc tcttgatctt ggctgccatt gcagatgccc aaccacctca gaatccagga 240
agtcgccttc agatgatgca gcctggtgct accccaggtg ctgggcatta catgtcccaa 300
gtaccgatgt tccctccaag aactccctta accccacaac agatgcaaga gcagcagcag 360
cagcaactec agcaacagca agctcaggct ctacgcttcc ccggccagat gctaatgaga 420
ccagggtactg tcaatggcat gcaatctatc ccagttgctg accctgctcg cgcagccgat 480
cttcagacgg cagcaccggg ctcggtagat ggccgaggaa acaagcagga tgcaacctcg 540
gagccttccg ggaccgagag ccacaagagt gcgggagcag ataacgacgc aggcggtgac 600
atagcggaga agtcctga 618

<210> 191
<211> 205
<212> PRT
<213> Oryza sativa

<400> 191
Met Gln Gln Gln Met Ala Met Pro Ala Gly Ala Ala Ala Ala Val
1 5 10 15
Pro Pro Ala Ala Gly Ile Thr Thr Glu Gln Ile Gln Lys Tyr Leu Asp
20 25 30
Glu Asn Lys Gln Leu Ile Leu Ala Ile Leu Glu Asn Gln Asn Leu Gly
35 40 45

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

<210> 192
<211> 624
<212> ДНК
<213> Panicum virgatum

<400> 192
atgcagcagc agatgcccac gcagtcggcg cccccggcga ccggcatcac caccgagcag 60
atccaaaagt atttggatga aaataagcag cttatcttgg ccatcctgga aaatcagaac 120
ttaggaaagt tggctgaatg tgctcagtat caagctcagc ttcaaaagaa tctcttgtac 180
ctggctgcga ttgcagatgc ccaaccccaa ccaccacaga accctgcaag tcgcccacag 240
atgatgcaac ctggcatggt accaggtgca gggcattaca tgtcccaagt accaatgttc 300
ccgccaagaa caccattaac cccgcaacag atgcaagaac agcagcagca gcagcagcag 360
cttcaacagc agcaagcaca ggctcttgct ttcccgggac agatgggtcat gagacctacc 420
attaatggca tgcagcctat gcaagccgac cctgctgccg ccgcccgcag cctacagcag 480
tcagcacctg gccctactga tgggcgagga ggcaagcaag atgcaactgc tggggtgagc 540
acagagcctt ctggcaccga gagccacaag agcacaaccg cagcagatca cgatgtgggc 600
actgatgtcg cggagaaatc ctaa 624

<210> 193
<211> 207
<212> PRT
<213> Panicum virgatum

<400> 193

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

<210> 194

<211> 645

<212> ДНК

<213> Physcomitrella patens

<400> 194

atgcagcaaa tggcggcgta tacggggacg tctattacca cggagctaata ccagaagtat 60
 ctggacgaga acaagcagct taccctcgcg attcttgaca atcaaacct tggaaagctg 120
 aacgaatgcg ctatgtatca agcaaatgtg cagcagaatc ttatgtacct cgcagccatt 180
 gcggatgcac aacctcaagt gagccaaaac tcaactcagg tctcatcagg acaatctatg 240
 cagccctctc agcaatatat tcaacagcag cagcagcagc agatgatgat gatgaatcag 300
 cgaaactcaa tcccacaata catgcaacaa agccaacagg ggtcaccaaa cgcaccatca 360
 ccgcagcagc agtcctacca cagccagcag ccgcaaggta tgggtcccca gagaaactca 420
 gacatgcact tgggtgaaaaa ctctacagga ggcaacggta atcagacagg aggtagtgtg 480

tccgagtatg gaaagcctga ggaatcccgg gaggggaccc caacaagctt aagcacaaga 540
aacgatgggtc cacaggcggg ggcttctccg ttgggacaag cgagagaagg caatggagct 600
gctggagagg actctgaggc ttcttacttg aaaagctccg actaa 645

<210> 195
<211> 214
<212> PRT
<213> Physcomitrella patens

<400> 195

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

<210> 196
<211> 609
<212> ДНК
<213> Physcomitrella patens

<400> 196

atgcagcaaa tggcgccgta tgcggggaca tctatcacta ctgagctcat ccagaagtac 60

```

ctggacgaga acaagcagct gattctcgca attctcgata atcaaacct tggaaagctg 120
aacgaatgtg ctacgtatca agcaaagttg cagcagaatc ttatgtacct cgcagctatt 180
gcagacgcac aacccaagt tccagcagca caaccaatgc aaccatcaca gcaatatatt 240
cagcagcagc agcagcagat gatgatgaat caacgaaatc agtacttgca gcaaaatcaa 300
caaggagtag aaaacgcacc atcaccgcag tcgcagcagt cgtatcacia ccagcagcca 360
ggcatggtct cccagggaaa ctcggggatg cacatggtga atagttccat gggtaggtaat 420
ggcaaccaga caggaggaaa tgtttccgag tatgggaaac cagaagattc ccgggagggg 480
actccaacaa gcttgaatac aaggaatgaa ggtccacaag cgggggcttc cccactggga 540
caagcaagag aagggaatgg tgcgccagga gaggattcag aggcctcata cttaaaaagc 600
tccgagtga 609

```

```

<210> 197
<211> 202
<212> PRT
<213> Physcomitrella patens

```

```

<400> 197

```

```

Met Gln Gln Met Ala Pro Tyr Ala Gly Thr Ser Ile Thr Thr Glu Leu
1          5          10          15

Ile Gln Lys Tyr Leu Asp Glu Asn Lys Gln Leu Ile Leu Ala Ile Leu
20          25          30

Asp Asn Gln Asn Leu Gly Lys Leu Asn Glu Cys Ala Thr Tyr Gln Ala
35          40          45

Lys Leu Gln Gln Asn Leu Met Tyr Leu Ala Ala Ile Ala Asp Ala Gln
50          55          60

Pro Gln Val Pro Ala Ala Gln Pro Met Gln Pro Ser Gln Gln Tyr Ile
65          70          75          80

Gln Gln Gln Gln Gln Gln Met Met Met Asn Gln Arg Asn Gln Tyr Leu
85          90          95

Gln Gln Asn Gln Gln Gly Val Gln Asn Ala Pro Ser Pro Gln Ser Gln
100         105         110

Gln Ser Tyr His Asn Gln Gln Pro Gly Met Val Ser Gln Gly Asn Ser
115         120         125

Gly Met His Met Val Asn Ser Ser Met Gly Gly Asn Gly Asn Gln Thr
130         135         140

Gly Gly Asn Val Ser Glu Tyr Gly Lys Pro Glu Asp Ser Arg Glu Gly
145         150         155         160

Thr Pro Thr Ser Leu Asn Thr Arg Asn Glu Gly Pro Gln Ala Gly Ala
165         170         175

Ser Pro Leu Gly Gln Ala Arg Glu Gly Asn Gly Ala Pro Gly Glu Asp
180         185         190

```

Ser Glu Ala Ser Tyr Leu Lys Ser Ser Glu
 195 200

<210> 198
 <211> 654
 <212> ДНК
 <213> Physcomitrella patens

<400> 198
 atgatgcagc acatggcgac gtatgccagc tccaacatca caacggagct cattcagaag 60
 tacttggacg agaataagca gttgattctc gctatcctcg acaaccaaaa cctcggcaag 120
 ctcaatgagt gtgcaacgta tcaagcgaag ttgcagcaga atctcatgta ttgggtgcc 180
 atagctgatg ctcagccaca aggccatct tgcagatgc cagcacctgc gccggcgcca 240
 accatgcaac cagctcagca gtacatgcaa cagcagcaac aactccggat gatgagccaa 300
 cagaacagta tgatcccttc ctaccttcag cacagccaac aagcatcgca gcagaacttc 360
 tacagtcaac aaagcctgct ctccggggga gggggctcaa tacacatgat gtccacggac 420
 cgcgccatcg gaggaatgg atcccaggct tcgccaggat attctgatgg agggcgggat 480
 cagagccaaa tgggtttggc aatgcagggc gacatgcatg gtggaaacgg gacggacctg 540
 ggggtgctct ccccgcttgg ccaccgagga gacggtggta acggccacgg ccaggggacc 600
 gatgactctg aagcttcta cttgaaggga tctgatggga gcagtctgaa ttaa 654

<210> 199
 <211> 217
 <212> PRT
 <213> Physcomitrella patens

<400> 199
 Met Met Gln His Met Ala Thr Tyr Ala Ser Ser Asn Ile Thr Thr Glu
 1 5 10 15
 Leu Ile Gln Lys Tyr Leu Asp Glu Asn Lys Gln Leu Ile Leu Ala Ile
 20 25 30
 Leu Asp Asn Gln Asn Leu Gly Lys Leu Asn Glu Cys Ala Thr Tyr Gln
 35 40 45
 Ala Lys Leu Gln Gln Asn Leu Met Tyr Leu Ala Ala Ile Ala Asp Ala
 50 55 60
 Gln Pro Gln Gly Pro Ser Ser Gln Met Pro Ala Pro Ala Pro Ala Pro
 65 70 75 80
 Thr Met Gln Pro Ala Gln Gln Tyr Met Gln Gln Gln Gln Gln Leu Arg
 85 90 95
 Met Met Ser Gln Gln Asn Ser Met Ile Pro Ser Tyr Leu Gln His Ser
 100 105 110
 Gln Gln Ala Ser Gln Gln Asn Phe Tyr Ser Gln Gln Ser Leu Leu Ser
 115 120 125
 Gly Gly Gly Gly Ser Ile His Met Met Ser Thr Asp Arg Gly Ile Gly

130 135 140
 Gly Asn Gly Ser Gln Ala Ser Pro Gly Tyr Ser Asp Gly Gly Arg Asp
 145 150 155 160
 Gln Ser Gln Met Gly Leu Ala Met Gln Gly Asp Met His Gly Gly Asn
 165 170 175
 Gly Thr Asp Leu Gly Cys Ser Ser Pro Leu Gly His Arg Gly Asp Gly
 180 185 190
 Gly Asn Gly His Gly Gln Gly Thr Asp Asp Ser Glu Ala Ser Tyr Leu
 195 200 205
 Lys Gly Ser Asp Gly Ser Ser Leu Asn
 210 215
 <210> 200
 <211> 648
 <212> ДНК
 <213> *Physcomitrella patens*
 <400> 200
 atgatgcagc acatgacgac ctatgccagc tccaacatca ccacggagct cattcagaag 60
 tacttgagcg agaataaaca gctgattctc gccattctcg acaacaaaaa cctcggcaag 120
 ctcaatgagt gtgcgacgta tcaagcgaag ctgcagcaga acctcatgta tctggccgct 180
 atagctgatg cccagccaca aggcccatct acgcagatgc cagcgcccg cccaactatg 240
 caaccagctc aacaatacat gcaacagcag caacagctcc gcatgatgag ccaacaaaat 300
 gccatgatcc ctcctacct gcagcaaagc caacaagttt cccagcagaa cttctacagc 360
 caacagagcc tgcttaccgg cggtaggcagc tccatccaca tgatgtccac tgatcgcggc 420
 atgggaggca atgggtcaca agcctcacct ggatattctg acggaggggc agatcagaac 480
 caattgggta tgacgatgca gggcgacatg catggtggaa acggcactga cttgggctgc 540
 tcctcacctc tcggccaccg gggagatggc ggtggcggcc acggccaggg caacgacgac 600
 tctgaagctt cttacttgaa gggttccgat ggcagcagtc tgaactag 648
 <210> 201
 <211> 215
 <212> PRT
 <213> *Physcomitrella patens*
 <400> 201
 Met Met Gln His Met Thr Thr Tyr Ala Ser Ser Asn Ile Thr Thr Glu
 1 5 10 15
 Leu Ile Gln Lys Tyr Leu Asp Glu Asn Lys Gln Leu Ile Leu Ala Ile
 20 25 30
 Leu Asp Asn Gln Asn Leu Gly Lys Leu Asn Glu Cys Ala Thr Tyr Gln
 35 40 45
 Ala Lys Leu Gln Gln Asn Leu Met Tyr Leu Ala Ala Ile Ala Asp Ala
 50 55 60

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

<210> 202
 <211> 747
 <212> ДНК
 <213> Picea sitchensis

<400> 202
 atgcagcagc atctcatgca aatgcagccc atgatggcgg catacgcctc caacaacatc 60
 accactgata acatccagaa gtacctggat gagaacaagc agttgattct ggcaattctg 120
 gacaacaaa atcttggaag gctcaatgag tgtgctcagt accaagcaaa acttcagcag 180
 aatttgatgt atctggctgc gattgctgat tctcaaccac aagcacaac tgcacatgct 240
 cagattcctc ctaatgcagt gatgcagtct ggtgggcatt acatgcagca ccagcaggca 300
 cagcaacaag tgactcctca gtctctgatg gcagctagat cttccatgct gtattctcag 360
 cagccgatgg ctgctttgca tcaagctcag caacaacagc agcagcagca tcagcagcaa 420
 caacaatctc ttcacagcca gcttgccata aattctggag gaagcagtgg attgcatatg 480
 ttgcatgggt agacaaacat gggatgtaat gggcctctct catctggggg cttccctgaa 540
 tttgggcgtg ggtctgctac ctctgctgaa ggtatgcagg ccaacagggg cttcactata 600
 gatcgtggtt caaataagca ggatggagta ggatcagaga atgcccatcc aggtgctggt 660
 gatggaagag ggagttcaac tggagggcag aatgcagatg agtcagaacc atcatacctg 720
 aaagcctccg aagaagaagg aaactag 747

<210> 203
 <211> 248
 <212> PRT
 <213> Picea sitchensis

<400> 203

```

Met Gln Gln His Leu Met Gln Met Gln Pro Met Met Ala Ala Tyr Ala
1      5      10      15

Ser Asn Asn Ile Thr Thr Asp His Ile Gln Lys Tyr Leu Asp Glu Asn
20      25      30

Lys Gln Leu Ile Leu Ala Ile Leu Asp Asn Gln Asn Leu Gly Lys Leu
35      40      45

Asn Glu Cys Ala Gln Tyr Gln Ala Lys Leu Gln Gln Asn Leu Met Tyr
50      55      60

Leu Ala Ala Ile Ala Asp Ser Gln Pro Gln Ala Gln Thr Ala His Ala
65      70      75      80

Gln Ile Pro Pro Asn Ala Val Met Gln Ser Gly Gly His Tyr Met Gln
85      90      95

His Gln Gln Ala Gln Gln Gln Val Thr Pro Gln Ser Leu Met Ala Ala
100     105     110

Arg Ser Ser Met Leu Tyr Ser Gln Gln Pro Met Ala Ala Leu His Gln
115     120     125

Ala Gln Gln Gln Gln Gln Gln His Gln Gln Gln Gln Gln Ser Leu
130     135     140

His Ser Gln Leu Gly Ile Asn Ser Gly Gly Ser Ser Gly Leu His Met
145     150     155     160

Leu His Gly Glu Thr Asn Met Gly Cys Asn Gly Pro Leu Ser Ser Gly
165     170     175

Gly Phe Pro Glu Phe Gly Arg Gly Ser Ala Thr Ser Ala Glu Gly Met
180     185     190

Gln Ala Asn Arg Gly Phe Thr Ile Asp Arg Gly Ser Asn Lys Gln Asp
195     200     205

Gly Val Gly Ser Glu Asn Ala His Pro Gly Ala Gly Asp Gly Arg Gly
210     215     220

Ser Ser Thr Gly Gly Gln Asn Ala Asp Glu Ser Glu Pro Ser Tyr Leu
225     230     235     240

Lys Ala Ser Glu Glu Glu Gly Asn
245
    
```

<210> 204
 <211> 735
 <212> ДНК
 <213> Pinus taeda

<400> 204

atgcagcagc acctcatgca aatgcagccc atgatggcgg cctacgcctc caacaatatc

60


```

accactgatac acatccagaa gtacctggat gagaacaagc agttgattct ggcaattttg 120
gacaacacaaa atctcggaat gctcaatgag tgtgctcaat accaagcaaa acttcagcag 180
aatttgatgt atctggctgc tattgctgat tctcaacctc aagcacaac tgcacatgct 240
cagattcctc caaatgcggt gatgcagtct ggtggggcatt acatgcagca tcaacaggca 300
cagcaacaag ttactcctca gtctctgatg gcagctagat cttccatact gtatgctcag 360
caacaacagc agcagcagca tcagcagcat cagcagcaac agcagcaaca acagtctctt 420
cacagccagc ttggcataaa ttctggagga agcagcggtt tgcataatgt gcatggtgag 480
acaaacatgg gatgtaatgg gcctctgtca tctgggggat tccctgaatt tgggcgtggg 540
tctgctacct ctgctgatgg tatgcaggtg aacaggggct ttgctataga tcgtggttca 600
aacaagcagg atggagttgg atcagagaat gcccatgctg gtgctggtga tggaagaggg 660
agttcaactg gagggcagaa tgcagatgag tcagaacctat catacctgaa ggcctccgag 720
gaagaaggaa actag 735

```

```

<210> 205
<211> 244
<212> PRT
<213> Pinus taeda

```

```

<400> 205

```

```

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

```

Phe Gly Arg Gly Ser Ala Thr Ser Ala Asp Gly Met Gln Val Asn Arg
180 185 190
Gly Phe Ala Ile Asp Arg Gly Ser Asn Lys Gln Asp Gly Val Gly Ser
195 200 205
Glu Asn Ala His Ala Gly Ala Gly Asp Gly Arg Gly Ser Ser Thr Gly
210 215 220
Gly Gln Asn Ala Asp Glu Ser Glu Pro Ser Tyr Leu Lys Ala Ser Glu
225 230 235 240
Glu Glu Gly Asn

<210> 206
<211> 663
<212> ДНК
<213> Populus trichocarpa

<400> 206
atgcaacagc acctgatgca gatgcagccc atgatggcag cctattaccc cagcaacgtc 60
actactgatc atattcaaca gtatctggac gaaaacaagt cattgatttt gaagattgtt 120
gagagccaga attcagggaa actcagttag tgtgcagaga accaagcaag actgcaacaa 180
aatctcatgt acttggtgct aattgctgat tgtcagcccc aaccacctac catgcatgcc 240
cagttccctt ccagcggcat tatgcagcca ggagcacatt acatgcagca tcaacaagct 300
caacagatga caccacaagc ctttatggct gcacgctctt ctatgctgca gtatgctcaa 360
cagccattct cagcgttca acaacagcaa gccttacaca gccagctcgg catgagctct 420
ggtggaagcg caggacttca tatgatgcaa agcgaggcta aactgcagg aggcagtgga 480
gctcttggtg ctggacgatt tcctgatttt ggcatggatg cctccagtag aggaatcgca 540
agtgggagca agcaagatat tcggagtgca gggctctagt aagggcgagg aggaagctct 600
ggaggccagg gtggtgatgg aggtgaaacc ctttacttga aatctgctga tgatgggaac 660
tga 663

<210> 207
<211> 220
<212> PRT
<213> Populus trichocarpa

<400> 207
Met Gln Gln His Leu Met Gln Met Gln Pro Met Met Ala Ala Tyr Tyr
1 5 10 15
Pro Ser Asn Val Thr Thr Asp His Ile Gln Gln Tyr Leu Asp Glu Asn
20 25 30
Lys Ser Leu Ile Leu Lys Ile Val Glu Ser Gln Asn Ser Gly Lys Leu
35 40 45
Ser Glu Cys Ala Glu Asn Gln Ala Arg Leu Gln Gln Asn Leu Met Tyr

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

<210> 208
 <211> 627
 <212> ДНК
 <213> Populus trichocarpa

<400> 208	
atgcagcagc caccgcaa at gattcctgtc atttctccat ttccaccaac aaacatcacc	60
actgagcaga tccaaaagta ccttgacgaa aacaaaaagt tgattttggc tatattggac	120
aacaaaaacc ttggaaaact tgctgaatgt gccagtatc aagcccagct gcagaagaat	180
ttgatgtatt ttgctgcaat tgctgatgcc caaccacagg caccagcaat gcctccccag	240
atggccccgc atcctgcaat gcaacaagg gcatattaca tgcaacatcc tcaggcagca	300
gcaatggctc agcagccagg tgttttcccc caaaagatgc tattacaatt caatgctgga	360
catcaaatgc aggatcctca gcagttacac caacaagcca tgcaagggca aataggaatt	420
agacctatag gggctaacaa tggcatgcat cccatgcacg ctgagattgc tcttgggaagc	480
agtggccctt cagcaagtgc tggcacaaat gatgtacgtg ggggaagcaa acaggatgcc	540
tctgaggctg gcacaaccgg tgctgatggc ctagggggct ctgctgctgg gcataatggt	600
gctgacgggt ccgaggatgc aaaatga	627

<210> 209
 <211> 208
 <212> PRT

<213> Populus trichocarpa

<400> 209

```

Met Gln Gln Pro Pro Gln Met Ile Pro Val Ile Ser Pro Phe Pro Pro
1      5      10      15

Thr Asn Ile Thr Thr Glu Gln Ile Gln Lys Tyr Leu Asp Glu Asn Lys
20      25      30

Lys Leu Ile Leu Ala Ile Leu Asp Asn Gln Asn Leu Gly Lys Leu Ala
35      40      45

Glu Cys Ala Gln Tyr Gln Ala Gln Leu Gln Lys Asn Leu Met Tyr Leu
50      55      60

Ala Ala Ile Ala Asp Ala Gln Pro Gln Ala Pro Ala Met Pro Pro Gln
65      70      75      80

Met Ala Pro His Pro Ala Met Gln Gln Gly Ala Tyr Tyr Met Gln His
85      90      95

Pro Gln Ala Ala Ala Met Ala Gln Gln Pro Gly Val Phe Pro Gln Lys
100     105     110

Met Leu Leu Gln Phe Asn Ala Gly His Gln Met Gln Asp Pro Gln Gln
115     120     125

Leu His Gln Gln Ala Met Gln Gly Gln Ile Gly Ile Arg Pro Ile Gly
130     135     140

Ala Asn Asn Gly Met His Pro Met His Ala Glu Ile Ala Leu Gly Ser
145     150     155     160

Ser Gly Pro Ser Ala Ser Ala Gly Thr Asn Asp Val Arg Gly Gly Ser
165     170     175

Lys Gln Asp Ala Ser Glu Ala Gly Thr Thr Gly Ala Asp Gly Leu Gly
180     185     190

Gly Ser Ala Ala Gly His Asn Gly Ala Asp Gly Ser Glu Asp Ala Lys
195     200     205

```

<210> 210

<211> 438

<212> ДНК

<213> Populus trichocarpa

<400> 210

```

atgcagcagc caccgcaaca aatggtgagc atcaccactg agcagattca aaagtactta      60

gaagagaaca agcagctgat tatggctata ctggagaatc agaacaaggg aaacgtttct      120

gaatgtgctt cgtatcaagc ccagttacag cagaacctga tgtacctagc aagaattgct      180

gatgcccaac cacaaggaac cacaatgcct tctcagatgc cccctcagca gcccgagtg      240

aagcaagagc agtacatgca gccatctcaa gttgctatga ctcagcaacc aattttcttc      300

aatcagaagc tccctttcca aacgaacttt cagcatgagc agcagcaaca gctgccacca      360

cacctccaac agcaaacactt cacccaagga cagatgagaa tgagacccgg tgtcactgat      420

```

caagattctg atgcctaa

438

<210> 211
 <211> 145
 <212> PRT
 <213> Populus trichocarpa

<400> 211

Met Gln Gln Ser Pro Gln Gln Met Leu Ser Ile Thr Thr Glu Gln Ile
 1 5 10 15
 Gln Lys Tyr Leu Glu Glu Asn Lys Gln Leu Ile Met Ala Ile Leu Glu
 20 25 30
 Asn Gln Asn Lys Gly Asn Val Ser Glu Cys Ala Ser Tyr Gln Ala Gln
 35 40 45
 Leu Gln Gln Asn Leu Met Tyr Leu Ala Arg Ile Ala Asp Ala Gln Pro
 50 55 60
 Gln Gly Thr Thr Met Pro Ser Gln Met Pro Pro Gln Gln Pro Ala Val
 65 70 75 80
 Lys Gln Glu Gln Tyr Met Gln Pro Ser Gln Val Ala Met Thr Gln Gln
 85 90 95
 Pro Ile Phe Phe Asn Gln Lys Leu Pro Phe Gln Thr Asn Phe Gln His
 100 105 110
 Glu Gln Gln Gln Gln Leu Pro Pro His Leu Gln Gln Gln His Phe Thr
 115 120 125
 Gln Gly Gln Met Arg Met Arg Pro Gly Val Thr Asp Gln Asp Ser Asp
 130 135 140

Ala
 145

<210> 212
 <211> 645
 <212> ДНК
 <213> Prunus persica

<400> 212

atgcagcagc cacagcaa atgcctctg atgcctactt catttccacc cactaacatc 60
 accaccgagc aaattcagaa gtaccttgac gagaacaaaa aattgattct ggcaatattg 120
 gataatcaaa accttgga aaacttgctgag tgtgcccagt accaagctca gttcaaaaag 180
 aatctgatgt atttagcagc tattgctgat gcacaaccac aggcaccaac agtgctgct 240
 cagatggccc cacatcctgc tatgcaaca gcaggatatt acatgcaaca tcctcaggca 300
 gcagcaatgg ctgagcaaca gggatatttc ccccaaaaga tgccattgca gttcaataac 360
 ccgcacaaaa tgcattgatgc agcacagcag ctacaccagc agcaccaaca agccatgcaa 420
 gggcaaatgg gaatgagagc tggaggggccc aatggcatgc cttccatgca tcatactgaa 480
 gccacacttg gtggtggtag tggtgggccc acttcaggtg gaggggggtcc aaacgatggg 540

cgtggaggaa agcagcaaga ctactcagag gctgggacag gtggtgatgg ccaggggagc 600
tcagccggcg ggcattggcaa tgggtgatgga gaagatggaa agtga 645

<210> 213
<211> 214
<212> PRT
<213> Prunus persica

<400> 213

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

<210> 214
<211> 678
<212> ДНК
<213> Saccharum officinarum

<400> 214
atgcagcagc aacacctgat gcagatgaac cagaacatga ttgggggcta cacctctcct 60
gccgctgtga caaccgatct catccagcag tacctggatg agaacaagca gctgattcctg 120

```

gccatcctcg acaaccagaa caatggcaag gtggaggagt gcgaacggca ccaagctaag 180
ctccagcaca acctcatgta cctggccgcc atcgccgaca gccagccacc acagactgca 240
ccactatcac aatacccgtc caacctgatg atgcagccgg gccctcggta catgccaccg 300
cagtcccgggc agatgatgag cccgcagtcg ctaatggcgg cgcggctctc catgatgtac 360
gcgcacccgt ccatgtcacc actccagcag cagcaggcag cgcacgggca gctgggcatg 420
gcttcagggg gcggcgggtg caccgaccagt gggttcaaca tcttccatgg cgaggccagt 480
atgggcggtg ctggtggcgc ttgtgccgcg aacaacatga tgaacgcgg catgtttctca 540
ggctttggcc gcagcggcag tggcgccaag gagggatcga cctcgtctgc ggttgacgtc 600
cgtggtggca ccagctccgg cgcgcaaagc ggggacggcg agtacctgaa agcaggcacc 660
gaggaagaag gcagttaa 678

```

```

<210> 215
<211> 225
<212> PRT
<213> Saccharum officinarum

```

```

<400> 215

```

```

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

```

Ser Thr Ser Leu Ser Val Asp Val Arg Gly Gly Thr Ser Ser Gly Ala
195 200 205

Gln Ser Gly Asp Gly Glu Tyr Leu Lys Ala Gly Thr Glu Glu Glu Gly
210 215 220

Ser
225

<210> 216
<211> 561
<212> ДНК
<213> Saccharum officinarum

<400> 216
atgcagcagc cgatgcccac gcagccgcag gcgcccggaga tgaccccggc cgccggaatc 60
accacggagc agatccaaaa gtatctggat gagaataagc agcttatttt ggctattttg 120
gaaaatcaga acctagggaaa attggcagaa tgtgtctcagt atcaatcaca acttcagaag 180
aacctcttgt atctcgctgc aatcgcatg gcccaccac agactgctgt aagccgcctt 240
cagatggcgc cgcttggtgc attgctgga gtagggcagt acatgtcaca ggtgcctatg 300
ttcccaccga ggacacctct aacacccag cagatgcagg agcagcaact tcagcagcag 360
caggctcagc tgctaaattt cagtggccta atggttgcta gacctggcat ggtcaacggc 420
atgcctcagt ccattcaagt tcagcaagct cagccaccac cagcagggaa caaacaggat 480
gctggtgggg tcgctcgga gccctcgggc attgagaacc acaggagcac tgggtggtgat 540
aatgatggtg gaagcgacta g 561

<210> 217
<211> 186
<212> PRT
<213> Saccharum officinarum

<400> 217
Met Gln Gln Pro Met Pro Met Gln Pro Gln Ala Pro Glu Met Thr Pro
1 5 10 15
Ala Ala Gly Ile Thr Thr Glu Gln Ile Gln Lys Tyr Leu Asp Glu Asn
20 25 30
Lys Gln Leu Ile Leu Ala Ile Leu Glu Asn Gln Asn Leu Gly Lys Leu
35 40 45
Ala Glu Cys Ala Gln Tyr Gln Ser Gln Leu Gln Lys Asn Leu Leu Tyr
50 55 60
Leu Ala Ala Ile Ala Asp Ala Gln Pro Gln Thr Ala Val Ser Arg Pro
65 70 75 80
Gln Met Ala Pro Pro Gly Ala Leu Pro Gly Val Gly Gln Tyr Met Ser
85 90 95
Gln Val Pro Met Phe Pro Pro Arg Thr Pro Leu Thr Pro Gln Gln Met
100 105 110

Gln Gln Gln Gln Leu Gln Gln Gln Gln Ala Gln Leu Leu Asn Phe Ser
 115 120 125
 Gly Leu Met Val Ala Arg Pro Gly Met Val Asn Gly Met Pro Gln Ser
 130 135 140
 Ile Gln Val Gln Gln Ala Gln Pro Pro Pro Ala Gly Asn Lys Gln Asp
 145 150 155 160
 Ala Gly Gly Val Ala Ser Glu Pro Ser Gly Ile Glu Asn His Arg Ser
 165 170 175
 Thr Gly Gly Asp Asn Asp Gly Gly Ser Asp
 180 185

<210> 218
 <211> 642
 <212> ДНК
 <213> Saccharum officinarum

<400> 218
 atgcagcagc agatgcccatt gccgcggcg cccgctgcgg cggcgcgccc cccggcgccc 60
 ggcattcacca ccgagcagat ccaaaagtat ttggacgaaa ataagcaact tattttggcc 120
 atcctggaaa atcagaactt aggaaagttg gctgaatgtg ctcagtatca agctcaactt 180
 caaaagaacc tcttgtacct ggctgcgatt gctgatgccc aacccagcc accacaaaac 240
 cctgcaggtc gccctcagat gatgcaacct ggtatagtgc cagggtcggg gcattacatg 300
 tcacaagtac caatgttccc tccaagaact ccattaaccc cacagcagat gcaagagcag 360
 cagcagcaac agcttcagca gcagcaagcg caggctctta cattccctgg acagatggtc 420
 atgagaccag ctaccatcaa cggcatacag cagcctatgc aagctgaccc tgcccgggca 480
 ggggagctgc aacaaccacc acctatccca gctgacgggc gagtaagcaa gcagcaggac 540
 acaacggctg gcgtgagctc agagccttct gccaatgaga gccacaagac cacaactgga 600
 gcagatagtg aggcaggtgg tgacgtggcg gagaaatcct aa 642

<210> 219
 <211> 213
 <212> PRT
 <213> Saccharum officinarum

<400> 219
 Met Gln Gln Gln Met Pro Met Pro Pro Ala Pro Ala Ala Ala Ala Ala
 1 5 10 15
 Pro Pro Ala Ala Gly Ile Thr Thr Glu Gln Ile Gln Lys Tyr Leu Asp
 20 25 30
 Glu Asn Lys Gln Leu Ile Leu Ala Ile Leu Glu Asn Gln Asn Leu Gly
 35 40 45
 Lys Leu Ala Glu Cys Ala Gln Tyr Gln Ala Gln Leu Gln Lys Asn Leu
 50 55 60
 Leu Tyr Leu Ala Ala Ile Ala Asp Ala Gln Pro Gln Pro Pro Gln Asn

65	70	75	80
Pro Ala Gly Arg	Pro Gln Met Met Gln	Pro Gly Ile Val	Pro Gly Ala
	85	90	95
Gly His Tyr Met Ser Gln Val	Pro Met Phe Pro Pro Arg Thr	Pro Leu	
	100	105	110
Thr Pro Gln Gln Met Gln Glu Gln Gln Gln Gln Leu	Gln Gln Gln		
	115	120	125
Gln Ala Gln Ala Leu Thr Phe Pro Gly Gln Met Val Met Arg Pro Ala			
	130	135	140
Thr Ile Asn Gly Ile Gln Gln Pro Met Gln Ala Asp Pro Ala Arg Ala			
	145	150	155
Ala Glu Leu Gln Gln Pro Pro Pro Ile Pro Ala Asp Gly Arg Val Ser			
	165	170	175
Lys Gln Gln Asp Thr Thr Ala Gly Val Ser Ser Glu Pro Ser Ala Asn			
	180	185	190
Glu Ser His Lys Thr Thr Thr Gly Ala Asp Ser Glu Ala Gly Gly Asp			
	195	200	205
Val Ala Glu Lys Ser			
	210		
<210>	220		
<211>	645		
<212>	ДHK		
<213>	Solanum tuberosum		
<400>	220		
atgcagcagc acctgatgca gatgcagccc atgatggcag cttactatcc aacgaacgtc			60
actactgacc atattcaaca gtatttggat gagaacaaat cactcattct gaaaattgtt			120
gagagccaaa actcgggaaa actcagtga tgtgcagaga accaagctag gcttcagagg			180
aatctgatgt accttgctgc tattgctgat tcacaacctc agccttctag catgcattct			240
cagttctctt ctggtgggat gatgcagcca gggacacaca gttacctgca gcagcagcag			300
cagcaacaac aagcgcaaca aatggcaaca caacaactca tggctgcaag atcctcatca			360
atgctctatg gacaacaaca gcagcagcag cagcagtctc agttatcaca atttcaacaa			420
ggcttgcata gtagccaact tggcatgagt tctggcagtg gtggaagcac tggacttcat			480
cacatgcttc aaagtgaatc atcacctcat ggtggtggtt tctctcatga cttcggccgt			540
gcaaataagc aagacattgg gagtagtatg tctgctgaag ggcgcggcgg aagctcaggt			600
ggtgatggtg gtgagaatct ttatctgaaa gcttctgagg attga			645
<210>	221		
<211>	214		
<212>	PRT		
<213>	Solanum tuberosum		
<400>	221		

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

<210> 222
<211> 681
<212> ДНК
<213> Solanum tuberosum

<400> 222
atgcagcagc agcacctgat gcagatgcag cccatgatgg cagcctatta tccaacaat 60
gtcactactg atcatattca acagttcctg gatgagaaca aatcacttat tctgaagatt 120
gttgagagcc agaactcttg gaaaataagt gaatgtgcag agtcccaagc taaacttcag 180
agaaatctta tgtaccttgc agctattgct gattcacagc cccagcctcc tagtatgcat 240
tcacagttag cttctgggtg gatgatgcag ggagggggcac attatatgca gcaacaacaa 300
gctcaacaac tcacaacgca atcgcttatg gctgcagcaa gacccctctc ctcaatgctc 360
tatggacaac aacaacaaca acaacaacaa caactatcat cattgcaaca acagcaagca 420

gcctttcata gccagcaact cggaatgagc agctctggtg gaggaagcag tagtggactt 480
 cacatgctac aaagcgaaaa cactcatagt gctagcactg gtggtggtgg tttccctgac 540
 ttggcagag gattaggcag tggaacaag catgaaatgg gaagttctat gtctgatcaa 600
 ggacggggcg gaagctcgag tggtcatggt ggtgatggag gtgagaatct ttacttgaaa 660
 tcttctgaag atgggaatta g 681

<210> 223
 <211> 226
 <212> PRT
 <213> Solanum tuberosum

<400> 223

Met Gln Gln Gln His Leu Met Gln Met Gln Pro Met Met Ala Ala Tyr
 1 5 10 15
 Tyr Pro Asn Asn Val Thr Thr Asp His Ile Gln Gln Phe Leu Asp Glu
 20 25 30
 Asn Lys Ser Leu Ile Leu Lys Ile Val Glu Ser Gln Asn Ser Gly Lys
 35 40 45
 Ile Ser Glu Cys Ala Glu Ser Gln Ala Lys Leu Gln Arg Asn Leu Met
 50 55 60
 Tyr Leu Ala Ala Ile Ala Asp Ser Gln Pro Gln Pro Pro Ser Met His
 65 70 75 80
 Ser Gln Leu Ala Ser Gly Gly Met Met Gln Gly Gly Ala His Tyr Met
 85 90 95
 Gln Gln Gln Gln Ala Gln Gln Leu Thr Thr Gln Ser Leu Met Ala Ala
 100 105 110
 Ala Arg Ser Ser Ser Ser Met Leu Tyr Gly Gln Gln Gln Gln Gln
 115 120 125
 Gln Gln Gln Leu Ser Ser Ser Leu Gln Gln Gln Gln Ala Ala Phe His Ser
 130 135 140
 Gln Gln Leu Gly Met Ser Ser Ser Gly Gly Gly Ser Ser Ser Gly Leu
 145 150 155 160
 His Met Leu Gln Ser Glu Asn Thr His Ser Ala Ser Thr Gly Gly Gly
 165 170 175
 Gly Phe Pro Asp Phe Gly Arg Gly Leu Gly Ser Gly Asn Lys His Glu
 180 185 190
 Met Gly Ser Ser Met Ser Asp Gln Gly Arg Gly Gly Ser Ser Ser Gly
 195 200 205
 His Gly Gly Asp Gly Gly Glu Asn Leu Tyr Leu Lys Ser Ser Glu Asp
 210 215 220
 Gly Asn
 225
 <210> 224

```

<211> 615
<212> ДНК
<213> Solanum tuberosum

<400> 224
atgcagcaac caccacccat gattccaatg atgccctctt ttccttctcc taatatcact    60
actgagcaga ttcaaaagta cctggacgag aacaagacat tgattttggc catattggac    120
catcaaaatc ttgggaaact agctgaatgt gcacagtacc aggctaaact tcagaagaac    180
ttgatgtact tggccgctat tgctgatgct caaccacaat caccagctat tccaacgcaa    240
atggctcctc atcctgcaat gcaacaagga ggattttaca tgcagcaccc tcaggctgca    300
gccatgactc aacaacaagg tatgtttact tcaaagatgc cactgcagtt caacaaccca    360
cagcaactac acgatcagca gcagcttcaa catcaacatc aacatcaaca actacagcga    420
cagcagcaag gtatgcaact tggaggtgcc aacagtggaa tgcactccac tcttggtagc    480
acaagtaatg ttagccagct tacaacttca ggtgctggtg atgcacgcgg aggaacaaaa    540
caagacaact ctgaagcggg tgctgatggt caggctagct cagtgactgc ccaagtctcg    600
gaagaacgca agtga                                                    615

<210> 225
<211> 204
<212> PRT
<213> Solanum tuberosum

<400> 225
Met Gln Gln Pro Pro Pro Met Ile Pro Met Met Pro Ser Phe Pro Ser
1                               5                               10                               15
Pro Asn Ile Thr Thr Glu Gln Ile Gln Lys Tyr Leu Asp Glu Asn Lys
20                               25                               30
Thr Leu Ile Leu Ala Ile Leu Asp His Gln Asn Leu Gly Lys Leu Ala
35                               40                               45
Glu Cys Ala Gln Tyr Gln Ala Lys Leu Gln Lys Asn Leu Met Tyr Leu
50                               55                               60
Ala Ala Ile Ala Asp Ala Gln Pro Gln Ser Pro Ala Ile Pro Thr Gln
65                               70                               75                               80
Met Ala Pro His Pro Ala Met Gln Gln Gly Gly Phe Tyr Met Gln His
85                               90                               95
Pro Gln Ala Ala Ala Met Thr Gln Gln Gln Gly Met Phe Thr Ser Lys
100                              105                              110
Met Pro Leu Gln Phe Asn Asn Pro Gln Gln Leu His Asp Gln Gln Gln
115                              120                              125
Leu Gln His Gln His Gln His Gln Gln Leu Gln Arg Gln Gln Gln Gly
130                              135                              140
Met Gln Leu Gly Gly Ala Asn Ser Gly Met His Ser Thr Leu Gly Ser
145                              150                              155                              160

```

Thr Ser Asn Val Ser Gln Leu Thr Thr Ser Gly Ala Gly Asp Ala Arg
165 170 175

Gly Gly Asn Lys Gln Asp Asn Ser Glu Ala Gly Ala Asp Gly Gln Ala
180 185 190

Ser Ser Val Thr Ala Gln Val Ser Glu Glu Arg Lys
195 200

<210> 226
<211> 678
<212> ДНК
<213> Sorghum bicolor

<400> 226
atgcagcagc aacacctgat gcagatgaac cagaacatga ttgggggcta cacctctcct 60
gccgctgtga ccaccgatct catccagcag tacctggatg agaacaagca gctgatcctg 120
gccatcctcg acaaccagaa caatggaaag gtggaggagt gcgaacggca ccaagctaag 180
ctccagcaca acctcatgta cctggcggcc atcgctgaca gccagccacc acagactgca 240
ccactatcac agtaccgctc caacctgatg atgcagccag gccctcggtg catgccaccg 300
cagtcggggc agatgatgag ccgcagctcg ctaatggcgg cgcggtcctc catgatgtac 360
gcgcacccgt ccatgtcgcc actccagcag cagcaggcag cgcacggcca gctgggcatg 420
gcttcagggg gcggcggtgg cagcaccagt gggttcagca tcctccacgg cgaggccagc 480
atgggcggtg ctgctggcgc aggcaccggc aacagcatga tgaacgccgg catgttctca 540
ggctttggcc gcagcggcag tggcgccaag gagggatcga cctcgctgtc tgttgacgtc 600
cgtggtggca ccagctccgg cgcgcagagc ggggacggcg agtacctgaa agcaggcacc 660
gaggaagaag gcagttaa 678

<210> 227
<211> 225
<212> PRT
<213> Sorghum bicolor

<400> 227

Met Gln Gln Gln His Leu Met Gln Met Asn Gln Asn Met Ile Gly Gly
1 5 10 15

Tyr Thr Ser Pro Ala Ala Val Thr Thr Asp Leu Ile Gln Gln Tyr Leu
20 25 30

Asp Glu Asn Lys Gln Leu Ile Leu Ala Ile Leu Asp Asn Gln Asn Asn
35 40 45

Gly Lys Val Glu Glu Cys Glu Arg His Gln Ala Lys Leu Gln His Asn
50 55 60

Leu Met Tyr Leu Ala Ala Ile Ala Asp Ser Gln Pro Pro Gln Thr Ala
65 70 75 80

Pro Leu Ser Gln Tyr Pro Ser Asn Leu Met Met Gln Pro Gly Pro Arg

[illegible]

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

<210> 230
 <211> 645
 <212> ДНК
 <213> Sorghum bicolor

<400> 230
 atgcagcagc agatgcccat gccgccggcg cccgctgcgg cggcgggcgac ggcgcccccg 60
 gcggccggca tcaccaccga gcagatccag aagtatttgg acgaaaaataa gcaacttatt 120
 ttggccatcc tagaaaatca gaacttagga aagtggctg aatgtgctca gtatcaagct 180
 caacttcaaa agaacctctt gtacctggct gcgattgctg atgcccacc cggaccaccg 240
 caaaaccctg caggtcgccc tcagatgatg caacctggta tagtgccagg tgcagggcat 300
 tacatgtcac aagtaccaat gttccctcca agaactccat taaccccaca gaaatgcaa 360
 gagcagcagc agcaacagct tcagcagcag caagcgagg ctcttgcat cctgggcag 420
 atggtcatga gaccagctac catcaacggc atgcagcagc ctatgcaggc tgacctgcc 480
 cgggcagcgg agctgcaaca gccagcatct gtcccagccg acgggcgagt aagcaagcag 540
 gacacagcgg ctgggggtgag ctcagagcct tctgccaatg agagccacaa gaccacaacc 600
 ggagcagata gtgaggcagg tggagacgtg gcggagaaat cctaa 645

<210> 231
 <211> 214
 <212> PRT
 <213> Sorghum bicolor

<400> 231

```

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

<210> 232
 <211> 552
 <212> ДНК
 <213> Taraxacum officinale

<400> 232

```

atgaagcagc cgatgatgcc taatccaatg atgtcttctc cgtttcctcc ttccaacatc      60
accaccgatc agatccaaaa gttcctagac gaaaacaagc aactgatatt agcaataatg      120
aacaacaaaa acctaggaaa gcttgctgaa tgtgccagc atcaagctct actccaaaag      180
aatttaatgt atctagcagc cattgcagat gctcaaccac caacaccaac accaacacca      240
    
```

```

aatatctcat ctcagatggg cccggttcca catccaggga tgccacaaca aggtggattc 300
tacatggggc agcaccctca agcggcagta atggcggctc agccaccttc tggtttccca 360
caaccaatgc caggcatgca gtttaatacc ccacagggta tccaagggtca gatgggcggg 420
aggtccggtg ggccaccaaa ctcagctggc ggcgatgttt ggagaggaag catgcaagat 480
ggtggtggtg gcggtgttga tgggtgtaag gatggtcatg ctggcgggtg tccaccggag 540
gaaggaaagt ga 552

```

```

<210> 233
<211> 183
<212> PRT
<213> Taraxacum officinale

```

```

<400> 233

```

```

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

```

```

<210> 234
<211> 636
<212> ДНК
<213> Taraxacum officinale

```

```

<400> 234
atgcagcagc aacagcatca acaaccaccg caatcgcaac tgcaaccgcc caccttaaac 60

```

```

tccggtgctc ctttttctcc caatgcgac acctccgacc agattcaaaa gtgtctggat 120
gacaacgaga acctgattat agcaatattg gaaaatcaaa atcttgggaa atttcaggag 180
tgtgtctcagt atcaagccat tctccaaaag aacttaattgt atttagctgc aattgctgat 240
gctcaaccac caacacaaca accatcaact cctcaaatgc caccaaattc cattcctcaa 300
caaccaaaaca attacatgca acaacaacac caaatcaccg cccctcaaca aggcggcata 360
ggtggtggtg gcggtgttcc aaaactaccc tttcaactta atgcccttcg tacacaagat 420
caacaacaac aattactcca atttcaaca caacaacaac ttcaagcaca aatgggggatg 480
agacctagtt cccaagatgg gatgcttggg atgcatcaag ctatgcagtc tgcactcgcg 540
ggcaatccgg gcagtttgat ggatggtaga gggaacaagc aagatggatc agaggcgcg 600
gcttctggtg gtggtggtgg taatagagaa tcatga 636

```

```

<210> 235
<211> 211
<212> PRT
<213> Taraxacum officinale

```

```

<400> 235

```

```

Met Gln Gln Gln His Gln Gln Pro Pro Gln Ser Gln Leu Gln Pro
1          5          10          15

Pro Thr Leu Asn Ser Gly Ala Pro Phe Ser Pro Asn Ala Ile Thr Ser
20          25          30

Asp Gln Ile Gln Lys Cys Leu Asp Asp Asn Glu Asn Leu Ile Ile Ala
35          40          45

Ile Leu Glu Asn Gln Asn Leu Gly Lys Phe Gln Glu Cys Ala Gln Tyr
50          55          60

Gln Ala Ile Leu Gln Lys Asn Leu Met Tyr Leu Ala Ala Ile Ala Asp
65          70          75          80

Ala Gln Pro Pro Thr Gln Gln Pro Ser Thr Pro Gln Met Pro Pro Asn
85          90          95

Ser Ile Pro Gln Gln Pro Asn Asn Tyr Met Gln Gln Gln His Gln Ile
100         105         110

Thr Ala Pro Gln Gln Gly Gly Ile Gly Gly Gly Gly Gly Val Pro Lys
115         120         125

Leu Pro Phe Gln Leu Asn Ala Leu Arg Thr Gln Asp Gln Gln Gln Gln
130         135         140

Leu Leu Gln Phe Gln Gln Gln Gln Gln Leu Gln Ala Gln Met Gly Met
145         150         155         160

Arg Pro Ser Ser Gln Asp Gly Met Leu Gly Met His Gln Ala Met Gln
165         170         175

Ser Ala Leu Ala Gly Asn Pro Gly Ser Leu Met Asp Gly Arg Gly Asn
180         185         190

```

Lys Gln Asp Gly Ser Glu Ala Ala Ala Ser Gly Gly Gly Gly Gly Asn
 195 200 205

Arg Glu Ser
 210

<210> 236
 <211> 678
 <212> ДНК
 <213> Triticum aestivum

<400> 236
 atgcagcagc aacacctgat gcagatgaac cagagcatga tggggggcta cgcttcctct 60
 accactgtca ccactgatct cattcagcag tacctggatg agaacaagca gctgatcctg 120
 gccatcctcg acaaccagaa caacggcaag gtggaggagt gcgcacggaa ccaagctaag 180
 ctccagcaga acctcatgta cctcgccgcc atcgccgaca gccagcctcc gcagacggca 240
 tcgtgtgtctc agtaccggtc caacctgatg atgcagtcgg gcgcgcggta catgcagcag 300
 cagtcggcgc agatgatgtc gccgcagtcg ctgatggcgg cgcggtcgtc gatgatgtac 360
 gcgcagcagg ccatgtcgcc gctccagcag cagcagcagc agcagcacca ggcgcccgcg 420
 cacggccagc tggggatgtc ctccggcggc accaccgggt tcaacctcct ccacggcgag 480
 gccagcatgg gcggcgcgcg cgccggcgcc agtggcaaca gcatgatgaa cgccggcgtc 540
 ttctcggact accgcccgcg cggcagcggc gccaaaggagg ggtcgacctc gctgtcggcc 600
 gacgtctcgg gcgccaactc tggcgcgcac agcgcgcgac gggagtacct caagggcacc 660
 gaggaggaag gaagctag 678

<210> 237
 <211> 225
 <212> PRT
 <213> Triticum aestivum

<400> 237

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

Ala Ala Arg Ser Ser Met Met Tyr Ala Gln Gln Ala Met Ser Pro Leu
115 120 125
Gln Gln Gln Gln Gln Gln Gln His Gln Ala Ala Ala His Gly Gln Leu
130 135 140
Gly Met Ser Ser Gly Ala Thr Thr Gly Phe Asn Leu Leu His Gly Glu
145 150 155 160
Ala Ser Met Gly Gly Gly Gly Gly Ala Ser Gly Asn Ser Met Met
165 170 175
Asn Ala Gly Val Phe Ser Asp Tyr Arg Arg Gly Gly Ser Gly Ala Lys
180 185 190
Glu Gly Ser Thr Ser Leu Ser Ala Asp Ala Arg Gly Ala Asn Ser Gly
195 200 205
Ala His Ser Gly Asp Gly Glu Tyr Leu Lys Gly Thr Glu Glu Glu Gly
210 215 220

Ser
225

<210> 238
<211> 558
<212> ДНК
<213> Triticum aestivum

<400> 238
atgcagcaag cgatgcccat gccgccggcg gcggcgggcg cggggatgcc tccgtctgct 60
ggcctcagca ccgagcagat ccaaaagtac ctggatgaaa ataagcaact aattttggct 120
atcttgaaaa atcagaacct gggaaagttg gcggaatgtg ctcagtatca agctcagctt 180
cagaagaatc ttttgatatt ggctgcaatc gctgatactc agccacagac cactgtaagc 240
cgctcctcaga tggcaccacc tagtgcattc ccaggggcag ggcattacat gtcacaggtg 300
ccaatgttcc ctccgaggac ccctctaacg cctcagcaga tgcaggagca gcaactacag 360
cagcaacagg ctcagatgct tccgtttgct ggtcaaatgg ttgcgagacc tggggctgtc 420
aatggcatgc ctcaggcccc tcaagttgaa ccagcctatg cagcaggtgg ggccagttct 480
gagccttctg gcaactgagag ccacaggagc actggtgccg ataatgacgg ggggagcggc 540
tgggctgata agtcctaa 558

<210> 239
<211> 185
<212> PRT
<213> Triticum aestivum

<400> 239

Met Gln Gln Ala Met Pro Met Pro Pro Ala Ala Ala Ala Pro Gly Met
1 5 10 15
Pro Pro Ser Ala Gly Leu Ser Thr Glu Gln Ile Gln Lys Tyr Leu Asp
20 25 30

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

<210> 240
<211> 603
<212> ДНК
<213> Triticum aestivum

<400> 240
atgcagcagg cgatgtcctt gccccggga gcggtcggcg cgggtgtctc gccggccggc 60
atcaccaccg agcagatcca aaagtatttg gatgaaaata agcaacttat ttggtccatc 120
cttgaaaatc agaacctagg aaagttggct gaatgtgctc agtatcaagc tcaactccaa 180
aagaatctct tgtatctagc tgctatcgcg gatgccaac caccacagaa ccctacaagt 240
caccctcaga tgggtgcagc tggtagtatg caaggtgcag ggcattacat gtcacaagta 300
ccaatgttcc ctccaagaac gcctttaacc ccacagcaga tgcaagagca gcagcaccag 360
cagcttcagc agcagcaagc ccaggccctt tctttccccg cccaggtggt catgagacca 420
ggcaccgtca acggcatgca gcagcctatg caagcagccg gcgacctcca gccagcagca 480
gcacctggag ggagcaagca ggacgccgca gtggctgggg ccagctcgga accatctggc 540
accaagagcc acaagaacgc gggagcagag gaggtgggcg ctgatgtagc agaacaatcc 600
taa 603

<210> 241
<211> 200
<212> PRT
<213> Triticum aestivum

<400> 241

```

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

```

<210> 242

<211> 672

<212> ДНК

<213> Vitis vinifera

<400> 242

```

atgcagcagc acctgatgca gatgcagccc atgatggcag cctattaccc cagcaacgct      60
accactgata acattcagca gtatcttgat gaaaacaagt cattgattct gaagattggt      120
gagagccaga attcaggaaa attgactgaa tgtgcagaga accaggcaag actacagaga      180
aacctcatgt acctggctgc aattgctgat tctcaacccc aaccacccac catgcatgct      240
cagttccctc ctagtggcat tggtcagcca ggagctcact acatgcaaca ccaacaagct      300
caacaaatga caccacagtc gctcctggct gcacgctcct ccatgctgta caccacaaca      360
ccattttcgg ccctgcaaca acaacaagcc atccatagcc agcttgcat gggctctggt      420
ggaagtgcag gacttcacat gctgcaaagc gaggggagta atccaggagg caatggaaca      480

```

ctggggactg gtgggtttcc tgatttcagc cgtggaactt ctggagaagg cctgcaggct 540
gcaggcaggg gaatggctgg tgggagcaag caagatatgg gaaatgcaga agggcgagga 600
gggaactcag gaggtcaggg tggggatgga ggtgagactc tttacttgaa agctgctgaa 660
gatgggaatt ga 672

<210> 243
<211> 223
<212> PRT
<213> Vitis vinifera

<400> 243

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

<210> 244
<211> 675
<212> ДНК
<213> Vitis vinifera


```

<400> 244
atgcagcaac accttatgca gatgcagcct atgatggcag gaagccataa cctcagcagc 60
atcactactg atcacatcca acagtaccta gatgagaaca agtctttgat tttgaaaatt 120
cttgagagcc aaaattcagg gaaactcagt gaatgtgagg agaaccaagc aagacttcag 180
cgaaacctta tgtaccttgc tgcaattgct gattgccaac cacaaccacc atccctgcag 240
gctcagtttt cccccaatat ggtcatgcaa ccaggagtca actacatgca gcaccaacaa 300
tcccaacaga tgatgccaca gtcactaatg gcagcccgag caccatgtt gtatgtcag 360
cagcatccat atttggcatt gcagcaacaa caagctctac aaagccagct tggcatgagc 420
tccactggaa tgggtggaat ccacatgcta caaagtgaac ctaatgttgg aggggaatggg 480
actggagcct tttccgatct tggctgcagc atgactgggg agggcttgtc ggctgtgagc 540
aggggactgg gtagtgcaag caagcaagat gtggggagtg taggctctgc ggaaggtcga 600
cgtggctact tgggagggca aggtgcagat aaaggagaaa ctctttactt taaaagtgtc 660
gaagaaaagg actga 675

```

```

<210> 245
<211> 224
<212> PRT
<213> Vitis vinifera

```

```

<400> 245
Met Gln Gln His Leu Met Gln Met Gln Pro Met Met Ala Gly Ser His
1 5 10 15
Asn Leu Ser Ser Ile Thr Thr Asp His Ile Gln Gln Tyr Leu Asp Glu
20 25 30
Asn Lys Ser Leu Ile Leu Lys Ile Leu Glu Ser Gln Asn Ser Gly Lys
35 40 45
Leu Ser Glu Cys Ala Glu Asn Gln Ala Arg Leu Gln Arg Asn Leu Met
50 55 60
Tyr Leu Ala Ala Ile Ala Asp Cys Gln Pro Gln Pro Pro Ser Leu Gln
65 70 75 80
Ala Gln Phe Ser Pro Asn Met Val Met Gln Pro Gly Val Asn Tyr Met
85 90 95
Gln His Gln Gln Ser Gln Gln Met Met Pro Gln Ser Leu Met Ala Ala
100 105 110
Arg Ala Pro Met Leu Tyr Ala Gln Gln His Pro Tyr Leu Ala Leu Gln
115 120 125
Gln Gln Gln Ala Leu Gln Ser Gln Leu Gly Met Ser Ser Thr Gly Met
130 135 140
Gly Gly Ile His Met Leu Gln Ser Glu Pro Asn Val Gly Gly Asn Gly
145 150 155 160
Thr Gly Ala Phe Ser Asp Leu Gly Arg Ser Met Thr Gly Glu Gly Leu

```

```

                                165                170                175
Ser Ala Val Ser Arg Gly Leu Gly Ser Ala Ser Lys Gln Asp Val Gly
                                180                185                190

Ser Val Gly Ser Ala Glu Gly Arg Arg Gly Tyr Leu Gly Gly Gln Gly
                                195                200                205

Ala Asp Lys Gly Glu Thr Leu Tyr Phe Lys Ser Ala Glu Glu Lys Asp
                                210                215                220

<210> 246
<211> 669
<212> ДНК
<213> Vitis vinifera

<400> 246
atgcagcaga acccccagat gatacctgtt atgccttctt ttccacccaa caacatcact    60
accgagcaga ttcagaagta tctcgatgag aataaaaaat tgattctggc aatattggac    120
aatcaaaacc ttggaaagct tgctgagtgt gcacagtacc aagctcagct tcaaaagaat    180
ttgatgtatc tagctgcaat tgctgatgct cagccacagg caccaccgac aatgcctccc    240
cagatggccc cacaccctgc aatgcagcag ggaggggtact acatgcagca tccccaggcg    300
gcagcaatgg ctcagcaacc tgggtcttttc cctcccaaga tgcccttaca atttggtaac    360
ccacatcaac ttcaggagca agcacagcag ctgcagcagc tacagcaaca agccatgcaa    420
gggcagatgg gcatgagacc tggagggggcc aacaacggca tgcattccat gcatcctgag    480
gccactcttg gtggtggcag cagtgggtggc cctccaccat ctgccggcct cagtgatgca    540
cgcgagggtg gcaagcaaga cacttccgaa gcaggggctt ctggtggtga tggtcagggg    600
agctcagctg ctgggcatgg cggcgatggc gaatcaccct acttgaaggg gtcagaggat    660
ggaaagtga
                                                669

<210> 247
<211> 222
<212> PRT
<213> Vitis vinifera

<400> 247

Met Gln Gln Asn Pro Gln Met Ile Pro Val Met Pro Ser Phe Pro Pro
 1                    5                    10                    15

Asn Asn Ile Thr Thr Glu Gln Ile Gln Lys Tyr Leu Asp Glu Asn Lys
                20                    25                    30

Lys Leu Ile Leu Ala Ile Leu Asp Asn Gln Asn Leu Gly Lys Leu Ala
                35                    40                    45

Glu Cys Ala Gln Tyr Gln Ala Gln Leu Gln Lys Asn Leu Met Tyr Leu
 50                    55                    60

Ala Ala Ile Ala Asp Ala Gln Pro Gln Ala Pro Pro Thr Met Pro Pro
65                    70                    75                    80

```

Gln Met Ala Pro His Pro Ala Met Gln Gln Gly Gly Tyr Tyr Met Gln
85 90 95

His Pro Gln Ala Ala Ala Met Ala Gln Gln Pro Gly Leu Phe Pro Pro
100 105 110

Lys Met Pro Leu Gln Phe Gly Asn Pro His Gln Leu Gln Glu Gln Ala
115 120 125

Gln Gln Leu Gln Gln Leu Gln Gln Gln Ala Met Gln Gly Gln Met Gly
130 135 140

Met Arg Pro Gly Gly Ala Asn Asn Gly Met His Pro Met His Pro Glu
145 150 155 160

Ala Thr Leu Gly Gly Gly Ser Ser Gly Gly Pro Pro Pro Ser Ala Gly
165 170 175

Leu Ser Asp Ala Arg Gly Gly Gly Lys Gln Asp Thr Ser Glu Ala Gly
180 185 190

Ala Ser Gly Gly Asp Gly Gln Gly Ser Ser Ala Ala Gly His Gly Gly
195 200 205

Asp Gly Glu Ser Pro Tyr Leu Lys Gly Ser Glu Asp Gly Lys
210 215 220

<210> 248
<211> 597
<212> ДНК
<213> Vitis vinifera

<400> 248
atgcagcagc aaccaccaca gatgatgaac attgcgcctt catttccctcc caccgccatc 60
accactgagc agattcagaa gtatctggat gagaacaaac aattgattct ggcaattctg 120
gaaaaccaga cccttggaag actcgccgag tgtgcccaat atcaagccca gcttcagaag 180
aacttgatat atctagctgc aattgctgat gcccaaccac cagcaccaac agtgcctcct 240
cagatgccta tacatcatgc catgcaacaa gggcattaca tgcaacaccc tcaggctgct 300
gcagctcagc aacaaccagg catgtttggt gcaaagttgc ctttccagct tagcgatcag 360
caacagcagc agcagcatca ttttttacac ctccaacaac agcaacccat ccaagggtc 420
atgggcatga ggcctatcat caacaatggc atgcatcagg ccatgcaaac tgggcttggt 480
gctttgagcg gtttcatgga tgtacgtgga agcaagccag atggctcaga ggttggtttt 540
ggtgatggcc aagggaagtt tgcttctgga catggcagtg gaaatagaga ttcctaa 597

<210> 249
<211> 198
<212> PRT
<213> Vitis vinifera

<400> 249
Met Gln Gln Gln Pro Pro Gln Met Met Asn Ile Ala Pro Ser Phe Pro
1 5 10 15

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

<210> 250
 <211> 735
 <212> DHK
 <213> Volvox carteri

<400> 250
 atggcgagcag tgtaggtgca ggccaagcca gcccgaatga caacggagcg aatccaagaa 60
 atgcttgaag aaaacttcaa gtttatcaag gactcgccg aacagcaaaa ccttggtcga 120
 atgcaggacg tcatccagtt ccagcagaag cttcaagaaa accttatgct actagcagct 180
 gtggcggaca cctactcatc agcgtctgca acgggagctg ctgcccaggc gactgcagct 240
 cccggcatgg cggcacaggc ggcccggccg cccgctgctg ctctccctgg aacagctggt 300
 gctacggcgg cgctcccgt ccttggttg ccgcaacaac agcaaccgca gcagcagcag 360
 cagccgcagc agcagccagg gcagcccagc ccgctaata tggatcatgcc gggctcttcc 420
 gggacgcagg cgcctacgca actggggggc atgcaactca cgcagcagca gatacaagct 480
 gcggtacagc aagcgctagt ccgacagcag cagcagcaac aacaacagca gcagcaaaat 540
 ccaaatccgt ttcaggggca gcaattccag ctgccacagt cacttcagca gccgcagtcc 600
 ctgggacagc agccagtttt aagtgcgatg ggggccctgg gagggccctt ggctggtcag 660

gggacggcgg cagggcaggg gggagcaggt ggtttccagc tgcccgcggc gcctcctttg 720
aaccttgggc tttga 735

<210> 251
<211> 244
<212> PRT
<213> Volvox carteri

<400> 251

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

<210> 252
<211> 699
<212> ДНК

<213> Welwitschia mirabilis

<400> 252

```

atgcaaatgc agcctatgat aggggcagga tactcctcca atagcatcac cactgatcac      60
attcagaagt atttgatga gaataggcaa ttgattcttg caattcttga caaccaaagt    120
cttggaagt tgaatgaatg tgcacaatac caagccaggc ttcaacaaaa tttaattgtat    180
ttggctgcta ttgctgattc ccaaccgcaa acacctgctg cacatgccca gatcgcatcc    240
aatgcaatgc ttcaagcagg tggtcattat atgcagcacc agcagacagt aactccccag    300
tcacttcttg ctgcaaggtc atctatgctt tacagtcagc aacctatgac tgcattccat    360
caagcacagc agcagcagca acaacaatct ctccatggcc agttggggat aaattcagga    420
ggaacaatg gattacatat tcttcatggt gaaacaagca tgggtagtaa tggacctctc    480
acgacaggaa gctttcctga ttttggcgga gggtcagtaa attgtgatct attgcagggc    540
aataggagct tgactattga ccgtggctct agcaagattg atgggcttgg aacagagaat    600
acgcaccctg tagaagggcg aggaggagca agtggtggcc aaaacacaga agaaggggca    660
ccatcttatt tgaaagcttc tgaggatgag ggaagctag                          699

```

<210> 253

<211> 232

<212> PRT

<213> Welwitschia mirabilis

<400> 253

```

Met Gln Met Gln Pro Met Ile Gly Ala Gly Tyr Ser Ser Asn Ser Ile
1              5              10              15

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

Leu Ala Ile Leu Asp Asn Gln Asn Leu Gly Lys Leu Asn Glu Cys Ala
35              40              45

Gln Tyr Gln Ala Arg Leu Gln Gln Asn Leu Met Tyr Leu Ala Ala Ile
50              55              60

Ala Asp Ser Gln Pro Gln Thr Pro Ala Ala His Ala Gln Ile Ala Ser
65              70              75              80

Asn Ala Met Leu Gln Ala Gly Gly His Tyr Met Gln His Gln Gln Thr
85              90              95

Val Thr Pro Gln Ser Leu Leu Ala Ala Arg Ser Ser Met Leu Tyr Ser
100             105             110

Gln Gln Pro Met Thr Ala Phe His Gln Ala Gln Gln Gln Gln Gln
115             120             125

Gln Ser Leu His Gly Gln Leu Gly Ile Asn Ser Gly Gly Asn Asn Gly
130             135             140

Leu His Ile Leu His Gly Glu Thr Ser Met Gly Ser Asn Gly Pro Leu
145             150             155             160

```

Thr Thr Gly Ser Phe Pro Asp Phe Gly Arg Gly Ser Val Asn Cys Asp
165 170 175

Leu Leu Gln Gly Asn Arg Ser Leu Thr Ile Asp Arg Gly Ser Ser Lys
180 185 190

Ile Asp Gly Leu Gly Thr Glu Asn Thr His Pro Val Glu Gly Arg Gly
195 200 205

Gly Ala Ser Val Gly Gln Asn Thr Glu Glu Gly Ala Pro Ser Tyr Leu
210 215 220

Lys Ala Ser Glu Asp Glu Gly Ser
225 230

<210> 254
<211> 684
<212> ДНК
<213> Zea mays

<400> 254
atgcagcagc aacacctgat gcagatgaac cagaacatga tgggggggcta cacctctcct 60
gccgcctgta ccaccgatct catccagcag cacctggacg agaacaagca gctgatecctg 120
gccatcctcg acaaccagaa caatggcaag gcggaggagt gcgaacggca ccaagctaag 180
ctccagcaca acctcatgta cctggccgcc atcgctgaca gccagccgcc acagaccgcg 240
ccactatcac agtaccgctc caacctgatg atgcagccgg gccctcggta catgccaccg 300
cagtcggggc agatgatgaa cccgcagtcg ctgatggcgg cgcggtcctc catgatgtac 360
gcgcacccgt cctgtgcgcc actccagcag cagcaggcgg cgcacggaca gctggggtatg 420
gctccagggg gcggcggtgg cggcacgacc agcgggttca gcatectcca cggcgaggcc 480
agcatggggc gtggtggtgc tggcgaggcc gccggcaaca acatgatgaa cgccggcatg 540
ttctcgggct ttggccgcag cggcagtggc gccaaaggaag ggtcgacctc tctgtcggtt 600
gacgtccggg gtggaaccag ctccggcgcg cagagcgggg acggcgagta cctcaaagtc 660
ggcaccgagg aagaaggcag ttag 684

<210> 255
<211> 227
<212> PRT
<213> Zea mays

<400> 255

Met Gln Gln Gln His Leu Met Gln Met Asn Gln Asn Met Met Gly Gly
1 5 10 15

Tyr Thr Ser Pro Ala Ala Val Thr Thr Asp Leu Ile Gln Gln His Leu
20 25 30

Asp Glu Asn Lys Gln Leu Ile Leu Ala Ile Leu Asp Asn Gln Asn Asn
35 40 45

Gly Lys Ala Glu Glu Cys Glu Arg His Gln Ala Lys Leu Gln His Asn

50	55	60
Leu Met Tyr Leu Ala Ala Ile Ala Asp Ser Gln Pro Pro Gln Thr Ala		
65	70	75 80
Pro Leu Ser Gln Tyr Pro Ser Asn Leu Met Met Gln Pro Gly Pro Arg		
	85	90 95
Tyr Met Pro Pro Gln Ser Gly Gln Met Met Asn Pro Gln Ser Leu Met		
	100	105 110
Ala Ala Arg Ser Ser Met Met Tyr Ala His Pro Ser Leu Ser Pro Leu		
	115	120 125
Gln Gln Gln Gln Ala Ala His Gly Gln Leu Gly Met Ala Pro Gly Gly		
	130	135 140
Gly Gly Gly Gly Thr Thr Ser Gly Phe Ser Ile Leu His Gly Glu Ala		
	145	150 155 160
Ser Met Gly Gly Gly Gly Ala Gly Ala Gly Ala Gly Asn Asn Met Met		
	165	170 175
Asn Ala Gly Met Phe Ser Gly Phe Gly Arg Ser Gly Ser Gly Ala Lys		
	180	185 190
Glu Gly Ser Thr Ser Leu Ser Val Asp Val Arg Gly Gly Thr Ser Ser		
	195	200 205
Gly Ala Gln Ser Gly Asp Gly Glu Tyr Leu Lys Val Gly Thr Glu Glu		
	210	215 220
Glu Gly Ser		
225		

<210> 256
 <211> 549
 <212> ДНК
 <213> Zea mays

<400> 256	
atgcagcagc cgatgcacat gcagccacag gcgccggcga taacccacgc tgccggaatc	60
agcacggagc agatccaaaa gtatctggat gagaataagc agcttatttt ggctattttg	120
gaaaatcaga acctaggaaa attggcagaa tgtgctcagt atcaatcaca acttcagaag	180
aacctcttgt atctcgctgc aatcgcatg gctcaaccgc agactgctgt aagccgcct	240
cagatggcgc cgcctggtgg atcgctgga gtagggcagt acatgtcaca ggtgcctatg	300
ttcccaccga ggacacctct tacacccacg cagatgcagg agcagcagct tcagcagcag	360
caggctcagt tgctaaactt cagtggccaa atggttgcta gaccaggcat ggtcaacggc	420
atggctcagt ccatgcaagc tcagctacca ccgggtgtga acaagcagga tgctggtggg	480
gtcgctcttg agccctcggg caccgagagc cacaggagca ctggtggtga cgatggtgga	540
agcgactag	549
<210> 257	
<211> 182	

<212> PRT
<213> Zea mays

<400> 257

```

Met Gln Gln Pro Met His Met Gln Pro Gln Ala Pro Ala Ile Thr Pro
1          5          10          15

Ala Ala Gly Ile Ser Thr Glu Gln Ile Gln Lys Tyr Leu Asp Glu Asn
20          25          30

Lys Gln Leu Ile Leu Ala Ile Leu Glu Asn Gln Asn Leu Gly Lys Leu
35          40          45

Ala Glu Cys Ala Gln Tyr Gln Ser Gln Leu Gln Lys Asn Leu Leu Tyr
50          55          60

Leu Ala Ala Ile Ala Asp Ala Gln Pro Gln Thr Ala Val Ser Arg Pro
65          70          75          80

Gln Met Ala Pro Pro Gly Gly Ser Pro Gly Val Gly Gln Tyr Met Ser
85          90          95

Gln Val Pro Met Phe Pro Pro Arg Thr Pro Leu Thr Pro Gln Gln Met
100         105         110

Gln Glu Gln Gln Leu Gln Gln Gln Gln Ala Gln Leu Leu Asn Phe Ser
115         120         125

Gly Gln Met Val Ala Arg Pro Gly Met Val Asn Gly Met Ala Gln Ser
130         135         140

Met Gln Ala Gln Leu Pro Pro Gly Val Asn Lys Gln Asp Ala Gly Gly
145         150         155         160

Val Ala Ser Glu Pro Ser Gly Thr Glu Ser His Arg Ser Thr Gly Gly
165         170         175

Asp Asp Gly Gly Ser Asp
180

```

<210> 258
<211> 663
<212> ДНК
<213> Zea mays

<400> 258

```

atgcagcagc agatgcccat gccgcggcg cccgctgccg ccgcggcgcc ggcgcccccg      60
gcggcaggca tcactaccga gcagatccag aagtatttgg acgaaaataa gcaacttatt      120
ttggccatcc tggaaaatca gaacttaggg aagttggctg aatgtgctca gtatcaagct      180
caacttcaaa agaacctctt gtacctggct gcgattgctg atgcccaacc ccagcctccg      240
caaaaccctg caggtcgccc tcagatgatg cagcctggta tagtgccagg tgcggggcat      300
tacatgtcac aagtaccaat gttccctcca agaaccctat taaccacaca gcagatgcag      360
gagcagcagc aacaacaaca gtttcagcag cagcagcagc aagtgcaggc tcttacattt      420
cctggacaga tggatcatgag accaggcacc atcaacggca tgcagcagca gcagcctatg      480

```

caggctgacc ctgcccgggc agcagcggag ctgcagcagg cagcacctat cccagctgac 540
 gggcgaggaa gcaagcagga caccgcgggt ggggcgagct cagagccttc tgccaatgag 600
 agccacaaga gcgccaccgg agcagatacc gaggcaggtg gcgacgtggc cgagaaatcc 660
 taa 663

<210> 259
 <211> 220
 <212> PRT
 <213> Zea mays

<400> 259

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

<210> 260
 <211> 1173
 <212> ДНК
 <213> Homo sapiens

<400> 260

```

atgggcggca acatgtctgt ggctttcgcg gccccgaggg agcgaggcaa gggggagatc      60
actcccgtcg cgattcagaa gatgttggat gacaataacc atcttattca gtgtataatg      120
gactctcaga ataaaggaaa gacctcagag tgttctcagt atcagcagat gttgcacaca      180
aacttggtat accttgctac aatagcagat tctaatacaa atatgcagtc tctttttacca      240
gcaccaccca cacagaatat gcctatgggt cctggaggga tgaatcagag cggccctccc      300
ccacctccac gctctcacia catgccttca gatggaatgg taggtggggg tcctcctgca      360
ccgcacatgc agaaccagat gaacggccag atgcctgggc ctaaccatat gcctatgcag      420
ggacctggac ccaatcaact caatatgaca aacagttcca tgaatatgcc ttcaagtagc      480
catggatcca tgggagggtta caaccattct gtgccatcat cacagagcat gccagtacag      540
aatcagatga caatgagtca gggacaacca atgggaaact atgggccag accaaatatg      600
agtatgcagc caaaccaagg tccaatgatg catcagcagc ctcttctca gcaatacaat      660
atgccacagg gaggcggaca gcattaccaa ggacagcagc cacctatggg aatgatgggt      720
caagttaacc aaggcaatca tatgatgggt cagagacaga ttcttcccta tagacctcct      780
caacagggcc caccacagca gtactcaggg caggaagact attacgggga ccaatacagt      840
catggtggac aaggtcctcc agaaggcatg aaccagcaat attaccctga tggaaattca      900
cagtatggcc aacagcaaga tgcataccag ggaccacctc cacaacaggg atatccaccc      960
cagcagcagc agtaccagg gcagcaaggt taccaggagc agcagcaggg ctacggtcct     1020
tcacagggtg gtccagggtc tcagtatcct aactaccac agggacaagg tcagcagtat     1080
ggaggatata gaccaacaca gcctggacca ccacagccac cccagcagag gccttatgga     1140
tatgaccagg gacagtatgg aaattaccag cag                                     1173

```

```

<210> 261
<211> 391
<212> PRT
<213> Homo sapiens

```

<400> 261

```

Met Gly Gly Asn Met Ser Val Ala Phe Ala Ala Pro Arg Gln Arg Gly
 1              5              10              15

Lys Gly Glu Ile Thr Pro Ala Ala Ile Gln Lys Met Leu Asp Asp Asn
      20              25              30

Asn His Leu Ile Gln Cys Ile Met Asp Ser Gln Asn Lys Gly Lys Thr
      35              40              45

Ser Glu Cys Ser Gln Tyr Gln Gln Met Leu His Thr Asn Leu Val Tyr
 50              55              60

Leu Ala Thr Ile Ala Asp Ser Asn Gln Asn Met Gln Ser Leu Leu Pro
65              70              75              80

Ala Pro Pro Thr Gln Asn Met Pro Met Gly Pro Gly Gly Met Asn Gln

```

85										90					95				
Ser	Gly	Pro	Pro	Pro	Pro	Pro	Arg	Ser	His	Asn	Met	Pro	Ser	Asp	Gly				
			100				105						110						
Met	Val	Gly	Gly	Gly	Pro	Pro	Ala	Pro	His	Met	Gln	Asn	Gln	Met	Asn				
		115				120						125							
Gly	Gln	Met	Pro	Gly	Pro	Asn	His	Met	Pro	Met	Gln	Gly	Pro	Gly	Pro				
		130				135						140							
Asn	Gln	Leu	Asn	Met	Thr	Asn	Ser	Ser	Met	Asn	Met	Pro	Ser	Ser	Ser				
		145				150						155							
His	Gly	Ser	Met	Gly	Gly	Tyr	Asn	His	Ser	Val	Pro	Ser	Ser	Gln	Ser				
						165						170							
Met	Pro	Val	Gln	Asn	Gln	Met	Thr	Met	Ser	Gln	Gly	Gln	Pro	Met	Gly				
						180						185							
Asn	Tyr	Gly	Pro	Arg	Pro	Asn	Met	Ser	Met	Gln	Pro	Asn	Gln	Gly	Pro				
		195				200						205							
Met	Met	His	Gln	Gln	Pro	Pro	Ser	Gln	Gln	Tyr	Asn	Met	Pro	Gln	Gly				
		210				215						220							
Gly	Gly	Gln	His	Tyr	Gln	Gly	Gln	Gln	Pro	Pro	Met	Gly	Met	Met	Gly				
		225				230						235							
Gln	Val	Asn	Gln	Gly	Asn	His	Met	Met	Gly	Gln	Arg	Gln	Ile	Pro	Pro				
						245						250							
Tyr	Arg	Pro	Pro	Gln	Gln	Gly	Pro	Pro	Gln	Gln	Tyr	Ser	Gly	Gln	Glu				
						260						265							
Asp	Tyr	Tyr	Gly	Asp	Gln	Tyr	Ser	His	Gly	Gly	Gln	Gly	Pro	Pro	Glu				
		275				280						285							
Gly	Met	Asn	Gln	Gln	Tyr	Tyr	Pro	Asp	Gly	Asn	Ser	Gln	Tyr	Gly	Gln				
		290				295						300							
Gln	Gln	Asp	Ala	Tyr	Gln	Gly	Pro	Pro	Pro	Gln	Gln	Gly	Tyr	Pro	Pro				
		305				310						315							
Gln	Gln	Gln	Gln	Tyr	Pro	Gly	Gln	Gln	Gly	Tyr	Pro	Gly	Gln	Gln	Gln				
						325						330							
Gly	Tyr	Gly	Pro	Ser	Gln	Gly	Gly	Pro	Gly	Pro	Gln	Tyr	Pro	Asn	Tyr				
						340						345							
Pro	Gln	Gly	Gln	Gly	Gln	Gln	Tyr	Gly	Gly	Tyr	Arg	Pro	Thr	Gln	Pro				
		355				360						365							
Gly	Pro	Pro	Gln	Pro	Pro	Gln	Gln	Arg	Pro	Tyr	Gly	Tyr	Asp	Gln	Gly				
		370				375						380							
Gln	Tyr	Gly	Asn	Tyr	Gln	Gln													
		385				390													
<210>		262																	
<211>		54																	
<212>		PRT																	
<213>		Штучна послідовність																	

```

<220>
<223> SNH domain from Arath_SYT1 (comprised in SEQ ID NO 121)

<400> 262

Val Thr Ser Asp His Ile Gln Gln Tyr Leu Asp Glu Asn Lys Ser Leu
1          5          10          15

Ile Leu Lys Ile Val Glu Ser Gln Asn Ser Gly Lys Leu Ser Glu Cys
          20          25          30

Ala Glu Asn Gln Ala Arg Leu Gln Arg Asn Leu Met Tyr Leu Ala Ala
          35          40          45

Ile Ala Asp Ala Gln Thr
          50

<210> 263
<211> 45
<212> PRT
<213> Штучна послідовність

<220>
<223> найбільш консервативні залишки SNH домену

<220>
<221> невизначено
<222> (2)..(3)
<223> Хаа означає будь-яку природну амінокислоту

<220>
<221> невизначено
<222> (5)..(6)
<223> Хаа означає будь-яку природну амінокислоту

<220>
<221> невизначено
<222> (8)..(10)
<223> Хаа означає будь-яку природну амінокислоту

<220>
<221> невизначено
<222> (12)..(20)
<223> Хаа означає будь-яку природну амінокислоту

<220>
<221> невизначено
<222> (22)..(29)
<223> Хаа означає будь-яку природну амінокислоту

<220>
<221> невизначено
<222> (31)..(32)
<223> Хаа означає будь-яку природну амінокислоту

<220>
<221> невизначено
<222> (34)..(35)
<223> Хаа означає будь-яку природну амінокислоту

<220>
<221> невизначено

```

```

<222> (38)..(39)
<223> Xaa означає будь-яку природну амінокислоту

<220>
<221> невизначено
<222> (42)..(43)
<223> Xaa означає будь-яку природну амінокислоту

<400> 263

Gln Xaa Xaa Leu Xaa Xaa Asn Xaa Xaa Xaa Ile Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa
1          5          10          15

Xaa Xaa Xaa Xaa Gly Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Xaa Gln Xaa Xaa
20          25          30

Leu Xaa Xaa Asn Leu Xaa Xaa Leu Ala Xaa Xaa Ala Asp
35          40          45

<210> 264
<211> 74
<212> PRT
<213> Штучна послідовність

<220>
<223> SSXT domain InterPro007726 (PFam05030) comprised in SEQ ID NO 121

<400> 264

Gln Met Gln Pro Met Met Ala Gly Tyr Tyr Pro Ser Asn Val Thr Ser
1          5          10          15

Asp His Ile Gln Gln Tyr Leu Asp Glu Asn Lys Ser Leu Ile Leu Lys
20          25          30

Ile Val Glu Ser Gln Asn Ser Gly Lys Leu Ser Glu Cys Ala Glu Asn
35          40          45

Gln Ala Arg Leu Gln Arg Asn Leu Met Tyr Leu Ala Ala Ile Ala Asp
50          55          60

Ser Gln Pro Gln Pro Pro Ser Val His Ser
65          70

<210> 265
<211> 53
<212> ДНК
<213> Штучна послідовність

<220>
<223> праймер: prn06681

<400> 265
ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggctt aaacaatgca acagcacctg atg
53

<210> 266
<211> 50
<212> ДНК
<213> Штучна послідовність

<220>
<223> праймер: prn06682

```

```

<400> 266
ggggaccact ttgtacaaga aagctgggtc atcattaaga ttccttgtgc 50

<210> 267
<211> 1828
<212> ДНК
<213> Штучна послідовність

<220>
<223> SEQ ID NO: 1 + SEQ ID NO: 120

<220>
<221> невизначено
<222> (1195)..(1195)
<223> п означає відсутність нуклеотиду по відношенню до будь-якої кількості
нуклеотидів

<220>
<221> misc_feature
<222> (1195)..(1195)
<223> п означає а, с, г або т

<400> 267
atgatgagtc taagtgaag tagcgggaga acaataggaa ggcctccatt tacaccaaca 60
caatgggaag aactggaaca tcaagcccta atctacaagt acatgggtctc tgggtgttcct 120
gtcccacctg agctcatctt ctccattaga agaagcttgg acacttcctt ggtctctaga 180
ctccttcttc accaatccct tggatggggg tgttaccaga tgggatttgg gagaaaacca 240
gatccagagc caggaagatg cagaagaaca gatggtaaga aatggagatg ctcaagagaa 300
gcttaccagc attcgaagta ctgtgaaaaa cacatgcaca gaggaagaaa ccgtgccaga 360
aaatctcttg atcagaatca gacaacaaca actcctttaa catcaccatc tctctcattc 420
accaacaaca acaacccaag tcccacctg tcttcttctt ctctctctaa tctctcttct 480
actacttatt ctgcttcttc ttcttcaatg gatgcctaca gtaacagtaa taggtttggg 540
cttgggtgaa gtagtagtaa cactagaggt tatttcaaca gccattctct tgattatcct 600
tatccttcta cttcacccaa acaacaacaa caaactcttc atcatgcttc cgctttgtca 660
cttcatcaaa atactaatc tacttctcag ttcaatgtct tagcctctgc tactgaccac 720
aaagacttca ggtactttca agggattggg gagagagttg gaggagtgg ggagagaacg 780
ttctttccag aagcatctag aagctttcaa gattctccat accatcatca ccaacaaccg 840
ttagcaacag tgatgaatga tccgtaccac cactgtagta ctgatcataa taagattgat 900
catcatcaca catactcatc ctcatcatca tctcaacatc ttcatcatga tcatgatcat 960
agacagcaac agtgttttgt tttgggcgcc gacatgttca acaaacctac aagaagtgtc 1020
cttgcaaaact catcaagaca agatcaaaat caagaagaag atgagaaaga ttcatcagag 1080
tcgtccaaga agtctctaca tcacttcttt ggtgaggact gggcacagaa caagaacagt 1140
tcagattctt ggcttgacct ttcttccac tcaagactcg acactggtag ctaanatgca 1200

```

```

acagcacctg atgcagatgc agcccatgat ggctgggttac taccacagca atgttacctc 1260
tgatcatatc caacagtact tggacgaaaa caaatcgcttg attctgaaga ttgttgagtc 1320
tcaaaactct ggaaagctta gcgaatgcgc cgagaatcaa gcaaggcttc aacgcaacct 1380
aatgtacctc gctgcaatag cagattctca gcctcagcca ccaagtgtgc atagccagta 1440
tggatctgct ggtgggtgga tgattcaggg agaaggaggg tcacactatt tgcagcagca 1500
acaagcgact caacagcaac agatgactca gcagtctcta atggcggctc gatcttcaat 1560
gttgatgctc cagcaacagc ggcagcagca gccttacgcg acgcttcagc atcagcaatc 1620
gcaccatagc cagcttgga tgagctcgag cagcggagga ggaggaagca gtggtctcca 1680
tatecttcag ggagaggctg gtgggtttca tgattttggc cgtgggaagc cggaaatggg 1740
aagtgggtgt ggcggtgaag gcagaggagg aagttcaggg gatggtggag aaacccttta 1800
cttgaaatca tcagatgatg ggaattga 1828

<210> 268
<211> 1828
<212> ДНК
<213> Штучна послідовність

<220>
<223> SEQ ID NO: 120 + SEQ ID NO: 1

<220>
<221> невизначено
<222> (634)..(634)
<223> n означає відсутність нуклеотиду по відношенню до будь-якої кількості
нуклеотидів

<220>
<221> misc_feature
<222> (634)..(634)
<223> n означає a, c, g або t

<400> 268
atgcaacagc acctgatgca gatgcagccc atgatggctg gttactaccc cagcaatggt 60
acctctgac atatccaaca gtacttgga gaaaacaaat cgttgattct gaagattggt 120
gagtctcaaa actctgga gcttagcgaa tgcgccgaga atcaagcaag gcttcaacgc 180
aacctaattg acctagctgc aatagcagat tctcagcctc agccaccaag tgtgcatagc 240
cagtatggat ctgctggtgg tgggatgatt cagggagaag gagggtcaca ctatttgag 300
cagcaacaag cgactcaaca gcaacagatg actcagcagt ctctaattggc ggctcgatct 360
tcaatgttgt atgctcagca acagcggcag cagcagcctt acgcgacgct tcagcatcag 420
caatcgacc atagccagct tggatgagc tcgagcagcg gaggaggagg aagcagtggg 480
ctccatatcc ttcagggaga ggctgggtgg tttcatgatt ttggccgtgg gaagccggaa 540
atgggaagtg gtggtggcgg tgaaggcaga ggaggaagtt caggggatgg tggagaaacc 600
ctttacttga aatcatcaga tgatgggaat tganatgatg agtctaagtg gaagtagcgg 660

```


gagaacaata ggaaggcctc catttacacc aacacaatgg gaagaactgg aacatcaagc 720
cctaactctac aagtacatgg tctctgggtg tctgtccca cctgagctca tcttctccat 780
tagaagaagc ttggacactt ccttgggtct tagactcctt cctcaccaat cccttgggatg 840
gggggtgttac cagatgggat ttgggagaaa accagatcca gagccaggaa gatgcagaag 900
aacagatggg aagaaatgga gatgctcaag agaagcttac ccagattcga agtactgtga 960
aaaacacatg cacagaggaa gaaaccgtgc cagaaaatct cttgatcaga atcagacaac 1020
aacaactcct ttaacatcac catctctctc attcaccaac aacaacaacc caagtccac 1080
cttgtcttct tcttcttctc ctaattcctc ttctactact tattctgctt cttcttcttc 1140
aatggatgcc tacagtaaca gtaatagggt tgggcttggg ggaagtagta gtaacactag 1200
aggttatttc aacagccatt ctcttgatta tccttatcct tctacttcac ccaaacaaca 1260
acaacaaact cttcatcatg cttccgcttt gtcacttcat caaaatacta attctacttc 1320
tcagttcaat gtcttagcct ctgctactga ccacaaagac ttcagggtact ttcaagggat 1380
tggggagaga gttggaggag ttggggagag aacgttcttt ccagaagcat ctagaagctt 1440
tcaagattct ccataccatc atcaccaaca accgttagca acagtgatga atgatccgta 1500
ccaccactgt agtactgatc ataataagat tgatcatcat cacacatact catcctcatc 1560
atcatctcaa catcttcac atgatcatga tcatagacag caacagtgtt ttgttttggg 1620
cgccgacatg ttcaacaaac ctacaagaag tgccttgca aactcatcaa gacaagatca 1680
aaatcaagaa gaagatgaga aagattcatc agagtcgtcc aagaagtctc tacatcactt 1740
ctttgggtgag gactgggcac agaacaagaa cagttcagat tcttgggcttg acctttcttc 1800
ccactcaaga ctcgacactg gtagctaa 1828

<210> 269
<211> 608
<212> PRT
<213> Штучна послідовність

<220>
<223> SEQ ID NO: 2 + SEQ ID NO: 121

<220>
<221> невизначено
<222> (398)..(398)
<223> Хаа означає відсутність амінокислоти по відношенню до будь-якої кількості амінокислот

<220>
<221> невизначено
<222> (398)..(398)
<223> Хаа означає відсутність амінокислоти по відношенню до будь-якої кількості амінокислот
<400> 269

Met Met Ser Leu Ser Gly Ser Ser Gly Arg Thr Ile Gly Arg Pro Pro

```

1           5           10           15
Phe Thr Pro Thr Gln Trp Glu Glu Leu Glu His Gln Ala Leu Ile Tyr
20           25           30
Lys Tyr Met Val Ser Gly Val Pro Val Pro Pro Glu Leu Ile Phe Ser
35           40           45
Ile Arg Arg Ser Leu Asp Thr Ser Leu Val Ser Arg Leu Leu Pro His
50           55           60
Gln Ser Leu Gly Trp Gly Cys Tyr Gln Met Gly Phe Gly Arg Lys Pro
65           70           75           80
Asp Pro Glu Pro Gly Arg Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys Lys Trp Arg
85           90           95
Cys Ser Arg Glu Ala Tyr Pro Asp Ser Lys Tyr Cys Glu Lys His Met
100          105          110
His Arg Gly Arg Asn Arg Ala Arg Lys Ser Leu Asp Gln Asn Gln Thr
115          120          125
Thr Thr Thr Pro Leu Thr Ser Pro Ser Leu Ser Phe Thr Asn Asn Asn
130          135          140
Asn Pro Ser Pro Thr Leu Ser Ser Ser Ser Ser Ser Asn Ser Ser Ser
145          150          155          160
Thr Thr Tyr Ser Ala Ser Ser Ser Ser Met Asp Ala Tyr Ser Asn Ser
165          170          175
Asn Arg Phe Gly Leu Gly Gly Ser Ser Ser Asn Thr Arg Gly Tyr Phe
180          185          190
Asn Ser His Ser Leu Asp Tyr Pro Tyr Pro Ser Thr Ser Pro Lys Gln
195          200          205
Gln Gln Gln Thr Leu His His Ala Ser Ala Leu Ser Leu His Gln Asn
210          215          220
Thr Asn Ser Thr Ser Gln Phe Asn Val Leu Ala Ser Ala Thr Asp His
225          230          235          240
Lys Asp Phe Arg Tyr Phe Gln Gly Ile Gly Glu Arg Val Gly Gly Val
245          250          255
Gly Glu Arg Thr Phe Phe Pro Glu Ala Ser Arg Ser Phe Gln Asp Ser
260          265          270
Pro Tyr His His His Gln Gln Pro Leu Ala Thr Val Met Asn Asp Pro
275          280          285
Tyr His His Cys Ser Thr Asp His Asn Lys Ile Asp His His His Thr
290          295          300
Tyr Ser Ser Ser Ser Ser Ser Gln His Leu His His Asp His Asp His
305          310          315          320
Arg Gln Gln Gln Cys Phe Val Leu Gly Ala Asp Met Phe Asn Lys Pro
325          330          335
Thr Arg Ser Val Leu Ala Asn Ser Ser Arg Gln Asp Gln Asn Gln Glu

```

```

          340          345          350
Glu Asp Glu Lys Asp Ser Ser Glu Ser Ser Lys Lys Ser Leu His His
   355          360          365
Phe Phe Gly Glu Asp Trp Ala Gln Asn Lys Asn Ser Ser Asp Ser Trp
   370          375          380
Leu Asp Leu Ser Ser His Ser Arg Leu Asp Thr Gly Ser Xaa Met Gln
   385          390          395          400
Gln His Leu Met Gln Met Gln Pro Met Met Ala Gly Tyr Tyr Pro Ser
   405          410          415
Asn Val Thr Ser Asp His Ile Gln Gln Tyr Leu Asp Glu Asn Lys Ser
   420          425          430
Leu Ile Leu Lys Ile Val Glu Ser Gln Asn Ser Gly Lys Leu Ser Glu
   435          440          445
Cys Ala Glu Asn Gln Ala Arg Leu Gln Arg Asn Leu Met Tyr Leu Ala
   450          455          460
Ala Ile Ala Asp Ser Gln Pro Gln Pro Pro Ser Val His Ser Gln Tyr
   465          470          475          480
Gly Ser Ala Gly Gly Gly Met Ile Gln Gly Glu Gly Gly Ser His Tyr
   485          490          495
Leu Gln Gln Gln Gln Ala Thr Gln Gln Gln Gln Met Thr Gln Gln Ser
   500          505          510
Leu Met Ala Ala Arg Ser Ser Met Leu Tyr Ala Gln Gln Gln Arg Gln
   515          520          525
Gln Gln Pro Tyr Ala Thr Leu Gln His Gln Gln Ser His His Ser Gln
   530          535          540
Leu Gly Met Ser Ser Ser Ser Gly Gly Gly Gly Ser Ser Gly Leu His
   545          550          555          560
Ile Leu Gln Gly Glu Ala Gly Gly Phe His Asp Phe Gly Arg Gly Lys
   565          570          575
Pro Glu Met Gly Ser Gly Gly Gly Gly Glu Gly Arg Gly Gly Ser Ser
   580          585          590
Gly Asp Gly Gly Glu Thr Leu Tyr Leu Lys Ser Ser Asp Asp Gly Asn
   595          600          605

<210> 270
<211> 608
<212> PRT
<213> Штучна послідовність

<220>
<223> SEQ ID NO: 121 + SEQ ID NO: 2

<220>
<221> невизначено
<222> (211)..(211)
<223> Xaa означає відсутність амінокислоти по відношенню до будь-якої
кількості амінокислот

```

<220>
 <221> невизначено
 <222> (211)..(211)
 <223> Хаа означає відсутність амінокислоти по відношенню до будь-якої кількості амінокислот

<400> 270

```

Met  Gln  Gln  His  Leu  Met  Gln  Met  Gln  Pro  Met  Met  Ala  Gly  Tyr  Tyr
 1              5              10              15

Pro  Ser  Asn  Val  Thr  Ser  Asp  His  Ile  Gln  Gln  Tyr  Leu  Asp  Glu  Asn
      20              25              30

Lys  Ser  Leu  Ile  Leu  Lys  Ile  Val  Glu  Ser  Gln  Asn  Ser  Gly  Lys  Leu
      35              40              45

Ser  Glu  Cys  Ala  Glu  Asn  Gln  Ala  Arg  Leu  Gln  Arg  Asn  Leu  Met  Tyr
      50              55              60

Leu  Ala  Ala  Ile  Ala  Asp  Ser  Gln  Pro  Gln  Pro  Pro  Ser  Val  His  Ser
65              70              75              80

Gln  Tyr  Gly  Ser  Ala  Gly  Gly  Gly  Met  Ile  Gln  Gly  Glu  Gly  Gly  Ser
      85              90              95

His  Tyr  Leu  Gln  Gln  Gln  Gln  Ala  Thr  Gln  Gln  Gln  Gln  Met  Thr  Gln
      100              105              110

Gln  Ser  Leu  Met  Ala  Ala  Arg  Ser  Ser  Met  Leu  Tyr  Ala  Gln  Gln  Gln
      115              120              125

Arg  Gln  Gln  Gln  Pro  Tyr  Ala  Thr  Leu  Gln  His  Gln  Gln  Ser  His  His
      130              135              140

Ser  Gln  Leu  Gly  Met  Ser  Ser  Ser  Ser  Gly  Gly  Gly  Gly  Ser  Ser  Gly
145              150              155              160

Leu  His  Ile  Leu  Gln  Gly  Glu  Ala  Gly  Gly  Phe  His  Asp  Phe  Gly  Arg
      165              170              175

Gly  Lys  Pro  Glu  Met  Gly  Ser  Gly  Gly  Gly  Gly  Glu  Gly  Arg  Gly  Gly
      180              185              190

Ser  Ser  Gly  Asp  Gly  Gly  Glu  Thr  Leu  Tyr  Leu  Lys  Ser  Ser  Asp  Asp
      195              200              205

Gly  Asn  Xaa  Met  Met  Ser  Leu  Ser  Gly  Ser  Ser  Gly  Arg  Thr  Ile  Gly
      210              215              220

Arg  Pro  Pro  Phe  Thr  Pro  Thr  Gln  Trp  Glu  Glu  Leu  Glu  His  Gln  Ala
225              230              235              240

Leu  Ile  Tyr  Lys  Tyr  Met  Val  Ser  Gly  Val  Pro  Val  Pro  Pro  Glu  Leu
      245              250              255

Ile  Phe  Ser  Ile  Arg  Arg  Ser  Leu  Asp  Thr  Ser  Leu  Val  Ser  Arg  Leu
      260              265              270

Leu  Pro  His  Gln  Ser  Leu  Gly  Trp  Gly  Cys  Tyr  Gln  Met  Gly  Phe  Gly
      275              280              285

```

```

Arg Lys Pro Asp Pro Glu Pro Gly Arg Cys Arg Arg Thr Asp Gly Lys
290                               295                               300

Lys Trp Arg Cys Ser Arg Glu Ala Tyr Pro Asp Ser Lys Tyr Cys Glu
305                               310                               315                               320

Lys His Met His Arg Gly Arg Asn Arg Ala Arg Lys Ser Leu Asp Gln
                               325                               330                               335

Asn Gln Thr Thr Thr Thr Pro Leu Thr Ser Pro Ser Leu Ser Phe Thr
                               340                               345                               350

Asn Asn Asn Asn Pro Ser Pro Thr Leu Ser Ser Ser Ser Ser Ser Asn
                               355                               360                               365

Ser Ser Ser Thr Thr Tyr Ser Ala Ser Ser Ser Ser Met Asp Ala Tyr
370                               375                               380

Ser Asn Ser Asn Arg Phe Gly Leu Gly Gly Ser Ser Ser Asn Thr Arg
385                               390                               395                               400

Gly Tyr Phe Asn Ser His Ser Leu Asp Tyr Pro Tyr Pro Ser Thr Ser
                               405                               410                               415

Pro Lys Gln Gln Gln Gln Thr Leu His His Ala Ser Ala Leu Ser Leu
                               420                               425                               430

His Gln Asn Thr Asn Ser Thr Ser Gln Phe Asn Val Leu Ala Ser Ala
435                               440                               445

Thr Asp His Lys Asp Phe Arg Tyr Phe Gln Gly Ile Gly Glu Arg Val
450                               455                               460

Gly Gly Val Gly Glu Arg Thr Phe Phe Pro Glu Ala Ser Arg Ser Phe
465                               470                               475                               480

Gln Asp Ser Pro Tyr His His His Gln Gln Pro Leu Ala Thr Val Met
                               485                               490                               495

Asn Asp Pro Tyr His His Cys Ser Thr Asp His Asn Lys Ile Asp His
500                               505                               510

His His Thr Tyr Ser Ser Ser Ser Ser Ser Gln His Leu His His Asp
515                               520                               525

His Asp His Arg Gln Gln Gln Cys Phe Val Leu Gly Ala Asp Met Phe
530                               535                               540

Asn Lys Pro Thr Arg Ser Val Leu Ala Asn Ser Ser Arg Gln Asp Gln
545                               550                               555                               560

Asn Gln Glu Glu Asp Glu Lys Asp Ser Ser Glu Ser Ser Lys Lys Ser
565                               570                               575

Leu His His Phe Phe Gly Glu Asp Trp Ala Gln Asn Lys Asn Ser Ser
580                               585                               590

Asp Ser Trp Leu Asp Leu Ser Ser His Ser Arg Leu Asp Thr Gly Ser
595                               600                               605

```

Комп'ютерна верстка М. Мацело

Державна служба інтелектуальної власності України, вул. Урицького, 45, м. Київ, МСП, 03680, Україна

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