



УКРАЇНА

(19) **UA** (11) **110021** (13) **C2**  
(51) МПК (2015.01)  
**C07K 14/415** (2006.01)  
**C12N 15/82** (2006.01)  
**C12N 15/29** (2006.01)  
**A01H 5/00**

ДЕРЖАВНА СЛУЖБА  
ІНТЕЛЕКТУАЛЬНОЇ  
ВЛАСНОСТІ  
УКРАЇНИ

## (12) ОПИС ДО ПАТЕНТУ НА ВИНАХІД

(21) Номер заявки: **а 2012 04883**  
(22) Дата подання заявки: **20.09.2010**  
(24) Дата, з якої є чинними права на винахід: **10.11.2015**  
(31) Номер попередньої заявки відповідно до Паризької конвенції: **09170769.5**  
(32) Дата подання попередньої заявки відповідно до Паризької конвенції: **18.09.2009**  
(33) Код держави-учасниці Паризької конвенції, до якої подано попередню заявку: **EP**  
(41) Публікація відомостей про заявку: **11.06.2012, Бюл.№ 11**  
(46) Публікація відомостей про видачу патенту: **10.11.2015, Бюл.№ 21**  
(86) Номер та дата подання міжнародної заявки, поданої відповідно до Договору РСТ: **PCT/NL2010/050612, 20.09.2010**  
(72) Винахідник(и):  
**Воссен Якобус Хубертус (NL),**  
**Нейенхейс Мартен (NL),**  
**Аренс-Де Рьовер Маріон Йоханна**  
**Барбара (NL),**  
**ван дер Воссен Едвін Андріс Герард**  
**(NL),**  
**Якобсен Еверт (NL),**  
**Віссер Ріхард Герардус Францискус (NL)**  
(73) Власник(и):  
**ВАГЕНІНГЕН ЮНІВЕРСІТЕЙТ,**  
Droevendaalsesteeg 4, 6708 PB Wageningen,  
Netherlands (NL)

(74) Представник:  
**Льгова Майя Миколаївна, реєстр. №12**  
(56) Перелік документів, взятих до уваги експертизою:  
VOSSEN VAN DER E ET AL: "An ancient R gene from the wild potato species *Solanum bulbocastanum* confers broad-spectrum resistance to *Phytophthora infestans* in cultivated potato and tomato" PLANT JOURNAL, BLACKWELL SCIENTIFIC PUBLICATIONS, OXFORD, GB, vol. 36, no. 6, 01.12.2003, pages 867-882  
OBERHAGEMANN P ET AL: "A genetic analysis of quantitative resistance to late blight in potato: towards marker-assisted selection" MOLECULAR BREEDING: NEW STRATEGIES IN PLANT IMPROVEMENT, KLUWER ACADEMIC PUBLISHERS, NL, vol. 5, no. 5, 01.01.1999, pages 399-415  
WO 2009013468 A2, 29.01.2009  
SONG J ET AL: "Gene RB cloned from *Solanum bulbocastanum* confers broad spectrum resistance to potato late blight" PROCEEDINGS OF THE NATIONAL ACADEMY OF SCIENCES OF USA. (PNAS), NATIONAL ACADEMY OF SCIENCE, WASHINGTON, DC, US, vol. 100, no. 16, 05.08.2003, pages 9128-9133  
BRADEEN J M ET AL: "Concomitant reiterative BAC walking and fine genetic mapping enable physical map development for the broad-spectrum late blight resistance region, RB" MGG - MOLECULAR GENETICS AND GENOMICS, SPRINGER, BERLIN, DE, vol. 269, no. 5, 01.08.2003, pages 603-611

## (54) СПОСІБ ЗАБЕЗПЕЧЕННЯ ПРИНАЙМНІ ЧАСТКОВОЇ РЕЗИСТЕНТНОСТІ ЧИ ПІДВИЩЕННЯ РЕЗИСТЕНТНОСТІ У РОСЛИНИ ПРОТИ ООМІЦЕТНОЇ ІНФЕКЦІЇ

### (57) Реферат:

Даний винахід належить до способу забезпечення принаймні часткової резистентності чи підвищення резистентності у рослини проти ооміцетної інфекції, де вказані ооміцети включають *Phytophthora infestans* (збудники фітофтори). Винахід розкриває ген резистентності та його

UA 110021 C2

функціональні гомологи чи фрагменти, виділені з *S. chacoense*, *S. berthaultii*, *S. sucrense* або *S. tarijense*. Додатково, даний винахід належить до застосування зазначеного гена резистентності для підвищення чи надання принаймні часткової резистентності рослині проти ооміцетної інфекції шляхом забезпечення рослини чи її частини нуклеїновою кислотою, що кодує амінокислотну послідовність Rpi-chc1.



## Галузь винаходу

Даний винахід відноситься до резистентного гену, виділеного з *S. chacoense*. Додатково, даний винахід відноситься до застосування зазначеного резистентного гена, наприклад, для клонування функціональних гомологів, а також застосування зазначеного гену(генів) резистентності у способі підвищення або надавання щонайменше, часткової резистентності до ооміцетної інфекції в рослинах. Більш конкретно, даний винахід представляє резистентний ген, здатний збільшувати або надавати щонайменше, часткову резистентність до *Phytophthora* sp. (наприклад, *Phytophthora infestans*) за допомогою способів генної інженерії або способів маркерної селекції.

## Передумови створення винаходу

Фітофтороз, викликаний ооміцетом *Phytophthora infestans*, є одним з найбільш серйозних захворювань у світовому виробництві картоплі. Він був відповідальним за ірландський картопляний голод в середині 19-го століття, що призвів до смерті одного мільйона людей. Хоча багато зусиль було вкладено в боротьбі з патогеном, хімічний контроль *P. Infestans*, як і раніше є основною стратегією контролю культури, але екологічна безпека стає все більш важливою та патоген іноді в змозі розвивати до обробки фунгіцидами. Таким чином, введення резистентності в сучасні види картоплі є найбільш міцною стратегією по боротьбі з хворобою.

У минулому столітті, *Solanum demissum*, що гексаплоїдним мексиканським видом, широко використовували в селекції для пізнього занепаду резистентності в картоплі. Спочатку було описано серію 11 R генів, отриманих від *S. demissum*. Серед них, R1, R2, R3a/b, R6, та R7 були локалізовані на генетичних картах картоплі (*Solanum tuberosum*). Тим не менш, ці гени R надають патовар-специфічну резистентність та такі, що були в інтрогесивних сортах картоплі, в основному, R1, R2, R3, R4 і R10, були швидко подолані патогеном. Таким чином, існує потреба в нових джерелах резистентності не потрібно, і в даний час, повідомлялося про ряд інших диких видів *Solanum* як потенційних джерел резистентності, багато з яких були генетично охарактеризовані (Таблиця 6).

Нещодавні зусилля з виявлення резистентності до хвороб рослин були зосереджені на основних генах R, що надають широкий спектр резистентності, отриманої з різних дикорослих видів *Solanum*. Крім *S. demissum*, повідомляли про інші дикорослі види *Solanum*, такі, як *S. acaule*, *S. chacoense*, *S. berthaultii*, *S. brevidens*, *S. bulbocastanum*, *S. microdontum*, *S. sparsipilum*, *S. spegazzinii*, *S. stoloniferum*, *S. sucrense*, *S. toralapanum*, *S. vernei* та *S. verrucosum*, які були представлені як нові джерела резистентності до фітофторозу (огляд (Jansky, 2000)).

*S. chacoense*, є само-несумісним диплоїдним видом з Південної Америки, і, як вважають, є джерелом резистентності проти фітофтори. Останні таксономічні перегрупування розділу *Petota* показали його зв'язок з такими видами, як *S. berthaultii* та *S. tarijense*. Кілька зразків *S. chacoense* (CHC543-1), *S. berthaultii* (BER481-3, BER94-2031) та *S. tarijense* (TAR852-5) були випробувані в тестах відділеного листа (DLA) з множиною ізолятів (Таблиця 5) і при повторних польових випробуваннях ізоляту IPO-C. У всіх тестах CHC543-5, BER94-2031, BER481-3 та TAR852-2 залишається непошкодженими, що підкреслює релевантність експресованих R генів для резистентних селекції.

Молекулярне клонування генів, відповідальних за резистентність і подальше введення генів у види картоплі є третім способом, який дозволяє обійти багато проблем, що виникають в попередніх двох стратегій.

На сьогоднішній день було клоновано множину R-генів проти фітофтори, як алельні гени RB та Rpi-blb1 на хромосомі 8 і Rpi-blb1 на хромосомі 6 (Таблиця 6). Останнім часом був також виділений Rpi-blb 3 резистентний ген (WO 2008/091153). Хоча початкові результати, отримані для RB та Rpi-blb1, -2 та -3 є обіцяючими, існує необхідність у додаткових R-генах.

## Стислий опис винаходу

Даний винахід на даний час відноситься до способу одержання принаймні часткової резистентності або збільшення резистентності у рослини проти ооміцетної інфекції, що включає надання рослині або її частини нуклеїнової кислоти, що кодує амінокислотну послідовність Rpi-chc1 на Фігурі 4, або її функціональний фрагмент або функціональний гомолог, переважно де зазначена рослина є рослиною з родини пасльонових, більш переважно *Solanum tuberosum*. Переважно, вказаний ооміцет включає *Phytophthora*, більш переважно *Phytophthora infestans*. У конкретному втіленні, вказаний вище функціональний гомолог вибраний з групи амінокислотних послідовностей, що складається з 493-7\_G12, 543-5\_C2, 849-1\_M8\_M18\_M20, 487-1\_I4\_I6\_I8, 94-2031\_L4\_L7\_I8, 561-2\_K4\_K14\_K22, 324-2\_J1\_J3\_J8, 852-5\_E14\_E23, 852-5\_E28, 493-9\_H5\_H30, 493-7\_G14\_G22, 561-2\_K6\_K30\_K31 та 493-7\_G21. У додатковому конкретному втіленні послідовність нуклеїнових кислот, як визначено вище, включає нуклеїнову кислоту, як показано на Фігурі 7 або послідовність нуклеїнових кислот, що кодує амінокислотні

послідовності 493-7\_G12, 543-5\_C2, 849-1\_M8\_M18\_M20, 487-1\_I4\_I6\_I8, 94 - 2031\_L4\_L7\_I8, 561-2\_K4\_K14\_K22, 324-2\_J1\_J3\_J8, 852-5\_E14\_E23, 852-5\_E28, 493-9\_H5\_H30, 493-7\_G14\_G22, 561-2\_K6\_K30\_K31 та 493-7\_G21, як показано на Фігурі 13.

Даний винахід додатково включає спосіб для селекції ооміцету, переважно резистентної до *Phytophthora* тетраплоїдної рослини, включаючи

а. підвищення рівня плоїдності гамет диплоїдної рослини, яка вже містить послідовність нуклеїнових кислот, як визначено вище;

б. застосування вказаних гамет у схрещенні з гаметами тетраплоїдної рослини; та

в. вибір нащадків зазначеного схрещення на наявність зазначеної послідовності нуклеїнової кислоти. Переважно в такому способі диплоїдна рослина стадії а) є рослиною з роду *S. chocaense*, *S. berthaultii*, *S. sucrense*, або *S. tarijense*.

Даний винахід також відноситься до способу вибору рослин або рослинного матеріалу або їх потомства у відношенні чутливості або резистентності до ооміцетної інфекції, де зазначений спосіб включає стадії тестування принаймні частини зазначеної рослини або рослинного матеріалу або їх потомства на наявність або відсутність нуклеїнової кислоти, як визначено вище. Конкретно у такому способі тестування включає виявлення наявності одного або декількох маркерів, наведених у Таблиці 2 та 8, і воно здійснюється з праймером або зондом, який специфічно зв'язує зазначену нуклеїнову кислоту.

Таким чином, даний винахід також відноситься до маркера для селекції за допомогою маркерів в рослинництві, щоб одержати резистентність проти ооміцетів, де зазначений маркер вибирають з маркерів, представлених у Таблиці 2 та 8.

В іншому втіленні, даний винахід також відноситься до виділеної або рекомбінантної послідовності нуклеїнової кислоти, яка містить послідовність нуклеїнових кислот, що кодує амінокислотну послідовність Rpi-chc1, наведену на Фігурі 4, або її функціональний фрагмент, або нуклеїнової кислоти, що кодує амінокислотну послідовність 493 - 7\_G12, 543-5\_C2, 849-1\_M8\_M18\_M20, 487-1\_I4\_I6\_I8, 94-2031\_L4\_L7\_I8, 561-2\_K4\_K14\_K22, 324-2\_J1\_J3\_J8, 852-5\_E14\_E23, 852-5\_E28, 493-9\_H5\_H30, 493-7\_G14\_G22, 561-2\_K6\_K30\_K31 та 493-7\_G21 або її функціональний фрагмент. Переважно, зазначений фрагмент містить принаймні LRR домен амінокислотної послідовності. Це являє собою додаткове переважне втілення, де виділена або рекомбінантна послідовність нуклеїнових кислот за п.10 містить послідовність нуклеїнових кислот, як показано на Фігурі 7 і на Фігурі 13.

Додатково, даний винахід відноситься до трансгенної або тетраплоїдної клітини, що містить нуклеїнову кислоту відповідно до даного винаходу.

Додатково, частина даного винаходу є вектором, що містить послідовність нуклеїнових кислот за даним винаходом. Переважно, зазначений вектор додатково містить промотор та/або термінатор, з якими природно пов'язаний ген, більш переважно усичений промотор, що мають менш, ніж 1000 нуклеотидів перед послідовністю генів.

Даний винахід також відноситься до трансгенної або тетраплоїдної клітини-хазяїна, що містить нуклеїнову кислоту за даним винаходом, або вектор за даним винаходом, переважно, де така клітина-хазяїн є клітиною або рослинною клітиною *Agrobacterium*.

Даний винахід також відноситься до трансгенної або тетраплоїдної рослинної клітини, що містить нуклеїнову кислоту за даним винаходом або вектор за даним винаходом, де переважно зазначена рослинна клітина є клітиною пасльонових, більш переважно, *Solanum tuberosum*, більш переважно тетраплоїдних *Solanum tuberosum*. В іншому втіленні даний винахід є трансгенною або тетраплоїдною рослиною, що містять таку клітину, а також частину, одержану з такої рослини, переважно де така частина є бульбою.

Додатково, даний винахід включає білок, який кодується виділеною або рекомбінантною нуклеїною кислотою за даним винаходом або її функціональним фрагментом, переважно де зазначений білок має амінокислотну послідовність Rpi-chc1, як показано на Фігурі 4.

Даний винахід також відноситься до антитіла, яке (специфічно), зв'язується з білком за п. 20.

Підписи до фігур

Фігура 1. Генетичні та фізичні карти Rpi-chc1 (A) та Rpi-ber (B) локусів (7650 і 06-882 популяції відповідно). Зазначені відносні позиції маркерів, кількість рекомбінантів, ідентифікованих між маркерами, перекриття BAC клонів, які охоплюють R-локуси, і відносні положення RGAs в CHC543-5 і RH89-039-16 фізичних картах.

Фігура 2. Анонція послідовності Chr10 BAC.

Два коміркові маршрути, що складаються з 3 і 4 BAC, що перекриваються, з RH89-039-16 (RH106G038, RH137D014, RH009D021 та RH122B15, RH77O23, RH04G12, RH199E15) і двох BAC, що перекриваються, з CHC543-5, були секвеновані та анотовані. Позиції маркерів і BAC кінцевих послідовностей від BAC, що перекриваються, позначені стрілками. Позиції контігів

послідовності позначені горизонтальними стрілками. Позиції генів, як і передбачені FGENESH алгоритм, позначені кольоровими квадратами. Гомологія протеїнових послідовностей, як було встановлено BlastP пошуку по базі даних NR, вказується вертикальними стрілками. RGAs нумеруються підкресленими фігурами та їх генна структура пронумерована, відповідно,

5 A: RH106G03, B: RH137D14, C: RH97D21, D: RH122B15, E: RH77023, F: CHC B1 (B07-1-05), G: CHC B2 (2-D06\_3-D21).

Фігура 3. Перехідна комплементация чутливості до *Phytophthora* листя *Nicotiana benthamiana*. Через два дні після агро-інфільтрації листя були піддані щепленню шляхом інокуляції зооспоровою суспензією *P. infestans* ізолятом 90128 (авірулентний на CHC543-5) в аналізі відділеного листя. Типові фенотипи захворювання розвилися через 6 днів після інокуляції контрольних рослин, які були агро-інфільтровані pBINplus без вставки. Повна резистентність спостерігалася в контрольних рослинах, агро-інфільтрованих pBINplus: RPI-blb1. Агро-інфільтрація pBINplus: CHCB2-3, одного з трьох RGAs від Rpi-chc1 інтервалу картування, а також надано повну резистентність до інфекції *P. infestans*, тоді як pBINplus: CHCB2-1 і pBINplus: CHCB2-2 інфільтроване листя залишається уразливым.

Фігура 4. Вирівнювання амінокислотних послідовностей RGAs з *S. chacoense* (CHC B1-1, CHC B1-2, CHC B2-1, CHC B2-2, та CHC B2-3 = RPI-chc1) та родинних послідовностей, одержаних з *S. tuberosum* зразок RH89-039-16 (77O23c5794, 77O23c5795, 77O23c671, 77O23c7063, 77O23c7064, 122B15C88, 122B15C247, 137D14c131 і 137D14c132).

20 Білок з невідомою функцією, ABF81421, кодується геном від *Populus trichocarpa*.

Фігура 5. Організація Rpi-chc1 білкового домену.

25 N-кінцевий CC-домен складається з амінокислот 1-231. Амінокислоти, зображені затемненими, як прогнозують, згорнуті у виту структури за допомогою "COIL" алгоритму з розміром вікна 14. Домен центрального домену NB-ARC складається з амінокислот, 232-557. Домени, зображені затемненими, проявляють подібність до описаної раніше кінази 1a, кінази 2, кінази 3a, GLPL, RNBS-D і MHD доменів, відповідно. C-кінцевий LRR домен складається з 29 недосконалих збагачених лейцином повторами. Консервовані гідрофобні амінокислоти (A, V, L і F), у цій заявці позначені затемненням. Консенсус показано в нижній частині.

30 Фігура 6. Карта позицій Rpi-chc1 родинних послідовностей та резистентних генів фітофтороз на хромосомі 10.

UHD карти SH і RH хромосом показані зліва (van Os et al., 2006). 06-882 і 7677, відповідно до даного дослідження, представлені у середині. Позиції Rpi числа Rpi-ber (Rauscher et al., 2006), Rpi-ber1 та Rpi-ber2 (Park et al., 2008) показані справа. Червоні лінії показують розташування Rpi-chc1 родинних послідовностей. Зелені лінії показують розташування резистентних генів до фітофтори.

35 Фігура 7. Нуклеотидні послідовності клонів CHC B2-3 (7907 bp), що містить Rpi-chc1 кодуєчі і регуляторні послідовності. Rpi-chc1 кодуєчу ділянку 4550 bp виділено затемненням (3358-7266). Верхні 3357 нуклеотиди (1-3357) і нижні 641 нуклеотиди (7267-7907) містять регуляторні послідовності.

40 Фігура 8. Функціональна комплементация чутливості *Phytophthora infestans* (Pi) в трансгенних рослинах Desiree. Cv Desiree, трансформовані Rpi-chc1 кандидатними генами (RGC-1, -2 і -3) були щеплені Pi ізолятом 90128 в аналізі відділеного листя. Фотографії були зроблені через 6 днів після інокуляції. Резистентність спостерігали тільки в трансгенах, що містять RGC-3.

45 Фігура 9. Скринінг PEX набору за допомогою спільної інфільтрації. PEX клони інфільтрували у листя *N. benthamiana* окремо або спільно інфільтрували з Rpi-chc1. Через тиждень після інфільтрації були зроблені фотографії. Лист A, PEX1 = RD31, PEX2 = RD36. Лист B PEX1 = RD12-1, PEX2 = RD12-2. Лист C PEX1 = INF1, PEX2 = pGR106. У кожному листі внизу зліва пляму інфільтрували R3A + avr3a. Нижню праву пляму інфільтрували Rpi-chc1. Лист A не показує ідентифікації відповіді ефектора. B показує некроз для взаємодії Rpi-chc1 і RD12. C показує аутонекроз для INF1.

50 Фігура 10. Регуляторні елементи запуску Rpi-chc1 експресії.

Rpi-chc1 ORF клонували між однією з чотирьох промоторних/термінаторних послідовностей; її 3kb промотор та термінатор 0,5 kb (p-chc1-завдовжки), 0,9 kb власного промотор та термінатор 0,5 kb (p-chc1-завдовжки), подвійний промотор 35S в pMDC32 або Rpi-blb3 промотор/термінатор комбінації (Lokossou et al., 2009). Спільну агро-інфільтрацію з PEX-RD12 проводили в п'яти серійних розведеннях (OD600 = 2,0, 1,0, 0,5, 0,2, 0,1), як зазначено. R3a змішували з Avr3a та використовували в якості позитивного контролю (+) і Rpi-chc1 був використаний як негативний контроль (-). Фотографії були зроблені через 6 днів після проникнення.

60 Фігура 11. Вибір Rpi-chc1 специфічних пар праймерів, за допомогою скринінгу зародкової

плазми.

А. Вибір Rpi-chc1 специфічних пар праймерів. Праймерні комбінації а: 581 + 582, б: 585 + 587, в: 585 + 589 г: 586 + 587, д: 586 + 589, е: 588 + 589 відносяться до Таблиці 8. Були використані темплати 1: chc543-5 (донорна рослина для Rpi-chc1), 2: chc544-5 (чутлива батьківська картування популяції, 3: RH89-39-16 (чутлива рослина, донор Rpi-chc1 гомологічних послідовностей, 4: CHC BAC-1 (BAC клона що містить три неактивних RGA), 5: CHC BAC-2 (BAC клон, що містить Rpi-chc1), 6: MQ.

В. 225 генотипів з таксономічними групами 10-12 - 10-17, перераховані в Таблиці 7 були піддані скринінгу з комбінацією праймерів Д. Білі стрілки вказують на фрагменти очікуваного розміру у 6 генотипів.

Фігура 12. Філогенетичний аналіз Rpi-chc1 гомологів.

зелений: Послідовності, виділені Rpi-chc1 гомологом ПЛР (Приклад 2)

чорний: Rpi-chc1 гомологи, виявлені в ході клонування на основі картування (Приклад 1)

Фігура 13. Послідовності нуклеїнової кислоти, 21 розроблених Rpi-chc1 гомологів.

Фігура 14. Кластерні W вирівнювання послідовностей білків, кодованих Rpi-chc1 гомологів за Фигурою 11 та Rpi-chc1 гомологічних послідовностей, описаних в Прикладі 1

Детальний опис

Як використовують у цій заявці, термін "рослина або її частина" означає будь-яку повну або часткову рослину, окремі клітини та клітинні тканини, такі, як рослинні клітини, які є інтактними в рослині, клітинних скупченнях та тканинних культурах, з яких рослини картоплі можуть бути відновлені. Приклади частин рослин включають, але не обмежуючись цим, окремі клітини і тканини від пилку, яйцеклітин, листя, ембріонів, коріння, кінчиків коренів, пильовиків, квітів, плодів, пагонів стебла, бульб, в тому числі бульб картоплі для споживання або «насіння бульб» для культивування або клонального розмноження, та насіння, а також пилок, яйцеклітини, листя, ембріони, коріння, кінчики коренів, пильовики, квіти, плоди, стебла, пагони, живці, кореневища, насіння, протопласти, каллуси, тощо.

Як використовують у цій заявці, термін "популяція" означає генетично гетерогенну колекцію рослин, що мають спільне генетичне походження.

Як використовують у цій заявці термін "різноманітність" є таким, як визначено в договорі UPOV та відноситься до будь-якого угруповання рослин у межах одного ботанічного таксона нижчого з відомих рангів, де угруповання може бути: (а) визначеним експресією характеристик від даного генотипу або комбінації генотипів, (б) відрізняється від будь-якої іншої групи рослин експресією, принаймні однієї із зазначених ознак, і (с) розглядається як ланка з точки зору її придатності для поширення без змін.

Термін "культивар" (для культивованого виду), який використовують у цій заявці, визначається як вид, що зазвичай не зустрічається в природі, але був культивований людьми, тобто має біологічний стан, відмінний від "дикого" статусу, де "дикий" статус вказує на оригінальний неокультурений, або природний стан рослини або приросту. Термін "культивар" конкретно відноситься до рослини картоплі, що має плоідність, яка не тетраплоїдна. Термін "культивар" додатково включає, але не обмежуючись наведеним, напів-природний, напівдикий, засмічений, традиційний культивар, ландрас, селекційний матеріал, науково-дослідний матеріал, селекційну лінію, синтетичну популяцію, гібрид, основну популяцію, інбредну лінію (батьківський гібридний сорт), сегрегуючу популяцію, мутантну/генетичну родину, а також розвинений/поліпшений культивар.

Як використовують у цій заявці, "схрещування" означає запліднення жіночих рослин (або гамет) чоловічими рослинами (або гаметами). Термін "гамет" відноситься до гаплоїдних і диплоїдних репродуктивних клітин (яйцеклітин або сперми), вироблених рослинами шляхом мейозу, або перше або друге відновлення, або подвійне скорочення від гаметофита, що бере участь в статевому розмноженні, при якому дві гамети протилежної статі зливаються, утворюючи диплоїдні чи поліплоїдні зиготи. Цей термін зазвичай включає посилення на пилок (у тому числі сперматозоїд) та яйцеклітини (у тому числі жіночі зародкові клітини). "Схрещування", тому загалом відноситься до запліднення яйцеклітини з однієї особи пилом іншої особи, тоді як "самозапилення" відноситься до запліднення яйцеклітини особи пилом з генетично тієї ж особи.

Термін "зворотне схрещування", який використовують у цій заявці, означає процес, в якому рослина в результаті схрещування двох батьківських ліній схрещується з однією з батьківських ліній, де батьківські лінії, що використовуються в зворотному схрещуванні мають назву рекурентних батьків. Повторні зворотні схрещування призводять до геному, що стає все більш і більш подібним на рекурентного батьківського, наскільки це може бути досягнуто з урахуванням рівня гомо-і гетерозиготності зазначеного батьківського геному.

Як використовують у цій заявці, "самозапилення" визначається як ставиться до процесу

самозапліднення, де осіб запилюється або запліднюється власним пилюком.

Термін "маркер", який використовують у цій заявці, означає будь-який показник, який використовують в способах встановлення відмінностей в характеристиках геномних послідовностей. Прикладами таких показників є маркери поліморфізму довжини рестрикційних

5

фрагментів (RFLP), маркери поліморфізму довжини фрагмента (AFLP), одиночні нуклеотидні поліморфізми (SNP), введення мутацій, мікросателітні маркери (SSRs), ампліфіковані ділянки, що характеризуються послідовностями (SCARs), маркери розщеплених ампліфікованих поліморфних послідовностей (CAPS) або ізоферментні маркери, або комбінації маркерів, описаних у цій заявці, що визначає конкретні генетичні та хромосомні розташування.

10

Як використовують у цій заявці, "локус" визначається як генетична або фізична позиція, де даний ген займає на хромосомі рослини.

Термін "алель(i)", який використовують у цій заявці, означає будь-яку з одного або більше альтернативних форм гена, де усі алелі відносяться до наявності або відсутності певної фенотипічної риси чи характеристики рослини. У диплоїдних клітин або організмів, два алелі даного гена займають відповідні локуси на парі гомологічних хромосом. Тому в деяких випадках більш точним є посилається на «гаплотипи» (тобто алель хромосомного сегменту) замість "алелю", проте, в таких випадках термін "алель" слід розуміти як такий, що включає термін "гаплотип".

15

Термін "гетерозиготний", що використовують у цій заявці, та що обмежується діплоїдами, означає генетичний стан, коли ідентичні алелі знаходяться у відповідних локусах на гомологічних хромосомах.

20

Як використовують у цій заявці, і обмежується діплоїд "гомозиготних" визначається як спадкове захворювання, при існуючих ідентичних алелів знаходяться у відповідних локусах на гомологічних хромосом.

25

Як використовують у цій заявці, і обмежуючись тетраплоїдами, термін "нулліплекс", "сінплекс", "дуплекс", "триплекс" та "квадруплекс" визначають як спадкове захворювання, коли існуючі конкретні алелі у відповідному локусі на відповідних гомологічних хромосомах присутні 0, 1, 2, 3 або 4 рази, відповідно. На тетраплоїдному рівні фенотипічний ефект, пов'язаний з рецесивним алелем, спостерігають тільки, коли алель присутній в квадруплексному стані, в той час як фенотипічний ефект, пов'язаний з домінантним алелем, вже спостерігали, коли алель присутній в сінплексному чи вищому стані.

30

Терміни «гаплоїдний й», «диплоїдний» та «тетраплоїдний», що використовують у цій заявці, визначають як такі, що мають одну, дві і чотири пари кожної хромосоми в кожній клітині (за винятком статевих клітин).

35

Термін «гаплотип», як використовують у цій заявці, означає комбінацію алелей декількох локусів, які передаються разом на одній хромосомі. Це включає в себе гаплотипи, маючи на увазі всього лише два локуси. та гаплотип, посилюючись на всю хромосому в залежності від кількості рекомбінаційних подій, які відбулися між заданим набором локусів.

40

Як використовують у цій заявці, термін «визначати» або «визначення», коли використовують по відношенню до оцінки наявності резистентності до грибків, у зв'язку з експресією Rpi-chc1 гену, означає висновок про наявність зазначеного гена в рослині або її частині за допомогою процесу, де аналізують окремо або в комбінації нуклеотидних наявності у зазначеному гені у пробі нуклеїнових кислот рослини або її частини. Як зазначено в цій заявці, наявність нуклеотиду може бути визначена безпосередньо шляхом вивчення якісних відмінностей і кількісних відмінностей в рівнях експресії молекули нуклеїнової кислоти, або побічно, шляхом вивчення (рівня експресії) Rpi-chc1 білка.

45

Термін "праймер", який використовують у цій заявці, відноситься до олигонуклеотида, який здатний гібридувати для ампліфікації мішені, що дозволяє приєднання ДНК-полімерази, виступаючи в якості точки ініціації синтезу ДНК, в умовах, в яких індукується синтез праймерного продукту розширення, комплементарного до ниті нуклеїнової кислоти, тобто в присутності нуклеотидів і агента полімеризації, такого, як ДНК-полімераза і при відповідній температурі і рН. Праймер (ампліфікації) переважно є одноланцюговим для досягнення максимальної ефективності ампліфікації. Переважно, праймер є олігодезоксирибонуклеотидом. Праймер повинен бути досить великим для запуску синтезу продуктів подовження в присутності агента полімеризації. Точна довжина праймерів буде залежати від багатьох факторів, включаючи температуру та джерело праймера. "Пара бі-направлених праймерів", як використовують у цій заявці, відноситься до одного прямого та одного зворотного праймера, як широко використовується у галузі ампліфікації ДНК, наприклад, в ПЛР ампліфікації.

50

55

Як використовують у цій заявці термін "зонд" означає одноланцюгову олигонуклеотидну послідовність, що буде розпізнавати та утворювати зв'язаний водневими зв'язками дуплекс з

60

комплементарною послідовністю в цільовому аналізі послідовності нуклеїнових кислот або її кДНК похідних.

Термін "жорсткість" або "жорсткі умови гібридизації" відноситься до умов гібридизації, які впливають на стабільність гібридів, наприклад, до температури, концентрації солей, рН, концентрації формаміду тощо. Ці умови емпірично оптимізовані для максимального специфічного зв'язування і зводять до мінімуму неспецифічне зв'язування праймера або зонда цільової послідовності нуклеїнової кислоти. Терміни, що використовують, включають посилення на умови, за яких зонд або праймер гібридизують до цільової послідовності, до детектовно більшою мірою, ніж інші послідовності (наприклад, щонайменше в 2 рази в порівнянні з фоновими). Жорсткі умови послідовність-залежні і будуть відрізнятися за різних обставин. Довші послідовності гібридизують специфічно при високих температурах. Як правило, жорсткі умови вибрані так, щоб бути приблизно на 5° С нижчими, ніж теплова температура плавлення (Tm) певної послідовності при певній іонній силі та рН. Tm є температурою (при певних іонній силі та рН), при якій 50% комплементарна послідовність-мішень гібридизує до ідеально придатного зонда або праймера.

Як правило, жорсткі умови будуть такими, в яких концентрація солей становить менше 1,0 M Na<sup>+</sup> + іон, як правило, приблизно від 0,01 до 1,0 M Na<sup>+</sup> + концентрація іонів (або інших солей) при рН 7,0 - 8,3 і температурі, принаймні приблизно 30° С для коротких зондів або праймерів (наприклад, від 10 до 50 нуклеотидів) і щонайменше приблизно 60° С для довгих зондів або праймерів (наприклад, більше 50 нуклеотидів). Жорсткі умови можуть бути досягнуті з додаванням дестабілізуючих агентів, таких як формамід. Ілюстративні умови малої жорсткості або "умови зниженої жорсткості" включають гібридизацію з буферним розчином 30% формаміду, 1 M NaCl, 1% SDS при 37° С і промивання в 2x SSC при 40° С. Ілюстративні умови високої жорсткості включають гібридизацію в 50% формаміді, 1 M NaCl, 1% SDS при 37° С, та промивання в 0,1x SSC при 60° С. Гібридизаційні процедури добре відомі і описані, наприклад, в Ausubel, F.M., Brent, R., Kingston, R.E., Moore, D.D., Seidman, J.G., Smith, J.A., Struhl, K. eds. (1998) *Current protocols in molecular biology*. V.B. Chanda, series ed. New York: John Wiley & Sons.

Даний винахід описує клонування Rpi-chc1 гену. Rpi-chc1 був картований на новий ген R локусу на хромосомі 10, використовуючи картування *S. chacoense* популяція. Маркери, дуже пов'язані з Rpi-chc1, були використані для створення фізичної карти локусу R. Три гена R аналогів (RGA) були присутні на одному з двох клонів BAC, що охоплює Rpi-chc1 локус, та були направлені для аналізу доповнення, один з яких виявився функціональним Rpi-chc1 геном. Поза R-генних кластерів, описаних в даному винаході, Rpi-chc1 має найвищу амінокислотну ідентичність послідовності кислот (40%) і білків, що кодуються геном з невідомою функцією, позначеним ABF81421, з тополі (*Populus trichocarpa*). Нижній відсоток гомології (<30%) були виявлені у R білків, раніше виявлених в пасльонових (Таблиця 3).

У першому втіленні, даний винахід відноситься до виділеної або рекомбінантної нуклеїнової кислоти, яка містить послідовність нуклеїнових кислот, що кодує амінокислотну послідовність Rpi-chc1 (= CHC\_B2-3), представлену на Фігурі 4, або її функціональний фрагмент або функціональний гомолог, тобто функціональний фрагмент або функціональний гомолог амінокислотної послідовності, як показано на Фігурі 4.

Термін "нуклеїнова кислота" означає одне або двохланцюгову молекулу ДНК або РНК.

Також включені комплементарні послідовності, описані у цій заявці нуклеотидних послідовностей.

Термін "її функціональний фрагмент" зазвичай використовують для позначення фрагмента Rpi-chc1 білка, який здатний забезпечити принаймні часткову резистентність або збільшення резистентності в рослині сімейства пасльонових до ооміцетної інфекції. Такий фрагмент, наприклад, є усіченою версією Rpi-chc1 білка, що представлений на Фігурі 4. Усічена версія/фрагмент Rpi-chc1 білка є фрагментом, який має менш, ніж 1302 амінокислот і, бажано, містить частину домену LRR (тобто частину збагачених лейцином повторень домену, що проходить приблизно від 557 амінокислоти до 1302 амінокислоти Rpi-chc1) та/або N-кінцевої частини Rpi-chc1 білка.

Термін "функціональний гомолог" типово використовують для позначення послідовності білка, що дуже гомологічний або має високу ідентичність з описаним у цій заявці Rpi-chc1 білком, де білок здатний забезпечити принаймні часткову резистентність або збільшення резистентності у рослині з сімейства пасльонових проти ооміцетної інфекції. Включені штучної зміни або заміщення амінокислотних залишків, які принаймні частково зберігають вплив Rpi-chc1 білка. Наприклад, деякі амінокислотні залишки умовно можна замінити іншими, порівнянного характеру, наприклад, основний залишок іншим основним залишком, кислий залишок іншим кислим залишком, гідрофобний залишок іншим гідрофобним залишком, і так далі.

Прикладами гідрофобних амінокислот є валін, лейцин і ізолейцин. Фенілаланін, тирозин і триптофан є прикладами амінокислот з ароматичним бічним ланцюгом. а цистеїн, а також метіонін є прикладами амінокислот з сірковмісними бічними ланцюгами. Серін і треонін містять аліфатичні гідроксильні групи і вважаються гідрофільними. Аспарагінова кислота і глутамінової кислота є прикладами амінокислот з кислим бічним ланцюгом. Стисло, термін "її функціональний гомолог" включає варіанти Rpi-chc1 білка, де амінокислоти, які були вставлені, замінені або видалені, і які хоча б частково зберегли вплив Rpi-chc1 білка (тобто принаймні частково забезпечення або збільшення резистентності в рослині сімейства пасльонових проти ооміцетної інфекції). Кращими втіленнями є втілення, які містять тільки звичайні амінокислотні заміщення, як описано вище. Висока ідентичність у визначенні, як зазначено вище, означає ідентичність, щонайменше, 80, 85 або 90%. Більш переважними є амінокислоти, які мають ідентичність 91, 92, 93, 94 або 95%. Найбільш бажаними є амінокислоти, які мають ідентичність 96, 97, 98 або 99% до амінокислотної послідовності Rpi-chc1 . Гомологічні білки, наприклад, послідовність, вирівняна з CHC\_B2-3, зображена на Фігурі 5 та з Rpi-chc1 ORF на Фігурі 14.

Функціональна гомологічна послідовність нуклеїнових кислот є послідовністю нуклеїнової кислоти, яка кодує функціональний гомологічний білок, як описано вище.

Відсотки гомології та/або ідентичності можуть бути, наприклад, визначені за допомогою комп'ютерних програм, таких як BLAST, ClustalW або ClustalX.

Багато послідовностей нуклеїнових кислот кодують білки, що мають 100% ідентичні Rpi-chc1 білки, представлені на Фігурі 4. Це тому, що нуклеотиди в нуклеотидному триплеті можуть змінюватися без зміни відповідної амінокислоти (коливання в нуклеотидних триплетах). Таким чином, без впливу на амінокислотну послідовність білка нуклеотидна послідовність, що кодує цей білок, може бути змінена. Тим не менш, в кращому втіленні даний винахід забезпечує виділену або рекомбінантну нуклеїнову кислоту, як показано на Фігурі 7. В кращому втіленні даний винахід забезпечує виділену, синтетичну або рекомбінантну нуклеїнову кислоту, які представляє кодуєчу послідовність (CDS) на Rpi-chc1 білка, тобто нуклеотидів 3358-7266, зображених на Фігурі 7 (затінені) або її функціональний фрагмент або функціональної гомолог. Нуклеотидні послідовності гомологів з високою ідентичністю представлені на Фігурі 13, і відповідні амінокислотні послідовності наведені у вирівнюванні на Фігурі 14.

Фрагменти, а також гомологи, описані у цій заявці, Rpi-chc1 гена і білка, можуть бути, наприклад, проаналізовані на їх функціональність за допомогою перехідних аналізів перетворення *Agrobacterium tumefaciens* (агро-інфільтрація) та/або за допомогою аналізу відокремленого листа.

В експериментальній частині, наприклад, описано функціональний скринінг для тестування кандидатних генів із застосуванням агро-інфільтрації, в результаті чого 4 тижневі рослини дикого типу *Nicotiana benthamiana* інфільтрують штамми *Agrobacterium*, що містять кандидатні Rpi-chc1 гомологи. Інфільтроване листя потім піддають щепленню на наступний день після інфільтрації зі штамом *P. infestans*, вірулентним для *N. benthamiana*, наприклад, IPO-C або 90 128, в аналізах відокремленого листа. Ця система є в рівній мірі підходить для тестування кандидатів гомологічних фрагментів Rpi-chc1 . Фахівець в цій галузі, таким чином, може легко визначити, чи дійсно Rpi-chc1 гомолог або фрагмент може розглядатися як функціональний гомолог або фрагмент.

Перехідна генна експресія, що досягається за рахунок агро-інфільтрації, це швидкий, гнучкий підхід, що відтворюються з високим рівнем експресії корисних білків. У рослин, рекомбінантні штами *Agrobacterium tumefaciens* можуть бути використані для перехідної експресії генів, які були вставлені в Т-ДНК ділянку бактеріальної Ті плазміди. Бактеріальні культури інфільтровані у листя та після Т-ДНК передачі, існує ектопічна експресія гена, що розглядається, у рослинну клітину. Тим не менш, корисність системи обмежена, тому що ектопічна експресія РНК припиняється через 2-3 дня. Показано, що сайленсінг пост-транскрипційних генів (PTGS) є однією з основних причин такої відсутності ефективності. Система, заснована на спільній експресії вірусно-кодованих супресорів сайленсінгу генів, р19 білок вірусу карликовості кушечка томатів (TBSV), запобігає початку PTGS в інфільтрованій тканини і забезпечує високий рівень перехідної експресії. Експресія цілої низки білків посилюється в 50 разів і більше в присутності р19 білка, так що очищення білка може бути досягнуто лише як 100 мг інфільтрованого матеріалу листа. Хоча зрозуміло, що застосування р19 має свої переваги, агро-інфільтрація без р19 може також використовуватися для перевірки функціонування кандидатних фрагментів і функціональних гомологів.

Додатково, кожен кандидатний ген (наприклад, будучи фрагментом або гомологом) конструю призначений для перетворення сприйнятливих сортів картоплі, наприклад, Désirée. Первинні трансформанти піддані щепленню в окремих аналізів листя, використовуючи,

наприклад ізоляти IPO-0, IPO-C або 90128. Трансформанти, стійкі до цих ізолятів, містять, наприклад функціональні фрагменти або гомологи Rpi-chc1 .

У ще одному втіленні, даний винахід забезпечує вектор, що містить нуклеїнову кислоту, як це передбачено у цій заявці, тобто нуклеїнову кислоту, здатну забезпечити принаймні часткову резистентність або збільшення резистентності рослині сімейства пасльонових проти ооміцетної інфекції. Зокрема, даний винахід забезпечує вектор, що містить виділену, синтетичну або рекомбінантну нуклеїнову кислоту, що містить послідовність нуклеїнових кислот, що кодує амінокислотну послідовність Rpi-chc1, представлену на Фігурі 4, або її функціональний фрагмент або функціональний гомолог. Винахід також забезпечує вектор, що містить послідовність нуклеїнових кислот, як показано на Фігурі 7.

Прикладами придатного вектора є pBeloBACII, pBINplus, pKGW-MG або комерційно доступний вектор клонування.

Як буде показано нижче, існує множина способів, у яких нуклеїнові кислоти за даним винаходом можуть бути передані рослині. Один з придатних засобів передачі опосередкований *Agrobacterium*, в якому нуклеїнова кислота, що повинна бути передана, є частиною бінарного вектора і, отже, бажано, щоб описаний вище вектор був бінарним вектором. Іншим відповідним способом є схрещування рослини, яка містить ген, який кодує Rpi-chc1 з рослиною, які не містить ген, та також визначення потомства схрещування, яке успадкувало Rpi-chc1 ген.

Даний винахід додатково забезпечує клітину-хазяїн, що містить нуклеїнову кислоту, як описано вище, або вектор, як описано у цій заявці. Прикладами бажаних клітин-хазяїв є клітини кишкової палички, придатні для ВАС клонів (наприклад, DH10B) або *Agrobacterium* клітини (хазяїна). В іншому втіленні, зазначена клітина-хазяїн є рослинною клітиною. Переважною клітиною рослин є клітини, отримані від членів сімейства пасльонових і навіть краща зазначена рослинна клітина містить клітини від *Solanum tuberosum*, *Solanum Lycopersicum*, раніше відомого як *Lycopersicon esculentum*, перець і баклажани. З такої клітини, трансгенні або генетично модифіковані рослини (наприклад, картоплі або томата) можуть бути одержані способами, відомими фахівцю у цій галузі (для, наприклад, протоколів регенерації).

Додатково, даний винахід забезпечує лист, бульбу, плід або насіння, або частину, або потомство генетично модифікованих рослин, як описано у цій заявці.

У ще одному втіленні, даний винахід забезпечує білок, кодований описаною у цій заявці виділеною або рекомбінантною нуклеїновою кислотою або її функціональним фрагментом або функціональним гомологом. В кращому втіленні даний винахід забезпечує білок, який кодується нуклеїновою кислотою, як показано на Фігурі 7. У ще одному кращому втіленні даний винахід забезпечує білок, що містить амінокислотну послідовність, представлену на Фігурі 4, або її функціональний фрагмент або функціональний гомолог. Додатково переважними є функціональні (активні) білки, зображені на Фігурі 14, зокрема білки, позначені як 493-7\_G12, 543-5\_C2, 849-1\_M8\_M18\_M20, 487-1\_I4\_I6\_I8, 94-2031\_L4\_L7\_I8, 561-2\_K4\_K14\_K22, 324-2\_J1\_J3\_J8, 852-5\_E14\_E23, 852-5\_E28, 493-9\_H5\_H30, 493 - 7\_G14\_G22, 561-2\_K6\_K30\_K31 та 493-7\_G21.

Описаний у цій заявці Rpi-chc1 білок складається з 1302 амінокислот та LRR доменів Rpi-chc1, що складається з 29 недосконалих повторів (Фігура 5). Цікаво, що Rpi-chc1 має найбільшу гомологію (75-98%) з іншими RGAs від Rpi-chc1 генного кластеру з *S. chacoense* та з генами синтетичних кластерів на хромосомі 10 з *S. tuberosum* (Таблиця 3). Нижчий (40%), але значний, ступінь гомології був знайдений у білку, який кодується геном з невідомою функцією від тополі (номер доступу ABF81421, Таблиця 3). Різні домени Rpi-chc1 мають різні рівні гомології з відповідними доменами білка тополя, кодованого ABF81421. Домен NBS є найбільш консервативним (48% ідентичності aa), після нього домен CC (34% ідентичності aa). Домен LRR є найменш консервованим (21% aa ідентичності). Загальні гомології нижче, ніж 33% знайдені у FOM2 білку з огірка, який надає резистентність до грибкового патогену *Fusarium oxysporum*, RPI-blb1 з *S. bulbocastanum*, R3A з *S. demissum* та RPS1 з сої (*Glycine max*), які надають резистентність до *Phytophthora* sp. . Ці послідовності гомології показує, що Rpi-chc1 є членом R-геном сімейства, які не були характерні, ніж в пасльонових.

Як уже описано, її функціональний фрагмент або функціональний гомолог з Rpi-chc1 є фрагментом або гомологом, що здатна забезпечити принаймні часткову резистентність або збільшити резистентність в рослині сімейства пасльонових проти ооміцетної інфекції.

Засоби для перевірки функціональності функціонального фрагменту або функціонального гомологу Rpi-chc1 були представлені вище.

На основі описаних у цій заявці послідовностей нуклеїнової кислоти, даний винахід також відноситься до зондів і праймерів (тобто олігонуклеотидних послідовностей, комплементарних до однієї з (додаткових) ниток ДНК, як описано вище). Зонди є, наприклад, корисними у Саузерн



чи Норзерн аналізі та праймери, наприклад, корисними для ПЛР аналізу. Праймер на основі описаних у цій заявці послідовності нуклеїнової кислоти, є дуже корисними, щоб допомогти селекціонерам, що діють в галузі класичної селекції та/або селекції генетичної модифікації нуклеїнових кислот рослини (бажано зазначеної рослини *Solanum tuberosum*, *Solanum Lycopersicum*, раніше відомий як *Lycopersicon esculentum*), перцю або баклажанів при виборі рослин, які здатні експресувати наприклад Rpi-chc1 або їх функціональний фрагмент або функціональний гомолог.

Таким чином, в іншому втіленні, даний винахід забезпечує зв'язуючу молекулу, здатну зв'язуватися з нуклеїною кислотою, що кодує Rpi-chc1 або її функціональний фрагмент або функціональних гомолог, як описано у цій заявці, або додаткової нуклеїнової кислоти. В кращому втіленні, зазначені зв'язуючі молекули є праймером або зондом. Як уже згадувалося, такі зв'язуючі молекули дуже корисні для селекціонерів і, отже, даний винахід являє собою спосіб відбору рослин або рослинних матеріалів або їх потомство на їх чутливість або резистентність до ооміцетної інфекції. Переважно, нуклеїнові кислоти рослини для тестування виділяють від зазначеної рослини і отримані виділені нуклеїнової кислоти вступають в контакт з одним або кількома (бажано різними) зв'язуючими молекулами(ою). Можна, наприклад, використовувати ПЛР-аналіз для перевірки рослини на наявність відсутності Rpi-chc1 в геномі рослини. Такий спосіб буде особливо переважним в протоколах, що не включають маркерну трансформацію, таких, як описано в WO 03/010319.

Описаний у цій заявці Rpi-chc1 білок також може бути використаний для виявлення антитіл способами, що відомі фахівцям. Таким чином, даний винахід також забезпечує антитіло, яке (специфічно) зв'язується з білком, кодованим описані у цій заявці виділеною або рекомбінантною нуклеїною кислотою (наприклад, послідовність нуклеїнових кислот . наведена на Фігурі 7) або антитілом, яке (специфічно), зв'язується з білком, як показано на Фігурі 4 або його функціональним фрагментом або функціональним гомологом. Таке антитіло, наприклад, є корисним у способах аналізу білка, таких, як Вестерн блоттинг або ELISA, та, отже, можуть бути використані при виборі рослин, які успішно експресують Rpi-chc1 ген.

На основі перерахованих нижче послідовностей нуклеїнових кислот, даний винахід також забезпечує засоби для введення або збільшення резистентності ооміцетної інфекції в рослинах. Таким чином, даний винахід також пропонує спосіб для забезпечення принаймні часткової резистентності або збільшення резистентності у рослини проти ооміцетної інфекції, що включає надання рослині або її частини:

- Виділеної або рекомбінантної нуклеїнової кислоти, яка містить послідовність нуклеїнових кислот, що кодує Rpi-chc1 амінокислотну послідовність, представлену на Фігурі 4 або її функціональний фрагмент або функціональний гомолог, або

- Виділену або рекомбінантну нуклеїнову кислоту, як показано на Фігурі 7, або
- Вектор, що містить описану у цій заявці послідовність нуклеїнових кислот, або
- Клітину-хазяїн, як описано у цій заявці.

Такий спосіб забезпечення принаймні часткової резистентності або збільшення резистентності у рослини проти ооміцетної інфекції може бути заснований на класичній селекції, відходячи від батьківської рослини, яка вже містить Rpi-chc1 ген або його функціональний гомолог, або включає передачу ДНК в рослину, тобто включає спосіб трансформації клітин рослин, що включає надання зазначеній рослинній клітині нуклеїнової кислоти, як описано вище, або вектор, як описано вище, або клітини-хазяїна, як описано у цій заявці.

Існує множина способів, у яких рекомбінантні нуклеїнові кислоти можуть бути передані до рослинної клітини, наприклад, *Agrobacterium* опосередкованої трансформації. Однак, додатково до інфекції *Agrobacterium*, існують інші засоби для ефективної доставки ДНК в клітини рослин реципієнта, коли є бажання реалізувати винахід. Відповідні способи доставки ДНК в клітини рослин включають практично будь-який спосіб, при якому ДНК можуть бути введена в клітину, наприклад, шляхом прямої доставки ДНК, наприклад за допомогою ПЕГ-опосередкованої трансформації протопластів, висихання/інгібування опосередкованого поглинання ДНК (Potrykus et al., Mol. Gen. Genet., 199:183-188, 1985), шляхом електропорації (патент США № 5384253), змішуванням з волокнами карбіду кремнію (Каерплер et al., 1990; патент США № 5302523; і патент США № 5464765), і прискорення частинок, покритих ДНК (патент США № 5550318; патент США № 5538877; та патент США № 5538880). Завдяки застосуванню таких способів, як ці, клітини практично будь-якого виду рослин можуть бути стабільно трансформовані, і ці клітини можуть бути розроблені у трансгенні рослини.

У випадку використання *Agrobacterium* опосередкованої передачі, вважається за краще використовувати в значній мірі вірулентну *Agrobacterium*, таку, як *A. tumefaciens*, як проілюстровано штамом A281 або штамом, отриманим від них або іншим штамом, доступним у

цій галузі. Ці штами *Agrobacterium* мають ДНК ділянку, що походить від вірулентності області Tі плазмиди pTiBo542, яка координує процесинг Т-ДНК і передачу її в клітини рослин. *Agrobacterium* на основі трансформації рослин добре відомі в даній області (як, наприклад, описано в Komari, T. et al.: Plant Transformation Technology: *Agrobacterium*-Mediated Transformation, in: Handbook of Plant Biotechnology, Eds. Christou, P. and Klee, H., John Wiley & Sons, Ltd, Chichester, UK 2004, pp. 233-262). Переважно маркерний протокол перетворення без маркеру використовується, наприклад, як описано в WO 03/010319.

Альтернативно, нуклеїнова кислота Rpi-chc1 гена або її функціональний гомолог можуть бути введені в рослину шляхом схрещування. Така схема схрещування починається з вибору придатної батьківської рослини батьків. Це можуть бути, наприклад, оригінальні *Solanum chacoense* види (такі, як зразок CHC543-5), оригінальні *S. tarijense* види (такі, як зразок TAR852-5), оригінальні *S. sucense* види (такі, як зразок SUC849-2) або оригінальні *S. berthaultii* види (такі, як зразок BER481-3 або BER94-2031) або рослина, який отримала бажані нуклеїнової кислоти за допомогою генної інженерії, як описано вище.

Будь-який придатний спосіб, відомий в цій галузі для схрещування обраних рослин може бути застосований в способі за даним винаходом. Він включає як *in vivo*, так і *in vitro* способи. Фахівцю в даній галузі буде зрозуміло, що *in vitro* метод, такі як злиття протопластів або рятування ембріона, можуть бути застосовані, коли це вважається придатним.

Вибрані рослини, які використовуються для схрещування способами відповідно до даного винаходу, можуть мати будь-який тип плоідності. Наприклад, обрані рослини можуть бути гаплоїдними, диплоїдними і тетраплоїдними. Проте, схрещування диплоїдних рослин, таких як *S. chacoense*, *S. Tarijense*, *S. berthaultii*, тільки забезпечить диплоїдне потомство. Схрещування диплоїдної рослини з тетраплоїдною рослиною призведе до тріплоїдного потомства, яке є стерильним.

Таким чином, коли рослини, які обрані, є диплоїдними, їх плоідність повинна бути збільшена до тетраплоїдних рівнів, перш ніж вони можуть схрещуватися з іншою рослиною в тетраплоїдних способах відповідно до даного винаходу. Способи збільшення плоідності рослини добре відомі і можуть бути легко застосовані фахівцями у цій галузі. Наприклад, плоідність диплоїдних рослин для схрещування може бути збільшена за допомогою 2N гамет зазначеної диплоїдної рослини. Плоідність також може бути збільшена шляхом інгібування сегрегації хромосом під час мейозу, наприклад, шляхом обробки диплоїдних рослин колхіцином. Застосовуючи такий спосіб до диплоїдних рослин, одержують ембріони і гамети, які включають подвійне порівняно зі звичайним число хромосом. Такі ембріони або гамети можуть бути використані для цілей схрещування. Для картоплі переважними є стійкі тетраплоїдні рослини, оскільки тетраплоїдні рослини, як відомо, мають більш високі врожаї бульб.

Оскільки характеристики резистентності виявилися домінуючою рисою, досить присутності хоча б одного алеля з функціональним геном.

Переважно, обрані рослин схрещуються одна з одною із застосуванням класичних *in vivo* способів схрещування, які включають одну або кілька стадій, включаючи схрещування самозапиленням. Застосовуючи такі класичні стадії схрещування характеристики обидва батьки можуть бути об'єднані в потомстві. Наприклад, рослина, яка забезпечує високий врожай, може бути схрещена з рослиною, яка містить велику кількість певних живильних речовин. Таке схрещування дасть потомство, що включає обидві характеристики, тобто рослини, які не тільки включають велику кількість поживних, а забезпечить високі врожаї.

При застосуванні зворотного схрещування, F1 потомство схрещують з одним з високоврожайних батьків Р для того, щоб характеристики потомства F2 нагадували високоврожайних батьків. Наприклад, вибрану диплоїдну картоплю з ооміцетною резистентністю роблять тетраплоїдною за допомогою колхіцину, а потім схрещують до вибраного високоврожайного виду тетраплоїдної картоплі, з метою, в кінцевому рахунку, забезпечення високоврожайного тетраплоїдного потомства з ооміцетною резистентністю. Також може бути застосоване самозапилення. Вибрані рослини, один з батьків або потомства, потім схрещують з ними ж, щоб одержати інбредні види для розмноження. Наприклад, вибрані проби з вищезазначеного F1 потомства схрещують з ними, щоб забезпечити F2 потомство, від якого зразки можуть бути обрані, які мають підвищений рівень резистентності.

Після передачі нуклеїнових кислот в рослину або клітину рослини, повинно бути визначено, які рослини або рослинні клітини були надані зазначеною нуклеїновою кислотою. При виборі і схрещуванні батьківських генотипів в способі за даним винаходом, маркер використовують для надання допомоги у виборі принаймні однієї стадії вибору. Як відомо в цій галузі, маркери, характерні для певної ознаки або стану, можуть бути знайдені *in vivo* та *in vitro* на різних біологічних рівнях. Наприклад, маркери можна знайти на пептидному рівні або на генному рівні.

На генному рівні, маркер може бути виявлений на рівні РНК або ДНК-рівні. Переважно, у цьому винаході, наявність такого маркера детектують на рівні ДНК, використовуючи описані вище праймери та/або зонди. Альтернативно, правильна експресія Rpi-chc1 білка або його функціональних гомологів можна оцінити в частині рослини шляхом проведення імуноаналізу з антитілом, яке специфічно зв'язується з білком. Поруч з праймерами і зондами у відповідності з даним винаходом, застосування також може бути знайдено для специфічних маркерів, які знаходяться в безпосередній близькості від кодувальної послідовності. Такі маркери зазначені в експериментальній частині нижче та являють собою маркери, як зазначено в Таблиці. 2. Маркери, отримані від супроводжуючих ВАС послідовностей.

У разі трансгенних підходів вибір трансформованої рослини може бути досягнутий за допомогою селективного маркера або гена-репортера. Серед селективних маркерів або селективних генів, які найбільш широко використовують в трансформації рослин, є бактеріальні неоміцинові фосфотрансферазні гени (nptII, NPTII і nptIII гени) резистентності до селективного агенту канаміцину, запропонованого в EP131623 і бактеріального гену arhIV, запропонованого в EP186425, що надають резистентність до гіроміцину. EP 275957 розкриває застосування ацетил-трансферазного гену *Streptomyces viridochromogenes*, що надає резистентність до гербіциду фосфінотрицину. Рослинні гени надають відносну резистентність до гліфосатного гербіциду та пропонуються в EP218571. Придатні приклади репортерних генів являють собою бета-глюкуронідазу (GUS), бета-галактозидазу, люциферазу та зелений флуоресцентний білок (GFP).

Таблиця 2. Послідовності праймерів для ампліфікації конкретних (частин) нуклеотидних послідовностей за даним винаходом.

маркер	Прямий	F праймерна послідовність 5'-3'	зворотний	R праймерна послідовність 5'-3'	Мішень(и)	поліморфізм
2D06_3D21_C27-1	MN469	TGTTTGATCTCCTCACCCATC	MN470	GTTCCCTCTCTCCCTCTCC	7650	CAPS, фермент Nla III
2D06_3D21_C27-7	MN491	TGAGAATTACAGTGGTTGTTC	MN492	GATCAATCAATCGATCATAACGTC	7650	CAPS, фермент RsaI
CHC_B07_1_C15_RP	MN396	CGACCCACCCCTCATCCTT	MN397	CGCCAACATATTCGTGCTTCA	7650	CAPS, MnlI
CHC_B07_1_C15_T7	MN382	CGTGAGCTAAGCATGAACACC	MN383	GCACGTTTCTCATAATCCCATC	7650	CAPS, фермент HinfI
COS66740	JV57	ATGTGACTCCGCATTTGCAGTGC	JV58	ATCTCATCTTATTAATCTGATTCAAAGC	7650	CAPS, фермент FspBI
CT214	JV117	GAACGGGAAAGAGTGCATGATAG	JV118	CCCGCTGCCATATGGAGAGAT	06-882	CAPS, фермент DdeI
RH036A10S	MN161	GTGCATTACCTGTTATTTTGC	MN162	TGGGTCTTGGAAGACAGGTG	7650	CAPS, фермент DdeI
RH046C09T	MN257	GGCCACGATTAACAATTTTGAG	MN258	GCATAGCAATTGAAAGCCTAAAC	06-882	CAPS, фермент HpyCH4IV
RH073C16S	MN300	TGTTTGACATCCTCCAGCAG	MN301	CTCAGCTTGGGCTTTGTTTC	06-882	CAPS, фермент AluI
RH077O23S	MN263	ACATTAAAGGCTGCCACAG	MN264	GCAGTTTCGACAATTTTACGTC	06-882	CAPS, фермент SdaI
RH092A09S	MN151	TCAAGGTGGCATTCTTCAAC	MN152	AAGCAAGGACTTTGCGATTG	7650	CAPS, фермент NlaIII
RH097D21_C21-4	MN406	TTGCITTTGAGTTTGCCTG	MN407	TATGCATCATCATCGCGAAC	7650	CAPS, фермент HpyCH4IV
RH099F09T	MN292	TGTTTGATGCTTGGGTAGTG	MN293	CAGCGTTGAACACTCAAATC	7650	CAPS, фермент SsiI
RH106G03S	MN296	TGGCCTAAAGTTGGCTGTTG	MN297	TCCAACCAAAACATGAGACG	06-882	CAPS, фермент Bsh1236I
RH106G03T	MN294	CCCCGAATGATAAGTCCAAC	MN295	TGAGGCATAGAGAACAATCTTTG	7650	CAPS, фермент MseI
RH106G03T	MN294	CCCCGAATGATAAGTCCAAC	MN295	TGAGGCATAGAGAACAATCTTTG	06-882	CAPS, фермент RsaI
RH137D14_C37-2	JV233	TTTCTACTGTCTGGCTTGCCTGGGATAC	JV234	GAGCTGCTTCTTTGGACTTTCTTCTGACCT	06-882, RH BAC(s)	CAPS, фермент XapI
RH137D14_C37-7	MN429	AAATTTGCTGCCAAAGAAGC	MN430	AGTCCGATACGCCAACCTAC	7650	CAPS, фермент XapI
RH173M16T	MN165	TCTTTGCTAGTCGTTGGTTGAG	MN166	TGGGTTTCCCAAGTTGAAAG	7650	CAPS, фермент Bme1390I
RH173M16T	MN165	TCTTTGCTAGTCGTTGGTTGAG	MN166	TGGGTTTCCCAAGTTGAAAG	06-882	CAPS, фермент HpyF1oVI
RH198E12T	MA78	GACTCTGCCGTGATTGCTGAA	MA79	CACCGGGAAGACGCTGTTT	06-882	CAPS, фермент RsaI
RH199E15S	MN177	ACTTGGGAAACCCAGGAGAG	MN178	TTTATGGTCTGGGTCTTGG	RHxSH	CAPS, фермент Bme1390I
RH199E15S	MN177	ACTTGGGAAACCCAGGAGAG	MN178	TTTATGGTCTGGGTCTTGG	06-882	CAPS, фермент HpyCH4IV
RH199E15S	MN177	ACTTGGGAAACCCAGGAGAG	MN178	TTTATGGTCTGGGTCTTGG	7650	CAPS, фермент MnlI

RH199E15T	MN173	GATGCATATCATCAAATCAATCTC	MN174	CTCCGGTGTTCGACGTG	06-882	CAPS, фермент Hinf II
RH199E15T	MN173	GATGCATATCATCAAATCAATCTC	MN174	CTCCGGTGTTCGACGTG	7650	CAPS, фермент XapI
TG233	JV95 2	CATGCGTTTCTTGGGATG	JV96	TGGAACCCCTTTAACTGTGC	06-882	CAPS, фермент AluI
TG63	JV23	TGCAATTGCCAGACGAA	JV24	TAGAGAAGGCCCTTGTAACTTT	06-882	CAPS, фермент Bsh1236I
TG63	JV23	TGCAATTGCCAGACGAA	JV24	TAGAGAAGGCCCTTGTAACTTT	7650	CAPS, фермент HhaI
TG63	JV80	CTGCATCAACTGGATATCC	JV81	GTTCGACAGTGAATGTAC	RHxSH	CAPS, фермент SsiI
U221455	JV82	AGGCGCTTCCTATTATCTTCTC	JV83	ACCACAAGCAATCATCTACAC	7650	CAPS, фермент AluI
Rp1-chc1 локус направлене профілювання F1	JV 162	ctaatycaactyfggagcwggaagg	adaptor	AGTGGATTCTCAACCCGAAAG	SHxRH, 06-882	MDP
Rp1-chc1 локус направлене профілювання F2	JV 163	ctaccamkycgasaracagattcc		AOTGGATTCTCAACCCGAAAG	SHxRH, 06-882	MDP
Rp1-chc1 локус направлене профілювання R1	JV 164	tggmckragaaamccttcwgccatc		AOTCGATTCTCAACCCGAAAG	SHxRH, 06-882	MDP
Rp1-chc1 локус направлене профілювання R2	JV 165	ccwarrccwccatcccyactat		ACTCGATTCTCAACCCGAAAG	SHxRH, 06-882	MDP
RH099F09S	MN290	CATGAGAAATGAACCCCTCAC	MN291	AACGTGCAGAGGTATTTTGG	7650	SCAR
RH134D08S	MN286	TTTTCCACAAGAAATAGCCAAGAC	MN287	ATCTGGGCTCATCCGAATC	7650	SCAR
RH056H18S	MN320	GGCCATTGTTTGTGAACTG	MN321	CGTCGGGAAGTCTACATTGC	7650	SCAR
RH40G17T	MN251	TAGGGGGTGTCAAATGAGC	MN252	GCTGGAACCTCACAGTAAAACC	7650	SCAR
RH40G17T	MN251	TAGGGGGTGTCAAATGAGC	MN252	GCTGGAACCTCACAGTAAAACC	06-882	SCAR
RH199E15T	MN173	GATGCATATCATCAAATCAATCTC	MN174	CTCCGGTGTTCGACGTG	RHxSH	SCAR
RH092A09S	MN151	TCAAGGTGGCAATCTTCAAC	MN152	AAGCAAGGACTTTGCGATT	RHxSH	SCAR
E39/M56_GW фрагмент	MN113	CTAAGGGTTCCTCCGCAAG	MN114	CAAATTGGACCGAACCTTTG	7650	SCAR
RH091C10T	MN304	CCCAGATCCAGTGAATTTG	MN305	GGTTCTGAACCTCATCTTCTC	06-882	SCAR
RH046C09S	MN253	TAGGGGGTGTCAAATGAGC	MN254	ATGGCAAAACGGAGTTAGGG	06-882	SCAR
RH047F10S	MA92	TTGTGTACATTCTATCCCCCG	MA93	TGGCGTATGCATCAATGG	06-882	SCAR
RH106G03T	MN294	CCCCGAATGATAAGTCCAAC	MN295	TGAGGCATAGAGAACAATCTTTG	543-5 BAC(s)	
CHC_B07_1_C15_T7	MN382	CGTGAGCTAAGCATGAACACC	MN383	GCACGTTTCTCATATCCCATC	RH BAC(s)	
CHC_B07_1_C15_RP'	MN396	CGACCCACCCCTCATCCTT	MN397	CGCCAACATATTCGTGCTTCA	543-5 BAC(s)	
RH137D14_C37-7	MN429	AAAATTGCTGCCAAAGAAGC	MN430	AGTCCGATACGCCAACCTAC	543-5 BAC(s)	
E46-M48c	MN38	CGAACTCTGAGATTGGGACTATG	MN39	CACGAATAGAACAAATAAGAAAAAG	RH BAC	бібліотека
RH099F09S	MN290	CATGAGAAATGAACCCCTCAC	MN291	AACGTGCAGAGGTATTTTGG		RH BAC(s)
RH134D08S	MN286	TTTTCCACAAGAAATAGCCAAGAC	MN287	ATCTGGGCTCATCCGAATC		RH BAC(s)
RH40G17T	MN251	TAGGGGGTGTCAAATGAGC	MN252	GCTGGAACCTCACAGTAAAACC		RH BAC(s)
RH199E15T	MN173	GATGCATATCATCAAATCAATCTC	MN174	CTCCGGTGTTCGACGTG		RH BAC(s)
RH137D14T	MA74	CTACAAATGATAAATAAGCAAAC	MA75	AATAGGTGGAGGGAGGAC		RH BAC(s)
RH137D14S	MA72	GAAGCAACATCAATAATA	MA73	TTCCCTCAAATCATAG		RH BAC(s)
RH184J01T	MN288	CCGATTTACTATTGGTTTCATGC	MN289	TCAAATTTGATTGGCTTGC		RH BAC(s)
RH184J01T	MN288	CCGATTTACTATTGGTTTCATGC	MN289	TCAAATTTGATTGGCTTGC		543-5 BAC(s)
RH070C16S	MN300	TGTTTGACATCCTCCAGCAG	MN301	CTCAGCTTGGGCTTTG TTTC		543-5 BAC(s)

В кращому втіленні даний винахід забезпечує спосіб забезпечення принаймні часткової резистентності або збільшення резистентності у рослини проти ооміцетної інфекції, що включає надання рослини або її частини:

- Виділеної або рекомбінантної нуклеїнової кислоти, яка містить послідовність нуклеїнових кислот, що кодує Rpi-chc1 амінокислотну послідовність, наведену на Фігурі 4, або її функціональний фрагмент або функціональний гомолог, або

- Виділеної або рекомбінантної нуклеїнової кислоти, як показано на Фігурі 7, або виділеної або рекомбінантної нуклеїнової кислоти, що кодує білок, вибраний з групи 493-7\_G12, 543-5\_C2, 849-1\_M8\_M18\_M20, 487-1\_I4\_I6\_I8, 94-2031\_L4\_L7\_I8, 561-2\_K4\_K14\_K22, 324-2\_J1\_J3\_J8, 852-5\_E14\_E23, 852-5\_E28, 493-9\_H5\_H30, 493-7\_G14\_G22, 561-2\_K6\_K30\_K31 і 493-7\_G21, як показано на Фігурі 13,

- Вектор, що містить описану у цій заявці послідовність нуклеїнових кислот, або

- Клітину-хазяїн, як описано вище,

де ооміцет містить Phytophthora, переважно Phytophthora infestans та/або де рослина містить рослину з родини пасльонових, переважно картоплю та томат, більш переважно тетраплоїдні рослини картоплі.

Даний винахід також відноситься до рослини, яку можна отримати за допомогою способу забезпечення принаймні часткової резистентності або збільшення резистентності у рослини проти ооміцетної інфекції, як описано вище. Переважною рослиною є рослина з сімейства пасльонових і навіть більш переважною рослиною є Solanum tuberosum або Solanum Lycopersicum, раніше відомий як Lycopersicon esculentum, Solanum melononga, Capsicum spp., таких, як C. annuum, C. baccatum, C. chinense, C. frutescens та C. pubescens. Таким чином, даний винахід також забезпечує рослину, забезпечену нуклеїновою кислотою, що кодує Rpi-chc1 білок або її функціональний фрагмент або функціональний гомолог.

Додатково, даний винахід являє собою частину рослини або потомство рослини за даним винаходом, що містить нуклеїнову кислоту, що кодує Rpi-chc1 амінокислотну послідовність,

наведено на Фігурі 4, або її функціональний фрагмент або функціональний гомолог.

В кращому втіленні, у цій заявці описана нуклеїнова кислота, перенесена на вид *Solanum*, інший, ніж *Solanum chacoense*, тобто описана у цій заявці нуклеїнова кислота переважно забезпечена на не *chacoense* фоні, бажано *S. Lycopersicon* або *S. tuberosum*. З останніх найбільш кращим є тетраплоїдний вид і більш переважно комерційно цікавим є вид, такий, як *Bintje*, *Desiree* або *Premiere*, *Spunta*, *Nicola*, *Favorit*, *Russet Burbank*, *Aveka* або *Lady Rosetta*.

Додатково, можна забезпечити резистентність у відповідності з даним винаходом рослині, яка вже частково резистентна до ооміцетної інфекції, де зазначена рослина забезпечена нуклеїновою кислотою, що кодує додатковий ген резистентності, наприклад, *RPI-blb1*, -2 - 3, *RPI-vnt1* або *RPI-mcq1*.

Даний винахід також забезпечує застосування виділеної або рекомбінантної нуклеїнової кислоти, яка містить послідовність нуклеїнових кислот, що кодують *Rpi-chc1* амінокислотну послідовність, представлену на Фігура 4, або її функціональний фрагмент або функціональний гомолог, або застосування виділеної або рекомбінантної нуклеїнової кислоти, як показано на Фігурі 7, або застосування вектора, що містить будь-яку зазначену послідовність нуклеїнових кислот, або застосування клітини-хазяїна, що включає будь-які зазначені послідовності нуклеїнових кислот або зазначений вектор для забезпечення рослини з принаймні частковою резистентністю до ооміцетної інфекції. В кращому втіленні, зазначений ооміцет включає *Phytophthora* і навіть більш переважно *Phytophthora infestans*. У ще одному кращому втіленні зазначена рослина включає *Solanum tuberosum* або *Solanum Lycopersicum*, раніше відомий як *Lycopersicon esculentum*.

У ще одному втіленні даний винахід забезпечує спосіб одержання *Rpi-chc1* білка або його функціональний фрагмент або функціональний гомолог, що включає функціонально зв'язану нуклеїнову кислоту, як описано у цій заявці, з регуляторною послідовністю, що дозволяє зазначеній нуклеїновій кислоті експресуватися в клітині-хазяїні. Приклади регуляторної послідовності являють собою промоторну та/або термінаторну послідовність. Додатково, як стане ясно з Прикладу 2, переважно, щоб *Rpi-chc1* послідовність експресувалася під контролем власного промотора та термінатора. Таким чином, даний винахід також забезпечує промоторну та/або термінаторну послідовність *Rpi-chc1* (Фігура 7). На Фігурі 7 показано нуклеотидну послідовність клонів *CHC B2-3* (7907 bp), що містить *Rpi-chc1* генів і регуляторних послідовностей. *Rpi-chc1* кодуючу ділянку 4550 bp виділено затемненням (nt 3358-7266). Верхні 3357 нуклеотиди (nt 1-3357) і та нижні 641 нуклеотиди (nt 7267-7907) містять регуляторні послідовності, які забезпечують правильну експресію гена. Досвідчений фахівець буде здатний до клонування (частини) зазначених регуляторних послідовностей і тестування їх ефективності в транскрипції. Додатково було встановлено, що навіть кращу експресію одержують з усіченим промотором, тобто промотором, що містить менше 1000, бажано не більше 900 пар основ вище послідовності генів.

Даний винахід буде описано більш детально в наступних, не обмежуючих прикладах.

Експериментальна частина

Приклад 1: Розвиток популяції

Останні перегрупування таксономічних *Solanum* сегменту *Petota* виявили відсутність видового складу у цьому сегменті (Jacobs et al., 2008). Для того щоб визначити характеристики резистентності до фітофтори таксономічної групи 10-14 (Jacobs et al., 2008) нами було вибрано декілька зразків та проаналізовано їх рівні резистентності до *Phytophthora infestans* в польових випробуваннях. Були вибрані п'ять зразків, які раніше були визначені як *S. tarijense* (TAP), *S. berthaultii* (BER), та *S. chacoense* (CHC), з високим рівнем резистентності (TAR852-5, BER94-2031-01-3 BER481, BER493-7, CHC543-5). Для того, щоб вивчити генетичну основу цих резистентностей, були отримані схрещування з застосуванням BER493-7, CHC543-5, BER94-2031-01, як стійких батьків. В результаті популяції F1 були протестовані на сегregaцію резистентності до *P. infestans* в аналізі відокремленого листа (Таблиця 1).

Аналізи відокремленого листа проводили у потомстві вказаних гібридів. Визначали фенотипи відношення сегregaції рослин R(esistant) (резистентний), S(usceptible) (чутливий) або Q(uestionable) (невизначено).

Таблиця 1

## Аналіз популяції

				DLA	
Номер популяції	R-батько	S-батько	Індивідуали	R:S:Q	ізолят
06-882	94-2031-01	G254	94	1:1:0	IPO-C
7677	BER 493-7	RH 89-039-16	71	3:3:1	90128
7650	CHC 543-5	CHC 544-5	212	1:1:0	90128

У популяціях 7650 та 06-882 було знайдено чітку сегрегацію 1:1, мітку сегрегації одного домінантного резистентного гена. У популяції 7767 було також знайдено 1 сегрегацію 1:1, проте, було знайдено групу з 10 рослин з проміжними (Q) рівнями резистентності.

Позиції картування Rpi-chc1 та Rpi-ber

З літератури відомо, що резистентний ген резистентності до фітофтори від *S. berthaultii* (Rpi-ber) був тісно пов'язаний з TG63 на довгому плечі хромосоми 10 (Rauscher et al., 2006), ділянки, до якої також картували томатний Ph- 2 QTL з *S. pimpinellifolium* (Moreau et al., 1998). Тому ми розробили CAPS маркери TG63 в трьох популяціях. При застосуванні поліморфізму, описаного в Таблиці 2, було виявлено, що резистентність в 06-882 і 7650 була тісно пов'язана з TG63, оскільки один та два рекомбінанти були виявлені відповідно. Додатково, резистентність в 7677 була пов'язана з TG63, хоча і вища частота рекомбінації (15 рекомбінації) спостерігалася. Зроблено висновок про те, що ця ділянка на хромосомі 10 є дуже важливою для резистентності до фітофторозу. Таким чином, ми маємо намір використовувати також добре охарактеризовану RH89-039-16 фізичну карту для того, щоб генерувати реперну карту TG63 локусу. Шляхом застосування поліморфізму, описаного в таблиці 2, TG63 був зіставлений з RH10B41. У цій позиції картування Contig 6701 був закріплений. ВАС кінцеві послідовності в цьому Contig були використані для створення маркерів, придатних для картування популяція 7650. RH199E15S (Таблиця 2), як було встановлено, що разом сегрегують з резистентністю в 7650 і 06-882, вказуючи на те, що 6710 з RH89-039-16 знаходився в локусі синтезу з Rpi-chc1 і Rpi-ber локусу.

Окрім закріплення TG63 генетично, він також знаходиться в фізичній картці RH89-039-16 способом ПЛР скринінгу RH ВАС бібліотеки. Був знайдений позитивний Contig 2203. Відмітимо, що Contig 2203 був прикріплений в RH10B38 з застосуванням двох незалежних маркерів (Jan de Voer, PGSC). CAPS маркери були розроблені на основі кінцевих послідовностей ВАС Contig 2203 та картовані у 06-882 і 7650 популяції. Додатково, ці маркери були тісно пов'язані з резистентністю, вказуючи, що це також Contig в локусі синтезу з Rpi-chc1 і Rpi-ber локусу.

Застосовуючи ВАС-кінцеві послідовності, були ідентифіковані три додаткові RH ВАС контіг фланкуючі контіги 2203 і 6701 (Фігура 1А). З метою отримання достатньої інформації про послідовності для належного картування двох мозаїчних маршрутів, що складаються з 3 і 4 ВАС, що перекриваються (106G038, 137D014, 009D021 та 122B15, 77O23, 04G12, 199E15) були складені та секвеновані. Анотація послідовності RH ВАС (Фігура 2) показала наявність двох RGAs в першому мозаїчному маршруті (що картований до RH10B38) і 7 RGAs в другому мозаїчному маршруті (що картований до RH10B41, 42), зазначено як стрілки на Фігурі 1а. Деякі маркери, одержані з цих та інших послідовностей хромосоми 10, були картовані в популяції *S. chacoense* 7650 (Фігура 1б) і *S. berthaultii* популяції 06-882 (Фігура 1А). Розміри цих груп були збільшені до 2357 і 2532 відповідно. Рекомбінанти у відповідній ділянці генома були піддані скринінгу на застосування маркерів RH099F09T і RH092A09S у популяції 7650 ен маркерів RH91C10T і RH199 E15 S популяції 06-882. Маркери, які були отримані з того ж RH ВАС (RH137D14), 137D14-C37-7 і 137D14-C37-2 були на відстані тільки 15 kb один від одного в RH89-039-16 і спільно сегрегували в 7650 популяції (два рекомбінанти) і в 06-882 популяції (не рекомбінанти), відповідно. Це наводить на думку, що Rpi-chc1 і Rpi-ber в синтетичних генних кластерах і, що може існувати зв'язок між алельними генами.

Клонування Rpi-chc1

Для того, щоб клонувати Rpi-chc1, дві ВАС бібліотеки були сконструйовані за допомогою ДНК, отриманої з резистентних клонів CHC543-5. Перші бібліотеки було сконструйовано в рСС1ВАС ВАС векторі і містили приблизно 22,000 клонів із середнім розміром вставки ~ 70 Kbp, що відповідає 1 геномному еквіваленту. Друга бібліотека була сконструйована в pIndigoBAC-5 ВАС векторі і містить приблизно 110,000 клонів із середнім розміром вставки ~ 45 Kbp, що відповідає 3 еквівалентам геному. Першу бібліотеку було піддано скринінгу и маркером

RH106G03T (Таблиця 2, Фігура 1b), які спільно сегрегуювали з резистентністю в 7650 популяції з тільки трьома рекомбінантними подіями. Таким чином, ВАС клони СНС В1 виявлені не були. Обидва ВАС кінця СНС В1 (В07\_1\_С15) були картовані та RP кінець (маркер В07\_1\_С15\_RP), який показав лише один випадок рекомбінації з Rpi-chc1 резистентного гена, був використаний для скринінгу другої бібліотеки ВАС і ідентифікованого СНС В2 (2 - D06\_3-D21) (Фігура 16). СНС В2 виявилася такою, що містить RH137D14 C37-7 маркер. Дві рекомбінантні події були виявлені з RH137D14 C37-7, на іншому сайті Rpi-chc1 резистентного гена. Звідси був зроблений висновок про те, що Rpi-chc1 локус був розділений на 0,2 см (5/2357 рекомбінанти) інтервал, який фізично розтягнутий на двох ВАС клонах, що частково перекриваються, СНС В1 і В2 СНС (Фігура 16).

Шляхом секвенування цих двох ВАС, було встановлено, що СНС В1 містить два RGAs і СНС В2 містить три RGAs, які були названі СНС В1-1, СНС В1-2, СНС В2-1, СНС В2-2, і СНС В2-3 відповідно (Фігура 2). Останні три RGAs були в інтервалі картування, розділеному В07\_1\_С15\_RP і RH137D14 C37-7. Таким чином, три гена субклонували у pBINplus вектор під контролем їх нативних регуляторних елементів за допомогою довгих ПЛР з застосуванням полімерази високої точності Phusion®. Одержані в результаті субклони були повністю секвеновані і виявилися ідентичними послідовностям їх ВАС темплати.

Комплементарний аналіз був проведений в *Nicotiana benthamiana* допомогою *Agrobacterium tumefaciens* перехідного аналізу (агро-інфільтрація), в якому 4-тижневий дикого типу *N. benthamiana* рослини інфільтрували зі штамом *Agrobacterium* AGL1 + Virg, що містить pBINplus: СНС В2-1, pBINplus: СНС-В2 2, та pBINplus: СНС В2-3 відповідно. В якості контролю використовували pBINplus без вставки і pBINplus: RPI-blb1. Інфільтроване листя було піддано щепленню через два дні *P. infestans* штамом 90128 в аналізах відокремленого листя (DLA). Листя інфільтрували з pBINplus: СНС В2-3 і pBINplus: RPI-blb1 проявили резистентність до інфекції, у той час як pBINplus: СНС В2-1, pBINplus: СНС В2-2 і pBINplus без вставки були колонізовані *Phytophthora*, як це видно з спороутворюючих уражень (Фігура 3). Цей експеримент наочно показав, що СНС В2-3 є активним резистентним геном до *P. infestans*. Оскільки жоден з інших генів, присутніх в генетичному інтервалі картування Rpi-chc1 проявляв активність, можна зробити висновок, що СНС В2-3 є Rpi-chc1 геном.

#### Rpi-chc1 гомологія і структура

Цікаво, що Rpi-chc1 має найбільшу гомологію (75-98%) з іншими RGAs від Rpi-chc1 генного кластера з *S. chacoense* і з генами синтетичних кластерів в хромосомі 10 з *S. tuberosum* клоном RH89-039-16 (Таблиця 3, Фігура 4). Нижчий (40%), але значний, ступінь гомології був знайдений для білка, який кодується геном з невідомою функцією від тополі (номер доступу ABF81421, Таблиця 3, Фігура 4). Різні домени Rpi-chc1 білка мають різні рівні гомології з відповідними доменами білка, кодованого білком тополі ABF81421. Домен NBS є найбільш консервативним (48% aa ідентичності), після нього йде домен CC (34% aa ідентичності). Домен LRR є найменш консервативним (21% aa ідентичності). Загальні гомології нижче, ніж 33% знайдені у FOM2 білку з огірків (Joobeur et al., 2004.), який надає резистентність до грибового збудника *Fusarium oxysporum*, RPI-blb1 з *S. bulbocastanum* (Song et al., 2003; van der Vossen et al., 2003), R3a з *S. demissum* (Huang et al., 2005), і RPS1- k від сої (*Glycine max*)(Gao et al., 2005), які надають резистентність до *Phytophthora* sp.

Rpi-chc1 містить ORF, 3909 нуклеотидів (nt), які кодують білок з 1302 амінокислот, що містять усі послідовності, характерні для CC-NB-LRR R-білків (Фігура 5). На N-кінці 5 ділянок амінокислот можуть бути виділені з потенціалом згортання у виту спіральну структуру. Центральний NB-ARC домен містить ділянки амінокислот, які показують подібність з кіназою 1a, кіназою 2, кіназою 3, GLPL, RNBS-D та MHD піддоменів (endahmane et al., 2002; van der Biezen and Jones, 1998). На відміну від багатьох інших NB-LRR білків, Rpi-chc1 білок характеризується відсутністю очевидної RNBS-суб-домену та наявністю подвійного MHD суб-домена. С-кінцевий домен містить 29 недосконалих збагачених лейцином повторів (LRRs). Обидва LRR 3 та 4 містять характерні підписи LDL, які часто присутні в LRR3. Як MHD, так і LRR3 були залучені в регулювання діяльності та передбачуваних внутрішньомолекулярних взаємодій ((Bendahmane et al., 2002; Tameling et al., 2006). Дублювання цих двох суб-доменів може натякнути на загальний механізм регулювання.

#### Rpi-chc1 гомологічні локуси в геномі; локус спрямоване профілювання.

З метою виявлення позицій в геномі, які містять Rpi-chc1 пов'язані нуклеотидні послідовностей була розроблена нова методика, яка є похідною від профілювання NBS ((Brugmans et al., 2008; van der Linden et al., 2004) і яка матиме назву "локус спрямованого профілювання". Замість праймера, які використовувалися раніше, домени-мішені яких, як правило, присутні у всіх R-генах, ми використовували праймери, які зберігаються в родині Rpi-

- chc1 послідовності (Таблиця 2). Таким чином, тільки Rpi-chc1 гени, як очікується, будуть спрямовані. Геномна ДНК від батьків і потомства від різних груп популяцій (SHxRH, 06-882) була дигестована RsaI, HaeIII, AluI або MseI. Адаптер був лігований до продуктів дигестії та за допомогою адаптерного праймера в поєднанні з Rpi-chc1 у сполученні з сімейство-специфічним праймером, множина фрагментів різної молекулярної маси була створена в реакції ПЛР. Поліморфні групи були виявлені в двох популяціях із застосуванням поліакриламідної гелевої системи Licor.

Таблиця 3. Таблиця відстаней послідовностей, отриманих при вирівнюванні Rpi-chc1 з родинними RGAs з публічно доступних баз даних

Відсоток подібності у верхньому трикутнику																								
Відмінності відсотків у нижньому трикутнику																								
	ABF81420 populus2 pro	ABF81421 populus pro	BAB44079 oryza pro	CAO40742 vitis pro	CHC B2- 1 pro	CHC B2- 3 pro	FOM2 Cucumis melo pro	Gpa2 pro	AAR29073 blb1 pro	AAX89383 RPSI glycine max pro	R3a pro		ABF81420 populus2 pro	ABF81421 populus pro	BAB44079 oryza pro	CAO40742 vitis pro	CHC B2- 1 pro	CHC B2- 3 pro	FOM2 Cucumis melo pro	Gpa2 pro	AAR29073 blb1 pro	AAX89383 RPSI glycine max pro	R3a pro	
ABF81420 populus2 pro	***	34 4	42 5	40 5	31 5	27 8	32 4	25 6	36 5	47	45 2		ABF81420 populus2 pro	ABF81421 populus pro	BAB44079 oryza pro	CAO40742 vitis pro	CHC B2- 1 pro	CHC B2- 3 pro	FOM2 Cucumis melo pro	Gpa2 pro	AAR29073 blb1 pro	AAX89383 RPSI glycine max pro	R3a pro	
ABF81421 populus pro	141 4	***	38 8	39 7	42 2	40 3	43 5	30 4	38 4	34 1	33 1		ABF81421 populus pro	ABF81421 populus pro	BAB44079 oryza pro	CAO40742 vitis pro	CHC B2- 1 pro	CHC B2- 3 pro	FOM2 Cucumis melo pro	Gpa2 pro	AAR29073 blb1 pro	AAX89383 RPSI glycine max pro	R3a pro	
BAB44079 oryza pro	114 8	140 4	***	50 4	34 9	31 2	39 7	35 6	47 1	41 4	40 3		BAB44079 oryza pro	BAB44079 oryza pro	BAB44079 oryza pro	CAO40742 vitis pro	CHC B2- 1 pro	CHC B2- 3 pro	FOM2 Cucumis melo pro	Gpa2 pro	AAR29073 blb1 pro	AAX89383 RPSI glycine max pro	R3a pro	
CAO40742 vitis pro	120 6	133 5	124 8	***	37 1	32 5	41 3	37 1	52 7	39 7	37		CAO40742 vitis pro	CAO40742 vitis pro	BAB44079 oryza pro	CAO40742 vitis pro	CHC B2- 1 pro	CHC B2- 3 pro	FOM2 Cucumis melo pro	Gpa2 pro	AAR29073 blb1 pro	AAX89383 RPSI glycine max pro	R3a pro	
CHC B2-1 pro	150 4	126 4	153 9	132 8	***	78 1	36 7	25 9	34 4	31 9	29 8		CHC B2-1 pro	CHC B2-1 pro	BAB44079 oryza pro	CAO40742 vitis pro	CHC B2- 1 pro	CHC B2- 3 pro	FOM2 Cucumis melo pro	Gpa2 pro	AAR29073 blb1 pro	AAX89383 RPSI glycine max pro	R3a pro	
CHC B2 3 pro	154 9	125 9	150 8	135 3	17 9	***	33 2	22 8	30 0	27 7	26 2		CHC B2-3 pro	CHC B2-3 pro	BAB44079 oryza pro	CAO40742 vitis pro	CHC B2- 1 pro	CHC B2- 3 pro	FOM2 Cucumis melo pro	Gpa2 pro	AAR29073 blb1 pro	AAX89383 RPSI glycine max pro	R3a pro	
FOM2 Cucumis melo pro	151 5	122	160 6	144 8	137 9	136 5	***	33 7	42 9	33 6	29 4		FOM2 Cucumis melo pro	FOM2 Cucumis melo pro	BAB44079 oryza pro	CAO40742 vitis pro	CHC B2- 1 pro	CHC B2- 3 pro	FOM2 Cucumis melo pro	Gpa2 pro	AAR29073 blb1 pro	AAX89383 RPSI glycine max pro	R3a pro	
Gpa2 pro	233	240	229	220	253	250	262	***	41 5	26 5	23 9		Gpa2 pro	Gpa2 pro	BAB44079 oryza pro	CAO40742 vitis pro	CHC B2- 1 pro	CHC B2- 3 pro	FOM2 Cucumis melo pro	Gpa2 pro	AAR29073 blb1 pro	AAX89383 RPSI glycine max pro	R3a pro	
AAR29073 blb1 pro	126 8	141 8	130 9	104 3	147 5	149 3	144 6	244	***	37 5	33 4		AAR29073 blb1 pro	AAR29073 blb1 pro	BAB44079 oryza pro	CAO40742 vitis pro	CHC B2- 1 pro	CHC B2- 3 pro	FOM2 Cucumis melo pro	Gpa2 pro	AAR29073 blb1 pro	AAX89383 RPSI glycine max pro	R3a pro	
AAX89383 RPSI glycine max pro	102 5	146	126 6	133 2	156	160 2	158 8	230	134 4	***	40 4		AAX89383 RPSI glycine max pro	AAX89383 RPSI glycine max pro	BAB44079 oryza pro	CAO40742 vitis pro	CHC B2- 1 pro	CHC B2- 3 pro	FOM2 Cucumis melo pro	Gpa2 pro	AAR29073 blb1 pro	AAX89383 RPSI glycine max pro	R3a pro	
R3a pro	99 3	158	121 6	139	171 9	169 7	175 5	234	148	124 8	***		R3a pro	R3a pro	BAB44079 oryza pro	CAO40742 vitis pro	CHC B2- 1 pro	CHC B2- 3 pro	FOM2 Cucumis melo pro	Gpa2 pro	AAR29073 blb1 pro	AAX89383 RPSI glycine max pro	R3a pro	
	ABF81420 populus2 pro	ABF81421 populus pro	BAB44079 oryza pro	CAO40742 vitis pro	CHC B2 1 pro	CHC B2 3 pro	FOM2 Cucumis melo pro	Gpa2 pro	AAR29073 blb1 pro	AAX89383 RPSI glycine max pro	R3a pro		ABF81420 populus2 pro	ABF81421 populus pro	BAB44079 oryza pro	CAO40742 vitis pro	CHC B2 1 pro	CHC B2 3 pro	FOM2 Cucumis melo pro	Gpa2 pro	AAR29073 blb1 pro	AAX89383 RPSI glycine max pro	R3a pro	

10

- Поліморфні смуги підраховували у 40 рослинах-потомках від SHxRH популяції та потім зразки маркерної сегрегації підганяли до UHD карти (van Os et al., 2006). 73 % маркерів картували на довгому плечі хромосоми 10, де знаходиться Rpi-chc1 ген. Додатково, аналіз послідовностей виділених фрагментів маркерів проявляв сильну гомологію з Rpi-chc1 сімейства генів (Таблиця 4b). Разом ці дані показують, що "локус спрямоване профілювання" було успішним підходом для створення маркерів в певній ділянці геному. На хромосомі 10 три різні локуси були помічені, що мали високу частоту (Таблиця 4A). Цікаво, що перші дві локуси збігалися з картою позицій контігів 2203 і 6701, які відповідають RH10B38-39 і RH10B41-42, відповідно. Третю групу маркери картували на RH10B54. Цікаво, що Rpi-ber1 ген (Park et al., 2008) знаходиться в тому ж інтервалі маркера RH10B54 кластера. Для того, щоб перевірити, чи є Rpi-ber ген потенційно Rpi-chc1 гомологом, були розроблені популяція 06-882, 58 Rpi-chc1 локус спрямовані маркерні профілів. 34 з цих маркерів були отримані від стійких батьків. 28 з них були пов'язані з резистентністю (9 у зв'язуючій фазі, 19 у відштовхуючій фазі). 2 маркери фаза зв'язування та 7 маркерів фази відштовхування були повністю зв'язані з резистентністю в перших 1771 осіб з популяції. Це наводить на думку, що Rpi-ber є Rpi-chc1 гомологом. У 28 зв'язаному Rpi-chc1 локусі маркерів спрямованого профілювання, можна виділити чотири групи моделей рекомбінації, кожна група характеризується назвою репрезентативного маркера на Фігурі 1a. Три групи маркер відповідають RH10B38-39 кластерів, один маркер групи відповідає RH10B41-42 кластерам. Цей результат підтверджує наш висновок, що SHxRH популяція, що є сімейством Rpi-chc1 родинної послідовності на хромосомі 10, розташована у менш ніж в двох тісно пов'язаних кластерах.

Таблиця 4a

Позиції картування SH та RH геномів Rpi-chc1 локус направлених маркерів профілювання

Назва маркеру	SHP положення	SHRec частота	RH положення	RHRecFreq	LOD
R1A2	SH10B016-020	0.894737			5.885886
R2R13	SH10B016-020	0.897436			6.139272
R2R14	SH10B016-020	0.897436			6.139272



Продовження таблиці 4а

Назва маркеру	SHP положення	SHRec частота	RH положення	RHRecFreq	LOD
F2A4	SH10B016-020	0.974359			9.720427
R2A6	SH10B016-020	0.974359			9.720427
F2M2	SH10B016-020	0.974359			9.720427
F2M3	SH10B016-020	0.974359			9.720427
F2M9	SH10B016-020	0.974359			9.720427
R1M4	SH10B016-020	0.974359			9.720427
R1M10	SH10B016-020	0.974359			9.720427
R1M11	SH10B016-020	0.974359			9.720427
R1M12	SH10B016-020	0.974359			9.720427
R2M2	SH10B016-020	0.974359			9.720427
R2M4	SH10B016-020	0.974359			9.720427
R2R9	SH10B016-020	0.974359			9.720427
R1R8	SH10B016-020	1			11.43914
R2A8	SH10B016-020	0.047985	RH10B022-026	0.951954	6.746727
R1A4	SH10B022-027	0.087129	RH10B027-041	1	8.351405
R2H5	SH10B016-020	0	RH10B027-048	0.952381	8.250089
F2A1	SH10B016-020	0	RH10B027-048	0.954545	8.831465
F2A5	SH10B016-020	0	RH10B027-048	0.954545	8.831465
F2A6	SH10B016-020	0	RH10B027-048	0.954545	8.831465
F2A7	SH10B016-020	0	RH10B027-048	0.954545	8.831465
F2A8	SH10B016-020	0	RH10B027-048	0.954545	8.831465
F2A9	SH10B016-020	0	RH10B027-048	0.954545	8.831465
F2A10	SH10B016-020	0	RH10B027-048	0.954545	8.831465
R2A3	SH10B016-020	0	RH10B027-048	0.954545	8.831465
F2M4	SH10B016-020	0	RH10B027-048	0.954545	8.831465
F2M8	SH10B016-020	0	RH10B027-048	0.954545	8.831465
R1M7	SH10B016-020	0	RH10B027-048	0.954545	8.831465
R1M8	SH10B016-020	0	RH10B027-048	0.954545	8.831465
R2M3	SH10B016-020	0	RH10B027-048	0.954545	8.831465
R2M9	SH10B016-020	0	RH10B027-048	0.954545	8.831465
R2M11	SH10B016-020	0	RH10B027-048	0.954545	8.831465
R2M16	SH10B016-020	0	RH10B027-048	0.954545	8.831465
F2R1	SH10B016-020	0	RH10B027-048	0.954545	8.831465
R1R1	SH10B016-020	0	RH10B027-048	0.954545	8.831465
R1R2	SH10B016-020	0	RH10B027-048	0.954545	8.831465
R2R5	SH10B016-020	0	RH10B027-048	0.954545	8.831465
R2R10	SH10B016-020	0	RH10B027-048	0.954545	8.831465
R1M6	SH10B025-027	0	RH10B027-048	0.954545	9.308586
F2R4	SH10B032-034	0	RH10B027-048	0.857143	5.903571
R1A3			RH10B038-039	0.114286	5.134121
R2H3			RH10B038-039	0.128205	5.253783
R1M3			RH10B038-039	0.078947	6.881108
R1M5			RH10B038-039	0.078947	6.881108
F2A3			RH10B038-039	0.076923	7.146904
R2A2			RH10B038-039	0.076923	7.146904
R2A7			RH10B038-039	0.076923	7.146904
R1H1			RH10B038-039	0.076923	7.146904
R2H4			RH10B038-039	0.076923	7.146904
R2M12			RH10B038-039	0.076923	7.146904
R2M13			RH10B038-039	0.076923	7.146904
R1R9			RH10B038-039	0.076923	7.146904
R2R1			RH10B038-039	0.076923	7.146904

Продовження таблиці 4а

Назва маркеру	SHP положення	SHRec частота	RH положення	RHRecFreq	LOD
R2R3			RH10B038-039	0.076923	7.146904
R2R2			RH10B041	0.102564	6.139272
R2M7			RH10B041	0.076923	7.146904
R2R8			RH10B041	0.076923	7.146904
F2A14			RH10B042-048	0.076923	7.146904
R2M8			RH10B042-048	0.076923	7.146904
R1R4			RH10B042-048	0.076923	7.146904
R1R5			RH10B042-048	0.076923	7.146904
R1R6			RH10B042-048	0.076923	7.146904
R2R12			RH10B042-048	0.076923	7.146904
R2R15			RH10B042-048	0.076923	7.146904
R1A5			RH10B042-048	0.054054	7.759088
F2M7	SH10B047-049	1	RH10B054	0.125	5.821641
F2A11	SH10B047-049	1	RH10B054	0.055556	6.535189
F2M5	SH10B047-049	1	RH10B054	0.055556	6.535189
R1R7	SH10B047-049	1	RH10B054	0.055556	6.535189
R2R7	SH10B047-049	1	RH10B054	0.055556	6.535189
F2A12	SH10B047-049	0.128205			5.253783
R1M1			RH02B023-025	0.921053	6.881108
R1M2			RH02B023-025	0.078947	6.881108
R1R3			RH04B014-020	0.076923	7.146904
F1R3			RH04B033-039	0.868421	5.013173
R2M14			RH04B033-039	0.974359	9.720427
F2A2			RH07B068-069	0.897436	6.139272
R2A4	SH12B051-058	0.896552	RH12B047-051	1	5.807144
R2R11	SH12B051-058	0.931034	RH12B047-051	1	6.35823
F2H3	SH12B051-058	0.933333	RH12B047-051	1	6.452677
F2M6	SH12B051-058	0.933333	RH12B047-051	1	6.452677
R2M6	SH12B051-058	0.933333	RH12B047-051	1	6.452677
F1R2	SH01B033-034	0.897436			6.139272
F1H5	SH01B033-034	0.078947			6.881108
F1R4	SH01B033-034	0.941176			6.931596
F1H3	SH01B033-034	0.948718			8.314174
F1H4	SH04B024-030	0.102564			6.139272
R2M15	SH04B031-032	0.128205			5.253783
R2A1	SH04B031-032	0.102564			6.139272
R2M1	SH04B031-032	0.102564			6.139272
R2R6	SH07B048-057	0.078947			6.881108
R2M5	SH07B048-057	0.076923			7.146904
F2M1	SH09B049-054	0.897436			6.139272
F2R2	SH09B049-054	0.897436			6.139272

Таблиця 4б

Гомологічність послідовності Rpi-chc1 локус направлених маркерів профілювання, одержаних від SHxRH популяції

Назва маркеру	Довжина послідовності	blastx влучення
F1R5	180	
F1R6	185	

Продовження таблиці 4b

Назва маркеру	Довжина послідовності	blastx влучення
F1R7		
F1R8	225	ref YP_514854.1 рибосомний білок S4 тип
F1R9	230	NBS-LRR тип
F2A1	180	gb ABB91438.1  R-FOM-2 (Cucumis melo), NBS-LRR тип
F2A2	225	gb ABB91438.1  R-FOM-2 (Cucumis melo), NBS-LRR тип
F2A3	119	
F2R1		
F2R2		
F2R4	145	
F2R6	424	NBS-LRR тип
F2R7		
R1A1	305	gb ABB91438.1  R-FOM-2 (Cucumis melo), NBS-LRR тип
R1A2	495	Не знайдено істотної подібності
R1R10	700	gb AAS80152.1  FOM-2 (Cucumis melo), NBS-LRR тип
R1R11	461	NBS домен резистентний білок
R1R2		
R1R3		
R1R5	515	emb CAD29726.1  hero resist. Prot. 2 гомолог NBS-LRR тип
R1R6	510	emb CAD29726.1  hero resist. Prot. 2 гомолог NBS-LRR тип
R1R7	570	Не знайдено істотної подібності
R1R8	700	gb AAS80152.1  FOM-2 (Cucumis melo), NBS-LRR тип
R2A1		
R2A2		
R2A3		emb CAN82053.1  гіпотетичний білок (Vitis vinifera), NBS-LRR тип
R2A4		dbj BAB44079.1  передбачуваний NBS-LRR тип (Oryza sativa), NBS-LRR тип
R2R10		
R2R12		dbj BAB44079.1  передбачуваний NBS-LRR тип (Oryza sativa), NBS-LRR тип
R2R13		dbj BAB44079.1  передбачуваний NBS-LRR тип (Oryza sativa), NBS-LRR тип
R2R14		dbj BAB44079.1  передбачуваний NBS-LRR тип (Oryza sativa), NBS-LRR тип
R2R15		emb CAN82053.1  гіпотетичний білок (Vitis vinifera), NBS-LRR тип
R2R16		Не знайдено істотної подібності
R2R17		emb CAN82053.1  гіпотетичний білок (Vitis vinifera), NBS-LRR тип
R2R2		emb CAN82053.1  гіпотетичний білок (Vitis vinifera), NBS-LRR тип
R2R3		emb CAN82053.1  гіпотетичний білок (Vitis vinifera), NBS-LRR тип
R2R4		emb CAN82053.1  гіпотетичний білок (Vitis vinifera), NBS-LRR тип
R2R5		emb CAN82053.1  гіпотетичний білок (Vitis vinifera), NBS-LRR тип
R2R6		emb CAN82053.1  гіпотетичний білок (Vitis vinifera), NBS-LRR тип
R2R7		emb CAN82053.1  гіпотетичний білок (Vitis vinifera), NBS-LRR тип
R2R9		emb CAN82053.1  гіпотетичний білок (Vitis vinifera), NBS-LRR тип

- 5 В іншій популяції (7677), одержаній зі зразку *S. berthaultii* 493-7 маркер NBS профілю, створеного за допомогою раніше описаних NBS5a6 праймера було встановлено, що він тісно пов'язаний з резистентністю до *Phytophthora* в цій популяції. Його картовано в теломерний сайт по відношенню до TG403 на довгому плечі хромосоми 10 (Фігура 6). Аналіз послідовності цього фрагмента показав високу гомологію з членами Rpi-chc1 сімейства. Всі разом ці результати показують, що принаймні чотири, генетично різні, Rpi-chc1 подібні кластери присутні на хромосомі 10. Це схоже на ситуацію на довгому плечі хромосоми 9, де були визначені три Tm2-

2 пов'язані кластери (Foster et al., 2009; Pel et al.).

Рослинний матеріал та ізоляти *Phytophthora infestans*

У даному дослідженні ми використовували чотири резистентні до фітофторозу клони TAR852-5 (одержані від CGN22729), BER94-2031-01 (одержані від PI473331), BER481-3 (одержані від CGN18190) BER493-7 (одержані від CGN17823), CHC543-5 (одержані від BGRC63055). CHC543-5 схрещують з CHC544-5 для одержання популяції 7650. BER94-2031-01 схрещували з сприйнятливим клоном G254 для одержання популяції 06-882. BER493-7 схрещують з RH89-039-16 для одержання популяції 7677. Картопля культивується Desiree була використана для трансформації. Рослини дикого типу *Nicotiana benthamiana* використовували для перехідних тестів доповнення.

Характеристика та походження ізолятів *P. infestans*, використаних в даному дослідженні, наведені в Таблиці 5.

Конструювання ВАС бібліотек

Клон CHC543-5 був використаний як джерело ДНК для конструювання бібліотеки ВАС. Одержання високомолекулярної ДНК та конструювання ВАС бібліотек проводили, як описано (Roupre van der Voort et al., 1999). Для першої бібліотеки використовували рСС1ВАС каркас. Для другої бібліотеки pIndigoBAC-5 був використаний, обидва від Epicenter. Приблизно 22,000 клонів із середнім розміром вставки ~ 70 Kbp, що відповідає 1 геномному еквіваленту, були отримані для бібліотеки 1, і приблизно 110,000 клонів із середнім розміром вставки ~ 45 Kbp, що відповідає 3 геномним еквівалентам, були отримані для бібліотеки 2. ВАС клони зберігали в бактеріальних пулах, що містили приблизно від 700 до 1000 білих колоній. Вони були генеровані шляхом соскоблення колоній від агару і послідовного повторного суспендування в LB середовищі, що містило 18 % гліцерину і 12,5 мг/мл<sup>-1</sup>, хлорамфеніколу, використовуючи стерильний скляний розподільвач. Ці так звані супер пули зберігали при -80 °C. Здійснювали маркерний скринінг бібліотек ВАС, по-перше, шляхом виділення плазмідної ДНК з кожного пулу із застосуванням стандартного протоколу лужного лізису і ПЛР було проведено для виявлення позитивних пулів. Бактерії, що відповідали позитивному пулу, розбавляли і висівали на LB агарові пластини, яка містила хлорамфенікол (12,5 мг/мл<sup>-1</sup>). Індивідуальні білі колонії були відібрані в 384-й мікропланшет і одинарні позитивні клони ВАС потім ідентифікували шляхом маркерного скринінгу, як описано (Roupre van der Voort et al., 1999). Назви клонів ВАС, виділених від супер пулів, несуть префікс CHC і розширені номером (B1 і B2), що відповідає порядку, в якому вони були визначені.

Субклонування кандидатних генів

Більш довгі ПЛР

Кандидатні RGAs субклонували з ВАС клону CHC B2 таким чином. Праймери розробляли приблизно на 3 kb вище від передбачуваного старту кодону та приблизно на 700 bp нижче від передбачуваного стоп кодону. (CHC B2-1F=MN459: tgaccctgcaggGGACCCCTTAACAAGTGATGTG,

CHC B2-1R=MN462: tgacggcgcgccAAAAAGTCCCGCTTTGATACC,  
CHC B2-2F=MN483: tgaccctgcaggCCCCTTAACAAGTGATGTGATG,  
CHC B2-2R=MN484: tgacggcgcgccTCAGGTTCCCTTACAAGATTCC,  
CHC B2-3F=MN479: tgaccctgcaggACGCATCAGGAAGAGAGGAG,  
CHC B2-3R=MN480: tgacggcgcgccGCGGTTCTCTGTGAAACAC)

ДНК секвенування та комп'ютерний аналіз

Секвенування ВАС клонів проводили із застосуванням стратегії пістолетного клонування 2kb і 6kb бібліотек за допомогою Масроген (Південна Корея). Реакції послідовності проводили з застосуванням принципу барвника-термінатора. Контіги послідовностей були зібрані за допомогою Масроген. Закриття гелів було зроблено із застосуванням праймеру на пістолетних клонах або безпосередньо на ВАС.

Контіги послідовностей були проаналізовані за допомогою програмного забезпечення на веб-основі FGENESH (Softberry) для того, щоб передбачити генну структуру. RGAs і RGAs із публічно доступних баз даних були вирівняні для гомології та дистанційного аналізу із застосуванням програмного забезпечення ДНК star програмного забезпечення (Lasergene). Консервативні домени були визначені з застосуванням програмного забезпечення на веб-основі SMART (EMBL).

Аналіз резистентності

Аналізи відокремленого листа були використані для визначення резистентних фенотипів первинних трансформантів і *N. benthamiana* листа. Для фенотипування популяції CHC була використана ізоляти 90128. Для фенотипування бер популяції, були використані ізолювати IPO-C. Спектри резистентності резистентних батьків визначали із застосуванням штамів, описаних в

Таблиці 5. Одержання затравки і щеплення проводили, як описано (Vleeshouwers et al., 1999). Через шість днів після щеплення, були визначені фенотипні рослини. Листя, що не показували жодних симптомів або локалізованого некрозу в місці щеплення, розглядалися, як резистентні та з чіткими спороутворюючими ураженнями, як чутливі.

#### 5 Перехідна комплементация у *N. benthamiana*

Agrobacterium перехідні трансформаційні тести (агро-інфільтрації) були проведені у *N. benthamiana*. Рекомбінантні *A. tumefaciens* AGL1 + культури вирощували в LB середовищі (10 грам бактеріологічного пептону, 10 г NaCl і 5 г дріжджового екстракту в 1 літрі води MQ) з додаванням 5 мг/л тетрацикліну і 50 мг/л канаміцину для pBINplus конструктів. Через один або два днів розрахункову кількість культури (відповідно до OD 0.5 при 600 нм) переносили в YEB середовище (5 г м'ясного екстракту, 5 г бактеріологічного пептону, 5 г цукру, 1 г екстракту дріжджів, 2 мл 1 М MgSO<sub>4</sub> в 1 літрі води MQ) з додаванням канаміцину для всіх штамів. Через 1 день та ніч клітини центрифугували при 3500 оборотів на хвилину і повторно суспендували в MMA середовищі (20 грам цукру, 5 г солі MS і 1,95 грама MES) з додаванням 1 мл 200 мМ ацетосирингінону до остаточного OD 0,2 та інфільтрували в 4-х тижневі рослини за допомогою 3 мл шприця. Інфільтроване листя згодом піддавали щепленню через два дні *P. infestans* штамом 90128 в аналізах відокремленого листя (DLA). Гіперчутлива відповідь (HR) або *P. infestans* спороутворення були враховані від 5 до 7 днів після щеплення.

Приклад 2 Rpi-chc1 є функціональним резистентним геном проти *Phytophthora infestans*

#### 20 Способи

Рослинні матеріали та ізоляти *Phytophthora infestans*

У цьому дослідженні ми використовували 225 рослин *Solanum*, їх назви, використовувані в цьому дослідженні та номери доступу наведені в Таблиці 7. Дев'ять резистентних рослин до фітофтори були використані для виділення функціональних гомологів Rpi-chc1 (tar852-5, ber94-2031-01, який є похідним від PI473331, ber481-3, ber493-5, -7, -9, chc543-5, ber324-2, ber487-1, ber561-2, та scr849-1). CHC543-5 схрещували з CHC544-5 для одержання популяції 7650. BER94-2031-01 схрещували з чутливим клоном G254 для одержання популяції 06-882. BER493-7 схрещували з RH89-039-16 для одержання популяції 7677. Культивар картоплі Desiree використані для трансформації. Рослини дикого типу *Nicotiana benthamiana* використовуються для тимчасових тестів доповнення.

Характеристика та походження *P. infestans* ізоляти, використані в даному дослідженні, наведені в Таблиці 5.

Клонування кандидатних генів

Rpi-chc1 гомологи були ПЛР ампліфіковані із застосуванням масштабного Phusion® з високою точністю термостабільної ДНК-полімерази відповідно до інструкцій виробника (New England Biolabs). Праймери були розроблені, перекиваючи старт і стоп кодони Rpi-chc1 і містять AttB1 і AttB2 розширення (MN595 і MN597, таблиця 8). Продукти ПЛР повторно комбінували в pDONR221 використанням BP clonase® відповідно до інструкцій виробника (Invitrogen). Секвенування ДНК проводили при BaseClear (Нідерланди) із застосуванням стандартних і нестандартних праймерів (MN622-MN650, Таблиця 8). Послідовності були проаналізовані та узгоджені для аналізу гомології і філогенії із застосуванням програмного забезпечення ДНК star (Lasergene).

Промоторні термінаторні конструкти

Для того, щоб виробляти клони, що містять промотор і термінатор Rpi-chc1 для конструювання конструктів для застосування опосередкованої експресії потрібного точкового входу були розроблені специфічні праймери (MN598, MN599, MN600, MN601, MN670, Таблиця 8), що відповідають Rpi-chc1 промоторній і термінаторній послідовності, в яку були додані AttB4, AttB1 і AttB2 сайти рекомбінації, відповідно. ПЛР-продукти були одержані з застосуванням масштабного Phusion® з високою точністю з термостабільною ДНК-полімеразою відповідно до інструкцій виробника. ПЛР-продукти були рекомбіновані з використанням BP clonase®.

Виникнення помилки ПЛР виключало застосування аналізу послідовності одержаних клонів з застосуванням праймерів MN651 і 652, які перераховані в Таблиці 8. Реакції входу потрібної точки проводили з застосуванням цих конструктів і ORF послідовності в pDONR221 за допомогою LR clonase.

#### 55 Резистентність аналізу

Аналіз відокремленого листя був використаний для визначення резистентності фенотипів первинних трансформантів і *N. benthamiana* листя. Для фенотипування СНС був використаний трансгенний ізолят 90128. Для фенотипування Rpi-chc1 гомологів в *N. benthamiana*, був використаний ізолят IPO-C. Препарати затравки та щеплення проводили, як описано Vleeshouwers et al., 1999. Через шість днів після інокуляції, були визначені фенотипи рослин.

Листя, що не показували жодних симптомів або локалізованого некрозу в місці щеплення, були враховані як резистентні та такі, що мали чіткі спороутворюючі ураження, як чутливі.

Перехідна комплементация у *N. benthamiana*

Аналізи перехідної трансформації *Agrobacterium* (агро-інфільтрації) були проведені у *N. benthamiana*. Рекомбінантні *A. tumefaciens* COR308 культури, вирощували в LB середовищі (10 грам бактеріологічного пептону, 10 г NaCl і 5 г дріжджового екстракту в 1 літрі води MQ) з додаванням 5 мг/л тетрацикліну і 50 мг/л канаміцину для pBINplus конструктів. Через один або два дні розрахункову кількість культури (відповідно до OD 0.5 при 600 нм) переносили в YEB середовище (5 г м'ясного екстракту, 5 г бактеріологічного пептону, 5 г цукру, 1 г екстракту дріжджів, 2 мл 1 М MgSO<sub>4</sub> в 1 літрі води MQ) з додаванням канаміцину для всіх штамів. Через 1 день та ніч клітини центрифугували при 3500 оборотів на хвилину і повторно суспендували в MMA середовищі (20 грам цукру, 5 г солі MS і 1,95 г MES) з додаванням 1 мл 200 мМ ацетосирінгону до остаточного OD 0,2 та інфільтрували в 4-х тижневих рослинах 3 мл шприцем. Інфільтроване листя згодом піддавали щепленню через два дні *P. infestans* штамом 90128 в аналізі відокремленого листя (DLA). Гіперчутливу відповідь (HR) або *P. infestans* спороутворення підраховували через 5-7 днів після інокуляції.

Спільна інфільтрація

Набір з 90 ефекторів був присутній в *Agrobacterium tumefaciens* COR308 в PVX плазміді (PEX набір). Бінарні плазміді містять ефектор з Рі клонованого всередині генома PVX. Після агро-інфільтрація як ефектор, так і PVX будуть експресуватися. Протягом експерименту PVX не може поширюватися системно, і ми зацікавлені тільки в локальній експресії ефектора. Після розпізнавання кодованого ефектору R-геном, HR можна спостерігати через 3 та 5 дні. PVX симптоми були видимі через 6 днів і, як правило, вперше спостерігалися у не-інфільтрованому листі.

В якості позитивного контролю використовували R3A і Avr3a-KI, R-ген - ген AVR-комбінацію, яка, як відомо, дає сильну реакцію (Armstrong et al., 2005). Скринінг з Rpi-chc1 кандидатом показав некротичні плями з двома потенційними ефекторними генами RD12-1 і RD12-2 (Фігура 8).

У попередньому прикладі нами було описано карту на основі клонування Rpi-chc1 гену від *Solanum chacoense* зразку 543-5. Rpi-chc1 є засновником раніше неописаного сімейства R генів CC-NB-LRR класу, що знаходиться на хромосомі 10 біля маркеру TG63. Ген був присутній в генному кластері з п'яти гомологів. Генетичний аналіз показав, що тільки три з цих гомологів (CHC B2-1, CHC B2-2, і CHC B2-3) потенційно можуть кодувати Rpi-chc1. Аналіз перехідної комплементации в *N. benthamiana* припустив, що CHC B2-3 був активною копією.

В цьому експерименті ми показуємо стабільні трансформації чутливого виду *Desiree*, що дійсно могли б доповнити чутливість CHC B2-3 (Pi) до *Phytophthora infestans* (Фігура 8). Цей результат підтверджує наші попередні припущення, що CHC B2-3 є Rpi-chc1. Додатково, цей результат свідчить, що Rpi-chc1 може бути функціональним в широкому спектрі сімейства пасльонових видів, таких, як *S. chacoense* та *N. benthamiana*, але також *S. tuberosum*.

Rpi-chc1 специфічно розпізнає RXLR ефекторний білок

Для того щоб зрозуміти спектр активності Rpi-chc1, було досліджено, який компонент Pi був розпізнаний. До цих пір усі компоненти Pi були розпізнані R-білками-хазяєвами як ефектори класу RXLR. Pi ізолят T30-4-є авірулентним на рослинах, що експресуються на Rpi-chc1 і, отже, родинні компоненти повинні бути експресовані в цьому ізоляті. Нещодавно геном T30-4 був секвенований та його геном кодує сотні ефекторів RXLR (Haas et al., 2009). Шістдесят п'ять RXLR ефекторів, включаючи всі відомі Avr (Avr1, Avr2, Avr3a, Arv4, AVR-blb1, AVR-blb2), а також декілька не RXLR ефекторів (Inf1, PiNIP) ефекторів були клоновані в рослинний вектор експресії pGR106 та мають назву набір PEX (Vleeshouwers et al., 2008). Набір PEX був підданий скринінгу на шляхом спільної агро-інфільтрації з Rpi-chc1 в *N. benthamiana*. Таким чином, як обраний ефектор, так і Rpi-chc1 ген експресувалися в тих самих клітинах. У випадку, якщо ефектор розпізнається Rpi-chc1, це індукує гіперчутливу реакцію (HR) і призведе до некротичних уражень в інфільтрованій ділянці листа. Це явище було добре описано для спільної інфільтрації R3A і Avr3a (Armstrong et al., 2005), яка була включена до нашого експерименту в якості позитивного контролю (Фігура 9). Ділянки листа, які були агро-інфільтровані Rpi-chc1 окремо, залишилися зеленими, що показало, що Rpi-chc1 сам по собі не викликає загибелі клітин. Додатково, спільна інфільтрація з раніше описаними Avr (в Avr1, Avr2, Avr3a, Arv4, AVR-blb1, AVR-blb2) не викликає HR, що показало, що Rpi-chc1 розпізнає новий компонент Pi і що є унікальним способом викликання резистентності. З іншого боку, деякі ефектори в наборі PEX виробляли Rpi-chc1 незалежну гіперчутливу відповідь (Фігура 9 лист С). Були, однак, також два клони в наборі PEX, що показали тільки -Rpi chc1 залежну клітинну смерть (Фігура 9 лист В).

Обидва клони (RD12-1 і RD12-2) були високо гомологічні один одному і, по суті ідентичні кодованому білку. RD31, який кодує білок з 60 % ідентичністю RD12, не був розпізнаний (Фігура 9 лист А), показуючи, що розпізнавання Rpi-chc1 було дуже специфічним. Для того, щоб перевірити специфіку розпізнавання з R-генного боку, RD12 спільно інфільтрували з RPI-blb1, RPI-blb3 і R3A. Додатково, Rpi-chc1 паралоги CHC B2-1 і CHC B2-2 (див. Приклад 1), які показали 78 % і 83 % ідентичність, відповідно, на рівні амінокислот в Rpi-chc1, були перевірені шляхом спільної інфільтрації. Жоден з цих R-генів або R-ген паралогів не виробляв гіперчутливу відповідь на спільну інфільтрацію RD12 (дані не показані). Ці результати ясно показали, що Rpi-chc1 може специфічно розпізнавати Pi компонент RD12. RD12 (= PITG\_16245 має кілька паралогів в Pi геномі (PITG\_16418, PITG\_16427, PITG\_16233, PITG\_16240, PITG\_20934, PITG\_20936, PITG\_20336 і PITG\_23230), послідовності яких наведені нижче.

PITG_16245	MATATVLVQSPASGLTTTVADTAQTATSILTPVLAGEPN KHVTTRSLRTHPIADSDDGEERLLNGMTDFVKYHAGKM NPEQLYKYLKLQGRGQEAYKHKNYASYIKKSKKWWWK
PITG_16418	MATATVLVQSPASGLTTTVADTAQTATSILTPVLAGEPN KHVTTRSLRTHPIADSDDGEERLLNGMTDFVKYHAGKM NPEQLYKYLKLQGRGQEAYKHKNYASYIKKSKKWWWKNQ
PITG_16427	MRVLCLALMATATVLVSPASGLTTTVADTAQTATSILTPVLAGEPN KHVTTRSLRTHPIADSDDGEERLLNGMTDFVKYHAGKM NPEQLYKYLKLQGRGQEAYKHKNYASYIKKSKKWWWKNQ
PITG_16233	MRVLCLALMATATVLVQSPASGLTTTVADTAQTATSILTPVLAGEPN KHVATRSRTHPIDDSDDGEERLLNGMTDFFKYHAGKM SPEQLYKYLNLKGLGQEAYKHKNYASYIKKSKKWWWKNQ
PITG_16240	MRVLCLALMATATVLVQSPASGLTTTVADTAQTATSILTPVLAGEPN KHVATRSRTHPIDDSDDGEERLLNGMTDFFKYHAGKM SPEQLYKYLNLKGLGQEAYKHKNYASYIKKSKKWWWKNQ
PITG_20934	MRVLCLALMATATVLVSPASGLTTTVADTAQTATSILTPVLAGEPN KHVATRSRTHPIDDSDDGEERLLNGMTDFFKYHAGKM SPEQLYKYLNLKGLGQEAYKHKNYASYIKKSKKWWWKNQ
PITG_20936	MRVLCLALMATATVLVSPASGLTTTVADTAQTATSILTPVLAGEPN KHVATRSRTHPIDDSDDGEERLLNGMTDFFKYHAGKM SPEQLYKYLNLKGLGQEAYKHKNYASYIKKSKKWWWKNQ
PITG_20336	MRVLCLALMATATVLVSPASGLTTTVADTAQTATSILTPVLAGEPN KHVATRSRTHPIDDSDDGEERLLNGMTDFFKYHAGK
PITG_23230	MRVLCLALMATATVLVSPASGLTTTVADTAQTATSILTPVLAGEPN KHVATRSRTHPIDDSDDGEERL

Не виключено, що і ці паралоги розпізнані Rpi-chc1 у взаємодії з Pi. Не можна також виключити, що додаткові неродинні компоненти Pi можуть бути розпізнані, оскільки було описано подвійні специфічні R-гени (Jones and Dangl, 2006).

Вимоги до промоторів для Rpi-chc1 експресії.

Для того, щоб визначити, які регуляторні послідовності є найбільш придатними для запуску експресії відкритих рамок зчитування Rpi-chc1, ми використовували стратегії, описані раніше (Lokossou et al., 2009), в яких кандидатні ORF клонували між бажаними промоторами та термінаторами із застосуванням стратегії потрійної вхідної точки. Rpi-chc1 ORF клонували між його власним 3kb промотором та 0.5 kb термінатором (p-CHC1 довгого), які також були присутні в початковому аналізі комплементарії, представленою на Фігурі 8. Додатково, Rpi-chc1 ORF був клонований в трьох альтернативних комбінаціях промотор/термінатор. Більш коротка версія (0.8 kb) власного промотора та власного 0.6 kb термінатора (p-CHC1 короткого); подвійний промотор 35S в pMDC32 та RPI-blb3 промотор/термінатор комбінації (Lokossou et al., 2009.). Для того, щоб проаналізувати оптимальну промотор - термінаторну комбінацію, чотири Rpi-chc1 конструкта були перетворені на AGL-1+Virg, культури змішували 1:1 з A. tumefaciens COR308, що містив PEX-RD12. Послідовні розведення в MMA середовищі інфільтрували в листі N. benthamiana (Фігура 10). P-CHC1 довгий конструкт індукував HR в суміші з RD12 з OD600 2.0 і 1.0. P-CHC1 короткий конструкт також експресував HR в два рази більш низькій концентрації (OD600=0,5). Відмітимо, що 35S і RPI-blb3 промотор/термінаторні конструкти не підходять для функціональної експресії Rpi-chc1 гена. Ці результати показують, що промотор Rpi-chc1 функціонально відрізняється від інших промоторів аналізу. Додатково, приходимо до висновку, що зверху послідовності (<900 bp.) в Rpi-chc1 промотор містить інгібуючі елементи для

експресії.

Скринінг зародкової плазми Rpi-chc1 -подібних послідовностей.

Для подальшої підтримки пропозиції про те, Rpi-chc1 може бути активним в широкому діапазоні видів *Solanum*, а також вивчення розбіжності Rpi-chc1 алельної послідовності та активності в зародковій плазмі ми піддавали скринінгу 225 генотипа (Таблиця 7) з нашої колекції зародкової плазми на наявність Rpi-chc1 родинних послідовностей за допомогою вирівнювання послідовності активного Rpi-chc1 і декількох родинних послідовностей, зазначених в первісній заявці, які були отримані з RH89-039-16 і з неактивних паралогів в chc543-5. Праймерні пари (Таблиця 8) були розроблені таким чином, що тільки активна копія була передбачена як ампліфікована за допомогою ПЛР. Як показано на Фігурі 11А, праймерні комбінації D і E були високоспецифічними, так як продукти ПЛР були виявлені тільки в реакціях, які містили Rpi-chc1 темплату і не було виявлено ампліфікації з темплат, що містили близькородинні послідовності. Праймерні комбінації D і E були використані для скринінгу картування рекомбінантних популяцій (n = 2400) *S. chacoense* та *S. berthaultii* (n=2600; RPI-BER, зразок PI265858; 94-2031 \* G254), в якому Рі резистентність є сегрегуючою. Жодні рекомбінанти були знайдені між маркером і резистентністю в будь-якій популяції (дані не показані). Це показало, що обидва маркера є високоспецифічними. Додатково, це показує, що Rpi-ber ген є родинним до Rpi-chc1 і отримані з Rpi-chc1 молекулярні маркери можуть бути використані, щоб помітити ці резистентні гени.

Генотип chc543-5, з якого було виділено Rpi-chc1, знаходиться в таксономічній групі 10-14 (Jacobs et al., 2008). Для скринінгу інших Rpi-chc1 гомологічних послідовностей, були відібрані 225 генотипів з нашої колекції зародкової плазми (Таблиця 7), розташовані в таксономічних групах від 10-12 до 10-17. Цілісність ДНК була підтверджена за допомогою Ef1-α ПЛР (дані непоказані) і послідовно праймерна комбінація D була використана для виявлення Rpi-chc1 родинних послідовностей. Шість генотипів виявилися позитивними в цьому скринінгу (Фігура 11В). Перш за все був знайдений chc543-5, що підтвердило надійність скринінгу. Додатково, п'ять інших генотипів були виявлені, серед яких *S. berthaultii* рослини 324-2, 481-3 і 561-2, що підтверджує попередні припущення, що Rpi-chc1 і Rpi-ber дуже пов'язані між собою. Додатково, були помічені два інших види, *S. tarijense* (852-5) та *S. sucrense* (849-1).

Вироблення Rpi-chc1 гомологу

З метою додаткової характеристики функціональності та консерватизму або дивіргенції послідовностей Rpi-chc1 нами було розпочато клонування відкритих рамок читування з рослин, які були позитивними в скринінгу зародкової плазми, та, додатково, з рослин, що, як відомо, містять резистентні гени на хромосомі 10 (описано на Фігурі 6). Були розроблені праймери, що перекривають старт та стоп кодон ХІП-CHC1 і attB1, та AttB2 розширення були додані для ВР клонування в pDONR221. ПЛР реакції за допомогою полімеразного виправлення Phusion® призводили до одержання до конкретних продуктів для всіх обраних генотипів. Ці ПЛР фрагменти були клоновані і для кожного генотипу було відібрано шість колоній і кінцевих послідовностей. Деякі генотипи виробляли тільки один тип послідовностей і для таких генотипів ми прийшли до висновку, що тільки один ген-мішень був ампліфікований. Для генотипів з двома або більше видами послідовностей додаткові 16 колоній були кінцево секвеновані та груповані. З кожної групи послідовностей три клони повністю секвенували із застосуванням отриманих з Rpi-chc1 внутрішніх праймерів. Це призвело до ідентифікації 21 нових Rpi-chc1 - подібних послідовностей (Фігура 13). Кодовані білкові послідовності були вирівняні із застосуванням clustal-W разом з раніше ідентифікованими Rpi-chc1 гомологами (Фігура 14). Це призвело до філогенетичного дерева, представленого на Фігурі 12. З chc543-5 ми виділили два типи послідовностей. Перший тип був ідентичний Rpi-chc1. Другий тип послідовності розташований в іншому таксоні (таксон 1 на Фігурі 12) з кількома послідовностями, всі з яких були одержані з *S. berthaultii*, показуючи, що цей підхід був успішним у визначенні Rpi-chc1 гомологів. Чотири генотипи дали тільки одну послідовність типу 849-1, RH89-39-16, 487-1 і 94-2031-1. Перші три розташовані в тому ж таксоні (таксон 2 на Фігурі 12). RH89-39-16 послідовності RH\_D3, D4 та D7 були ідентичні одна одному і показав дві нуклеотидні невідповідності з RH137D14 c13-2, послідовністю, яка була створена протягом побудування RH фізичної карті в первісній заявці. Обидві послідовності розташовані у таксоні 2, який також містив *S. sucrense* послідовності 849-1\_M8, M18 та M20, а також *S. berthaultii* послідовності є 487-1, I4, I6 та I8 M20. Додатково, *S. tarijense* 852-5\_E3 присутня в таксоні 2. Оскільки RH89-39-16 чутливі до інфекції Рі, передбачається, що ці послідовності є неактивними гомологами. Дві інших послідовності, виділені з *S. tarijense* 852-5, знаходяться в таксоні 3, який також містив Rpi-chc1 ген. Додатково, три послідовності з рослин *S. berthaultii* 94-2031-1, 561-2, 324-2 були знайдені в цьому таксоні, які показали лише незначні відхилення послідовностей, та кодовані і ідентичні амінокислотні послідовності. Таксон 4 містить лише послідовності *S. berthaultii* рослин. Таксон 5 містив тільки



послідовності, які були визначені раніше, як у випадку групи, що залишилася, що має назву групи 6. Таксони 1 до 4 мали 45 а.а. N-кінцеве розширення кодованого білка в порівнянні з білками таксону 5 і групи 6. Послідовності в таксонах 2, 3 і 5 картували на R- генному кластері в межах 0,1 сМ до TG63. Жодні послідовності в таксонах 1 і 4 були генетично картовані. Порівняння з наявним на даний час геномом *S. phureja* послідовності показало, що послідовність таксонів 1 – 5 мала найближчу гомологію в TG63 кластері. Порівняння з томатним геномом показало, що і у цій заявці існував Rpi-chc1 кластер у районі TG63. Як було показано вище, в цьому генетичному розташуванні був картований Pi резистентний ген до Ph-2. Деякі рослини томата, які були секвеновані та не мають Ph-2 резистентного гена, але потенційно неактивний алель, можуть бути присутніми (Фігура 13). Група 6 послідовностей мала найближчу гомологію до родинного R-генного кластера біля TG403 на хромосомі 10, ділянці, де ми також картували Pi резистентність (див. Фігуру 6), показуючи, що також Rpi-chc1 гомологічні послідовності з цієї групи потенційно кодують Pi резистентність.

#### Функціональний аналіз Rpi-chc1 гомологів

На даний час нами було виявлено 21 нових Rpi-chc1 гомологів, і ми показали відмінність послідовностей, виникає питання щодо функціональності – консервативна вона чи диверсифікована серед послідовностей. Усі виявлені послідовності, які є ORF, субклонували із застосуванням рекомбінації потрійної вхідної точки під контролем Rpi-chc1 короткого промотору і Rpi-chc1 термінатору в бінарному векторі pDEST236. За результатами, представленими на Фігурі 10, вважалося найкращим групувати для запуску експресії вироблених Rpi-chc1 гомологів. Послідовно, конструкти були трансформовані до *A. tumefaciens* штаму COR308 для аналізів перехідної комплементції *N. benthamiana*. Альтернативно, для спільної експресії зі спорідненим Pi ефектором RD12, Rpi-chc1 гомологи були трансформовані на *A. tumefaciens* штам AGL1+Virg. Обидва експерименти доповнюють один одного, так як аналіз перехідної комплементції може показати, чи є Rpi-chc1 може викликати резистентність, спільна інфільтрація може свідчити про специфічність розпізнавання гена. Всі експерименти були повторені принаймні двічі, і результати наведені в Таблиці 9. Кілька комбінацій RD12 чутливості та IPO-C резистентності можуть спостерігатися. Можуть бути виділені дві чіткі групи. Перша група не реагує на RD12 та чутлива до IPO-C (1-а група, Таблиця 9). Ці послідовності неактивних гомологів і, головним чином знаходяться в філогенетичному таксоні 1 (Фігура 12). Друга група (група 2, Таблиця 9) є функціональними гомологами Rpi-chc1, так як вони активно викликають резистентності Pi і вони розпізнають такий самий компонент Pi (RD12). Послідовності цієї групи також явно відрізняється від інших послідовностей, так як вони все знаходяться в таксоні 3 (Фігура 12). *S. tarijense* 852-5 клон E28 викликає HR у відсутності RD12 і в цьому сенсі унікальний в своїй активності і являє собою модель активності групи 3. Так як він не викликає резистентності, швидше за все це неактивний алель. Інший алель тієї ж рослини (клон E14) не розпізнає RD12, але викликає сильну резистентність. Активність групи 4, отже, відмінна від 2-ї групи, тому що, швидше за все, розпізнає другий компонент Pi. Активність групи 5 дуже схожа на групу 4, з тією лише різницею, що резистентність до хвороб не така сильна. Це означає, що і група 5 розпізнає різні компоненти Pi і буде мати інший спектр резистентності. Остання група (група 6) відрізняється, оскільки RD12 слабо визнані, а також резистентність слабка. Підсумовуючі, ці дані показують, що найбільш близькородинні Rpi-chc1 гомологи мають консервативний механізм резистентності, в той час як менш близькородинні послідовності мають більш диверсифікований механізм резистентності. В цілому, ці дані показують, що велика кількість членів Rpi-chc1 сімейства генів, з різним ступенем подібності, є функціональною при забезпеченні резистентності проти Pi.

Таблиця 5

Характеристики *P. infestans* ізолятів, використаних у даному дослідженні, та їх взаємодія з chc, ber та tar зразками. R є резистентним, S є чутливим та nd – не визначено

Ідентифікаційний номер ізоляту	Колекція	Країна походження	Рід	Фенотип 543-5	Фенотип 481-3	Фенотип 94-2031	Фенотип 852-5
EC1 <sup>a</sup>		Ecuador	3.4.7.11	R	R	R	R
3128-A	SCRI			R	R	nd	R
51368	PHYTO			R	R	R	R
80029	PHYTO			R	R	nd	R
88069	SCRI			R	R	R	R

Продовження таблиці 5

Ідентифікаційний номер ізоляту	Колекція	Країна походження	Рід	Фенотип 543-5	Фенотип 481-3	Фенотип 94-2031	Фенотип 852-5
88133	PHYTO			R	R	R	R
89094	PHYTO			R	R	R	R
91011	PHYTO			R	R	R	R
99177	Kessel, PRI, WUR (Flier et al., 2002)	1999, Metepec, Mexico	2.7	R	R	R	R
99183	Kessel, PRI, WUR (Flier et al., 2002)	1999, Metepec, Mexico	1.3.7	R	R	S	R
99189	Kessel, PRI, WUR (Flier et al., 2002)	1999, Metepec, Mexico	1.3.4.7.8.10	R	R	nd	R
CA-65	SCRI			R	R	nd	R
EC3364	PHYTO			R	R	R	R
EC3425	PBR			R	R	R	R
IPO-0(87000)	Kessel, PRI, WUR	Netherlands	0	R	R	R	R
NL05-194	PHYTO			R	nd	S	S
SC95.173.2	SCRI			R	R	R	R
SC96.9.5.1	SCRI			R	R	R	R
UK7818	PHYTO			R	R	R	R
UK7824	PHYTO			R	R	R	R
US580	PHYTO			R	R	R	R
90128 <sup>a, b</sup>	PHYTO	1990, Geldrop, The Netherlands	1.3.4.7.8.11	R	R	R	R
H30P04 <sup>a</sup>		The Netherlands	7	R	R	R	R
IPO-C <sup>a</sup>	Kessel, PRI, WUR	1990, Belgium	1.2.3.4.6.7.10.11	R	R	R	R

<sup>a</sup>картопля-хазяїн, <sup>b</sup>спарений тип A1

Таблиця 6

R-гени та кількісні локуси ознак для повідомлених резистентностей до фітофтори  
Для диких Solanum видів

Дикий вид	Тип чи назва локусу	Також відомий як	Хромосома	клоновано	Посилання
S. berthaultii	QTLs (4)		I, III, VII та XI		
	Rpi-ber		X		(Rauscher et al., 2006)
	Rpi-ber1		X		(Park et al.)
	Rpi-ber2		X		(Park et al.)
S. bulbocastanum	RB/Rpi-blb1	RB	VIII	так	(Song et al., 2003; van der Vossen et al., 2003)
	Rpi-blb2		VI	так	Van der Vossen et al. 2005
	Rpi-blb3		IV	так	(Park et al., 2005a)
S. caripense	QTL (2)		непризначено		

Продовження таблиці 6

Дикий види	Тип чи назва локусу	Також відомий як	Хромосома	клоновано	Посилання
<i>S. demissum</i>	R1		V	так	(Ballvora et al., 2002)
	R2		IV	так	(Park et al., 2005b)
	R3, R6, R7		XI	так	
	R3a		XI	так	(Huang et al., 2005)
	R3b		XI		
	R5 – R11		XI		
	R10, R11		XI		(Bradshaw et al., 2006)
<i>S. microdontum</i>	QTLs (3)		IV, V та X		(Tan et al., 2008)
	QTL		Непризначено		
<i>S. mochiquense</i>	Rpi-mcq1	(Rpi-moc1)	IX	так	
<i>S. papita</i>	Rpi-pta1		VIII	так	(Vleeshouwers et al., 2008)
<i>S. paucisectum</i>	QTLs (3)		X, XI and XII		
<i>S. phureja</i>	Rpi-phu1		IX		
<i>S. pinnatisectum</i>	Rpi-pnt1	(Rpi1)	VII		(Kuhl et al., 2001)
<i>S. stoloniferum</i>	Rpi-sto1		VIII	так	(Wang et al., 2008)
<i>S. venturii</i>	Rpi-vnt1.1	Rpi-phu1	IX	так	Foster et al. 2009
	Rpi-vnt1.3		IX	так	Pel et al. 2009
<i>S. vernei</i>	QTLs (several)		VI, VIII, IX	так	
Hybrids with <i>S. tuberosum</i>	Rpi-abpt		IV	так	Lokosou et al. 2009
	R2-like		IV	так	(Park et al., 2005b)

Таблиця 7

Генотипи, піддані скринінгу на Rpi-chc1 родинні послідовності. Таксономічні групи відносяться до перегрупування *Solanum* сегменту petota (Jacobs et al., 2008)

Код генотипу	Три основні групи	Три підгрупи	Вид, номер доступу
4-11	10	12	arnezii PI545880
98-1	10	12	yungasense PI614703
109-1	10	16	aracc-papa GLKS82
110-1	10	16	aracc-papa GLKS81
110-4	10	16	
111-1	10	12	arnezii GLKS2832
114-5	10	16	astleyi GLKS2836
123-2	10	16	candolleianum GLKS2175
142-4	10	17	curtilobum GLKS5346
144-3	10	16	doddsii GLKS2882
144-5	10	16	doddsii GLKS2882
165-2	10	16	species GLKS1512
171-2	10	16	
187-2	10	17	morelliforme BGRC7200
194-1	10	17	ochranthum BGRC53684
194-3	10	17	ochranthum BGRC53684
194-22	10	17	species BGRC53684
194-23	10	17	species BGRC53684
194-25	10	17	species BGRC53684
200-4	10	17	phureja GLKS1467
201-3	10	17	phureja BGRC15481
203-2	10	17	phureja GLKS1455

Продовження таблиці 7

Код генотипу	Три основі групи	Три підгрупи	Вид, номер доступу
220-2	10	17	stenotomum goniocalyx GLKS2703
224-1	10	14	tarijense BGRC18324
235-1	10	17	tuberosum andigena GLKS5027
240-2	10	17	tuberosum andigena CPC3121E
243-1	10	17	tuberosum andigena GLKS4737
246-3	10	12	tundalomense GLKS2343
248-5	10	16	ugentii GLKS2887
257-3	10	14	alandiae BGRC10057
263-1	10	12	chacoense CPC5901
270-1	10	14	gandarillasii CPC7044
280-1	10	12	neocardenasii CPC7208
280-4	10	12	
281-1	10	16	neorossii CPC6047
281-2	10	16	
296-1	10	17	stenotomum CPC4741
322-3	10	14	berthaultii CGN20644
322-5	10	14	berthaultii CGN20644
322-6	10	14	berthaultii CGN20644
323-2	10	14	berthaultii CGN20650
323-3	10	14	berthaultii CGN20650
324-2	10	14	berthaultii CGN18042
338-1	10	14	chacoense CGN18248
338-2	10	14	chacoense CGN18248
346-2	10	14	gandarillasii CGN20560
347-2	10	13	gourlayi CGN17851
347-9	10	13	gourlayi CGN17851
351-8	10	16	hondelmannii CGN18106
352-2	10	16	hondelmannii CGN18182
352-6	10	16	hondelmannii CGN18182
352-8	10	16	hondelmannii CGN18182
357-5	10	16	leptophyes CGN18140
357-6	10	16	leptophyes CGN18140
356-8	10	16	leptophyes CGN18174
371-1	10	17	phureja CGN17667
371-7	10	17	phureja CGN17667
372-8	10	17	phureja CGN18301
381-4	10	16	raphanifolium CGN17753
384-2	10	16	sparsipilum CGN18154
384-5	10	16	sparsipilum CGN18154
382-2	10	16	sparsipilum CGN18225
382-5	10	16	sparsipilum CGN18225
383-2	10	16	sparsipilum CGN18230
383-3	10	16	sparsipilum CGN18230
383-4	10	16	sparsipilum CGN18230
383-5	10	16	
391-1	10	16	sucrense CGN18205
391-3	10	16	sucrense CGN18205
391-6	10	16	sucrense CGN18205
392-1	10	12	tarijense CGN17861
392-6	10	12	tarijense CGN17861
392-8	10	12	tarijense CGN17861
416-1	10	16	species CGN20580
454-3	10	17	ajanhuiri CGN22389

Продовження таблиці 7

Код генотипу	Три основі групи	Три підгрупи	Вид, номер доступу
455-1	10	16	alandiae CGN22349
457-5	10	14	alandiae BGRC28490
458-1	10	14	alandiae CGN20651
458-5	10	14	alandiae CGN20651
470-1	10	17	andreanum CGN17679
470-3	10	17	chacoense CGN17679
471-1	10	12	arnezii BGRC27309
472-3	10	16	astleyi CGN18207
475-4	10	16	astleyi CGN18211
475-22	10	16	astleyi CGN18211
478-25	10	16	avilesii CGN18256
477-1	10	16	avilesii CGN18255
477-4	10	16	avilesii CGN18255
477-5	10	16	brevicaule
478-2	10	16	avilesii CGN18256
494-3	10	14	berthaultii CGN18118
481-3	10	14	berthaultii CGN18190
483-1	10	14	berthaultii CGN20636
483-3	10	14	berthaultii CGN20636
486-2	10	14	berthaultii CGN22716
486-3	10	14	berthaultii CGN22716
487-1	10	14	berthaultii CGN20645
487-8	10	14	berthaultii CGN20645
488-1	10	14	berthaultii CGN18246
488-2	10	14	berthaultii CGN18246
489-1	10	14	berthaultii BGRC28496
491-1	10	14	berthaultii CGN22727
493-5	10	14	berthaultii CGN17823
493-7	10	14	berthaultii CGN17823
493-9	10	14	
496-1	10	16	
505-4	10	16	brevicaule CGN17841
509-1	10	16	brevicaule CGN22321
509-2	10	16	brevicaule CGN22321
544-11	10	14	chacoense CGN18365
550-3	10	12	chacoense BGRC24528
550-4	10	12	chacoense BGRC24528
543-1	10	14	chacoense BGRC63055
543-5	10	14	
545-1	10	12	chacoense CGN17702
547-1	10	12	
548-1	10	12	chacoense CGN18294
548-2	10	12	chacoense CGN18294
544-1	10	14	chacoense CGN18365
544-5	10	14	
561-2	10	14	berthaultii BGRC55178
561-3	10	14	chomatophilum BGRC55178
601-2	10	14	species BGRC55186
605-1	10	13	gourlayi CGN17591
606-1	10	13	gourlayi CGN18039
608-1	10	13	gourlayi BGRC17316
609-1	10	13	gourlayi CGN17592
609-5	10	13	gourlayi CGN17592

Код генотипу	Три основі групи	Три підгрупи	Вид, номер доступу
610-4	10	13	gourlayi CGN22336
611-1	10	13	gourlayi CGN21335
613-1	10	13	gourlayi pachytrichum CGN18176
613-2	10	13	gourlayi pachytrichum CGN18176
614-1	10	16	gourlayi pachytrichum BGRC27294
616-2	10	13	
616-4	10	13	gourlayi pachytrichum CGN18188
617-1	10	16	gourlayi pachytrichum BGRC7231
618-1	10	16	gourlayi pachytrichum BGRC28084
619-5	10	13	gourlayi vidaurrei CGN17848
620-1	10	13	gourlayi vidaurrei CGN17849
620-3	10	13	gourlayi vidaurrei CGN17849
622-1	10	13	gourlayi vidaurrei CGN17850
622-5	10	13	gourlayi vidaurrei CGN17850
624-1	10	16	gourlayi vidaurrei CGN17864
625-2	10	16	gourlayi vidaurrei CGN23024
626-2	10	16	gourlayi vidaurrei CGN23045
634-4	10	13	hawkesianum CGN17888
635-3	10	13	hawkesianum CGN17889
646-3	10	16	hondelmannii CGN18192
646-4	10	16	hondelmannii CGN18192
650-1	10	13	hoopesii CGN18363
650-3	10	13	hoopesii CGN18363
652-3	10	13	hoopesii CGN18368
653-5	10	13	hoopesii CGN18372
658-1	10	13	incamayoense CGN21320
658-4	10	13	incamayoense CGN21320
659-3	10	13	incamayoense CGN17874
660-1	10	13	incamayoense CGN17875
660-5	10	13	incamayoense CGN17875
661-1	10	13	incamayoense CGN17968
661-4	10	13	incamayoense CGN17968
662-1	10	13	incamayoense BGRC17334
664-1	10	13	infundibuliforme CGN17720
664-4	10	13	infundibuliforme CGN17720
665-4	10	16	infundibuliforme CGN23063
666-1	10	16	infundibuliforme CGN22334
666-4	10	16	infundibuliforme CGN22334
667-4	10	13	brevicaule
682-5	10	16	leptophyes CGN18167
683-5	10	16	leptophyes CGN20611
735-1	10	16	
735-2	10	16	neorossii CGN18280
735-4	10	16	neorossii CGN18280
742-1	10	15	okadae BGRC27158
747-1	10	16	oplocense CGN23049
750-1	10	16	oplocense CGN21352
750-2	10	16	
753-1	10	16	oplocense CGN21319
754-2	10	16	oplocense CGN17871
755-1	10	16	oplocense CGN18086
802-1	10	12	ruiz-lealii CGN18117
816-3	10	16	sparsipilum CGN18096

Продовження таблиці 7

Код генотипу	Три основі групи	Три підгрупи	Вид, номер доступу
816-5	10	16	sparsipilum CGN18096
818-8	10	16	sparsipilum CGN18221
819-2	10	16	sparsipilum CGN20653
819-4	10	16	sparsipilum CGN20653
821-1	10	16	sparsipilum CGN20602
821-3	10	16	sparsipilum CGN20602
821-4	10	16	sparsipilum CGN20602
827-1	10	16	spagazzinii CGN23015
829-3	10	17	stenotomum CGN18161
829-9	10	17	stenotomum CGN18161
843-4	10	16	sucrense CGN20628
844-1	10	16	sucrense CGN20630
844-3	10	16	sucrense CGN20630
843-5	10	16	sucrense CGN20628
844-7	10	16	sucrense CGN20630
845-6	10	16	sucrense CGN20631
846-1	10	16	sucrense CGN18187
846-6	10	16	sucrense CGN18187
849-1	10	16	sucrense CGN18206
849-2	10	16	sucrense CGN18206
849-6	10	16	sucrense CGN18206
852-5	10	14	tarijense CGN22729
853-4	10	14	tarijense BGRC27348
855-8	10	14	tarijense CGN18198
855-10	10	14	tarijense CGN18198
856-5	10	14	tarijense BGRC8232
859-3	10	14	tarijense CGN17975
863-2	10	14	tarijense BGRC18609
864-3	10	14	tarijense BGRC18610
864-21	10	14	tarijense BGRC18610
868-9	10	12	tarijense CGN18107
869-3	10	12	tarijense BGRC17022
870-3	10	14	tarijense CGN17978
876-1	10	14	tarijense BGRC17438
887-1	10	17	tuberosum andigena CGN20614
891-1	10	16	ugentii CGN18364
927-1	10	16	virgultorum BGRC31203
928-1	10	16	virgultorum CGN17775
928-3	10	16	virgultorum CGN17775
987-3	10	16	

Таблиця 8. Праймери, використані у цьому дослідженні

Код праймеру	Застосування	послідовність	орієнтація	Tm
MN581	Маркерний скринінг зародкової плазми	GCGGAGAGTTTCGTGAATTG	F	61
MN582	Маркерний скринінг зародкової плазми	CCCACACATGTACAGGGAATG	R	61
MN585	Маркерний скринінг зародкової плазми	ACATCTCTCGTAAAGCTTAGAG	F	55
MN586	Маркерний скринінг зародкової плазми	ACAGATAATAATTTTCAACTGC	F	55
MN587	Маркерний скринінг зародкової плазми	ATTTGGGACATTCTGATATAAG	R	55
MN588	Маркерний скринінг зародкової плазми	CACTTTCATATTTGCTTATATC	F	55
MN589	Маркерний скринінг зародкової плазми	GACAATCACGTATCCACAGGAG GGGGACAAGTTTGTACAAAAAGCAGGCT	R	55
MN595	Rpi-chc1 розробка гомологів	<u>ATGAATTATTGTCTTCCTTCGAGTAC</u> GGGGACCACTTTGTACAAGAAAGCTGGGT	F	
MN597	Rpi-chc1 розробка гомологів	<u>TCAGAAAGTGAAAGAGAAACCGAG</u>	R	
MN598	Rpi-chc1 конструювання промотору	GGGGACAACCTTTGTATAGAAAAGTTG <u>ACGCATCAGGAAGAGAGGAG</u>	F	



MN599	Rpi-chc1 конструювання промотору	GGGGACTGCTTTTTTGTACAAACTTG <u>ATACAATCATTCAAACAGTAAT</u>	R
MN600	Rpi-chc1 конструювання термінатору	GGGGACAGCTTTCTTGTACAAAGTGG <u>GTCGCTTGCATTTT TAATTAG</u>	F
MN601	Rpi-chc1 конструювання термінатору	GGGGACAACCTTTGTATAATAAAGTTG <u>GCGGTTCCCTCTGTGAAACAC</u>	R
MN670	Rpi-chc1 конструювання промотору	GGGGACAACCTTTGTATAGAAAAGTTG <u>TGATTTGTTTTTCCTATTCCTGAC</u>	F
MN622	Rpi-chc1 секвенування гомологу	atgaattattgtcttcctc	
MN623	Rpi-chc1 секвенування гомологу	acacaaaatgatctttaatcc	
MN624	Rpi-chc1 секвенування гомологу	agagttgacggctatcaataag	
MN625	Rpi-chc1 секвенування гомологу	ttacaatgatgaacacatgaag	
MN626	Rpi-chc1 секвенування гомологу	gaggaataaatacatccagagg	
MN627	Rpi-chc1 секвенування гомологу	acaaagaaaaacatgaatggc	
MN628	Rpi-chc1 секвенування гомологу	gaagacgttgggcacaggt	
MN629	Rpi-chc1 секвенування гомологу	ttgtcacactgttttgag	
MN630	Rpi-chc1 секвенування гомологу	tgagatgagaaatatgataag	
MN631	Rpi-chc1 секвенування гомологу	tgataaagaagaggctcaaac	
MN632	Rpi-chc1 секвенування гомологу	gcaaagaaattccatcccttg	
MN633	Rpi-chc1 секвенування гомологу	cagactgtccattgttaaaaag	
MN634	Rpi-chc1 секвенування гомологу	aatctccattctctaggag	
MN635	Rpi-chc1 секвенування гомологу	atatcagaatgtcccaaattg	
MN636	Rpi-chc1 секвенування гомологу	aattgaggctctctcctctac	
MN637	Rpi-chc1 секвенування гомологу	cctcactaaattatggaacatg	
MN638	Rpi-chc1 секвенування гомологу	TGCAGGACGCATCAGGAAGAG	
MN639	Rpi-chc1 секвенування гомологу	ATAAGCCACAATGCAAATATAT	
MN640	Rpi-chc1 секвенування гомологу	ATTTAGTTACATTGTAACATC	
MN641	Rpi-chc1 секвенування гомологу	GAGAAAAAACATTAAGTCATAC	
MN642	Rpi-chc1 секвенування гомологу	TCTTTTAAATTTATTTTACTATAC	
MN643	Rpi-chc1 секвенування гомологу	CAAAATATCTTTTAGTACTAC	
MN644	Rpi-chc1 секвенування гомологу	TATGATGAATTGTTTTGTTTG	
MN645	Rpi-chc1 секвенування гомологу	CTCGAAATTTTATTAGTACC	
MN646	Rpi-chc1 секвенування гомологу	TGATATATATTGGGCCCGTG	
MN647	Rpi-chc1 секвенування гомологу	ATCTATAACTCACACCTCTC	
MN648	Rpi-chc1 секвенування гомологу	TTGAATGATGGCTATGGCTTG	
MN649	Rpi-chc1 секвенування гомологу	GTTTTTAAATTCTGTATTGCG	
MN650	Rpi-chc1 секвенування гомологу	TTATTATTGTGAAGTTAGAAG	
MN651	Rpi-chc1 секвенування промотору	AGTTTTATAGAGAGGCTCTG	
MN652	Rpi-chc1 секвенування промотору	AAGCGCGAATAAGTTCTCTTG	

Таблиця 9

Функціональний аналіз заново ідентифікованих гомологів Rpi-chc1.  
 У стовпчику з RD12 чутливістю R означає чутливий, N означає не чутливий, \* означає аутоактивацію, r означає слабку чутливість. У стовпчику IPO-C чутливістю, R означає сильну резистентність, r означає слабку резистентність, S означає чутливий.

клон	генотип	RD12 чутливість	IPO-C резистентність	Група активності
J2	324-2	N	S	1
J8	324-2	R	R	2
I6	487-1	N	r	5
F1	493-5	N	S	1
G2	493-7	N	S	1
G19	493-7	r	r	6
G10	493-7	N	S	1
G12	493-7	N	S	1
G14	493-7	nd	r	
H11	493-9	N	S	1
H5	493-9	r	R	2
C2	543-5	N	r	5
K30	561-2	N	r	5
K4	561-2	R	R	2
M8	849-1	r	r	6
E30	852-5	N	S	1
E28	852-5	R*	S	3
E14	852-5	N	R	4
L4	94-2031	R	R	2

## Посилання

- 5 Armstrong, M.R., Whisson, S.C., Pritchard, L., Bos, J.I.B., Venter, E., Avrova, A.O., Rehmany, A.P., Böhme, U., Brooks, K., Cherevach, I., Hamlin, N., White, B., Fraser, A., Lord, A., Quail, M.A., Churcher, C., Hall, N., Berriman, M., Huang, S., Kamoun, S., Beynon, J.L. and Birch, P.R.J. (2005) An ancestral oomycete locus contains late blight avirulence gene Avr3a, encoding a protein that is recognized in the host cytoplasm. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 102, 7766-7771.
- 10 Ballvora, A., Ercolano, M.R., Weiss, J., Meksem, K., Bormann, C.A., Oberhagemann, P., Salamini, F. and Gebhardt, C. (2002) The R1 gene for potato resistance to late blight (*Phytophthora infestans*) belongs to the leucine zipper/NBS/LRR class of plant resistance genes. *Plant J.*, 30, 361-371.
- 15 Bendahmane, A., Farnham, G., Moffett, P. and Baulcombe, D.C. (2002) Constitutive gain-of-function mutants in a nucleotide binding site-leucine rich repeat protein encoded at the Rx locus of potato. *Plant J.*, 32, 195-204.
- 20 Bradshaw, J.E., Bryan, G.J., Lees, A.K., McLean, K. and Solomon-Blackburn, R.M. (2006) Mapping the R10 and R11 genes for resistance to late blight (*Phytophthora infestans*) present in the potato (*Solanum tuberosum*) R-gene differentials of Black Theor. Appl. Genet., 112, 744-751.
- 25 Brugmans, B., Wouters, D., van Os, H., Hutten, R.C.B., van der Linden, G., Visser, R.G.F., van Eck, H.J. and van der Vossen, E.A.G. (2008) Genetic mapping and transcription analyses of resistance gene loci in potato using NBS profiling. *Theor Appl Genet*, 117, 1379-1388.
- 30 Foster, S.J., Park, T.H., Pel, M., Brigneti, G., Sliwka, J., Jagger, L., van der Vossen, E.A.G. and Jones, J.D. (2009) Rpi-vnt1.1, a Tm-2(2) Homolog from *Solanum venturii*, Confers Resistance to Potato Late Blight. *Mol. Plant Microbe Interact.*, 22, 589-600.
- Gao, H., Narayanan, N.N., Ellison, L. and Bhattacharyya, M.K. (2005) Two Classes of Highly Similar Coiled-Coil-Nucleotide Binding-Leucine Rich Repeat Genes Isolated from the Rps1-k Locus Encode *Phytophthora* Resistance in Soybean. *Mol. Plant Microbe Interact.*, 18, 1035-1045.
- Haas, B.J., Kamoun, S., Zody, M.C., Jiang, R.H., Handsaker, R.E., Cano, L.M., Grabherr, M., Kodira, C.D., Raffaele, S., Torto-Alalibo, T., Bozkurt, T.O., Ah-Fong, A.M., Alvarado, L., Anderson,

- V.L., Armstrong, M.R., Avrova, A., Baxter, L., Beynon, J., Boevink, P.C., Bollmann, S.R., Bos, J.I., Bulone, V., Cai, G., Cakir, C., Carrington, J.C., Chawner, M., Conti, L., Costanzo, S., Ewan, R., Fahlgren, N., Fischbach, M.A., Fugelstad, J., Gilroy, E.M., Gnerre, S., Green, P.J., Grenville-Briggs, L.J., Griffith, J., Grunwald, N.J., Horn, K., Horner, N.R., Hu, C.H., Huitema, E., Jeong, D.H., Jones, A.M., Jones, J.D., Jones, R.W., Karlsson, E.K., Kunjeti, S.G., Lamour, K., Liu, Z., Ma, L., Maclean, D., Chibucos, M.C., McDonald, H., McWalters, J., Meijer, H.J., Morgan, W., Morris, P.F., Munro, C.A., O'Neill, K., Ospina-Giraldo, M., Pinzon, A., Pritchard, L., Ramsahoye, B., Ren, Q., Restrepo, S., Roy, S., Sadanandom, A., Savidor, A., Schornack, S., Schwartz, D.C., Schumann, U.D., Schwessinger, B., Seyer, L., Sharpe, T., Silvar, C., Song, J., Studholme, D.J., Sykes, S., Thines, M., van de Vondervoort, P.J., Phuntumart, V., Wawra, S., Weide, R., Win, J., Young, C., Zhou, S., Fry, W., Meyers, B.C., van West, P., Ristaino, J., Govers, F., Birch, P.R., Whisson, S.C., Judelson, H.S. and Nusbaum, C. (2009) Genome sequence and analysis of the Irish potato famine pathogen *Phytophthora infestans*. *Nature*, 461, 393-398.
- Huang, S., van der Vossen, E.A.G., Kuang, H., Vleeshouwers, V.G.A.A., Zhang, N., Borm, T.J., van Eck, H.J., Baker, B., Jacobsen, E. and Visser, R.G.F. (2005) Comparative genomics enabled the isolation of the R3a late blight resistance gene in potato. *Plant J.*, 42, 251-261.
- Jacobs, M.M., van den Berg, R.G., Vleeshouwers, V.G., Visser, M., Mank, R., Sengers, M., Hoekstra, R. and Vosman, B. (2008) AFLP analysis reveals a lack of phylogenetic structure within *Solanum* section *Petota*. *BMC evolutionary biology*, 8, 145.
- Jansky, S. (2000) Breeding for disease resistance in potato. *Plant Breeding Rev.*, 19, 69-155.
- Jones, J.D. and Dangl, J.L. (2006) The plant immune system. *Nature*, 444, 323-329.
- Joobeur, T., King, J.J., Nolin, S.J., Thomas, C.E. and Dean, R.A. (2004) The *Fusarium* wilt resistance locus Fom-2 °F melon contains a single resistance gene with complex features. *Plant J.*, 39, 283-297.
- Kuhl, J.C., Hanneman, R.E., Jr. and Havey, M.J. (2001) Characterization and mapping of Rpi1, a late-blight resistance locus from diploid (1EBN) Mexican *Solanum pinnatisectum*. *Mol. Genet. Genomics*, 265, 977-985.
- Lokossou, A.A., Park, T.H., van Arkel, G., Arens, M., Ruyter-Spira, C., Morales, J., Whisson, S.C., Birch, P.R., Visser, R.G., Jacobsen, E. and van der Vossen, E.A. (2009) Exploiting knowledge of R/Avr genes to rapidly clone a new LZ-NBS-LRR family of late blight resistance genes from potato linkage group IV. *Mol. Plant Microbe Interact.*, 22, 630-641.
- Moreau, P., Thoquet, P., Olivier, J., Laterrot, H. and Grimsley, N. (1998) Genetic Mapping of Ph-2, a Single Locus Controlling Partial Resistance to *Phytophthora infestans* in Tomato. *Mol. Plant Microbe Interact.*, 11, 259-269.
- Park, T.H., Foster, S.J., Brigneti, G. and Jones, J.D.G. (2008) Two distinct potato late blight resistance genes from *Solanum berthaultii* are located on chromosome 10. *Euphytica*.
- Park, T.H., Gros, J., Sikkema, A., Vleeshouwers, V.G.A.A., Muskens, M., Allefs, S., Jacobsen, E., Visser, R.G.F. and van der Vossen, E.A.G. (2005a) The late blight resistance locus Rpi-bib3 from *Solanum bulbocastanum* belongs to a major late blight R gene cluster on chromosome 4 °F potato. *Mol. Plant Microbe Interact.*, 18, 722-729.
- Park, T.H., Vleeshouwers, V.G.A.A., Huigen, D.J., van der Vossen, E.A.G., van Eck, H.J. and Visser, R.G.F. (2005b) Characterization and high-resolution mapping of a late blight resistance locus similar to R2 in potato. *TAG. Theoretical and applied genetics*, 111, 591-597.
- Pel, M.A., Foster, S.J., Park, T.H., Rietman, H., van Arkel, G., Jones, J.D., Van Eck, H.J., Jacobsen, E., Visser, R.G.F. and Van der Vossen, E.A.G. (2009) Mapping and Cloning of Late Blight Resistance Genes from *Solanum venturii* Using an Interspecific Candidate Gene Approach. *Mol. Plant Microbe Interact.*, 22, 601-615.
- Rauscher, G.M., Smart, C.D., Simko, I., Bonierbale, M., Mayton, H., Greenland, A. and Fry, W.E. (2006) Characterization and mapping of RPi-ber, a novel potato late blight resistance gene from *Solanum berthaultii*. *Theor. Appl. Genet.*, 112, 674-687.
- Roupe van der Voort, J.N.A.M., Kanyuka, K., van der Vossen, E.A.G., Bendahmane, A., Mooijman, P., Klein-Lankhorst, R.M., Stiekema, W.J., Baulcombe, D.C. and Bakker, J. (1999) Tight physical linkage of the nematode resistance gene Gpa2 and the virus resistance gene Rx on a single segment introgressed from the wild species *Solanum tuberosum* subsp. *andigena* CPC 1673 into cultivated potato. *Mol. Plant Microbe Interact.*, 12, 197-206.
- Song, J., Bradeen, J.M., Naess, S.K., Raasch, J.A., Wielgus, S.M., Haberlach, G.T., Liu, J., Kuang, H., Austin-Phillips, S., Buell, C.R., Helgeson, J.P. and Jiang, J. (2003) Gene RB cloned from *Solanum bulbocastanum* confers broad spectrum resistance to potato late blight. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 100, 9128-9133.

- Tameling, W.I., Vossen, J.H., Albrecht, M., Lengauer, T., Berden, J.A., Haring, M.A., Cornelissen, B.J. and Takken, F.L. (2006) Mutations in the NB-ARC domain of I-2 that impair ATP hydrolysis cause autoactivation. *Plant Physiol.*, 140, 1233-1245.
- 5 Tan, M.Y., Hutten, R.C., Celis, C., Park, T.H., Niks, R.E., Visser, R.G.F. and van Eck, H.J. (2008) The R(Pi-mcd1) locus from *Solanum microdontum* involved in resistance to *Phytophthora infestans*, causing a delay in infection, maps on potato chromosome 4 in a cluster of NBS-LRR genes. *Mol. Plant Microbe Interact.*, 21, 909-918.
- van der Biezen, E.A. and Jones, J.D. (1998) The NB-ARC domain: a novel signalling motif shared by plant resistance gene products and regulators of cell death in animals. *Curr. Biol.*, 8, R226-227.
- 10 van der Linden, C.G., Wouters, D.C., Mihalka, V., Kochieva, E.Z., Smulders, M.J. and Vosman, B. (2004) Efficient targeting of plant disease resistance loci using NBS profiling. *Theor. Appl. Genet.*, 109, 384-393.
- van der Vossen, E.A.G., Sikkema, A., Hekkert, B.L., Gros, J., Stevens, P., Muskens, M., Wouters, D., Pereira, A., Stiekema, W.J. and Allefs, S. (2003) An ancient R gene from the wild potato species *Solanum bulbocastanum* confers broad-spectrum resistance to *Phytophthora infestans* in cultivated potato and tomato. *Plant J.*, 36, 867-882.
- 15 van Os, H., Andrzejewski, S., Bakker, E., Barrena, I., Bryan, G.J., Caromel, B., Ghareeb, B., Isidore, E., de Jong, W., van Koert, P., Lefebvre, V., Milbourne, D., Ritter, E., van der Voort, J.N.A.M., Rousselle-Bourgeois, F., van Vliet, J., Waugh, R., Visser, R.G.F., Bakker, J. and van Eck, H.J. (2006) Construction of a 10,000-marker ultradense genetic recombination map of potato: providing a framework for accelerated gene isolation and a genomewide physical map. *Genetics*, 173, 1075-1087.
- 20 Vleeshouwers, V.G.A.A., Rietman, H., Krenek, P., Champouret, N., Young, C., Oh, S.K., Wang, M., Bouwmeester, K., Vosman, B., Visser, R.G.F., Jacobsen, E., Govers, F., Kamoun, S. and Van der Vossen, E.A.G. (2008) Effector genomics accelerates discovery and functional profiling of potato disease resistance and *phytophthora infestans* avirulence genes. *PLoS ONE*, 3, e2875.
- 25 Vleeshouwers, V.G.A.A., van Dooijweert, W., Paul Keizer, L.C., Sijpkens, L., Govers, F. and Colon, L.T. (1999) A laboratory assay for *Phytophthora infestans* resistance in various *Solanum* species reflects the field situation. *Eur. J. Plant Pathol.*, 105, 241-250.
- Wang, M., Allefs, S., van den Berg, R.G., Vleeshouwers, V.G.A.A., van der Vossen, E.A.G. and Vosman, B. (2008) Allele mining in *Solanum*: conserved homologues of Rpi-blb1 are identified in *Solanum stoloniferum*. *Theor. Appl. Genet.*, 116, 933-943.
- 30

<400> 3  
tgagaattta cagtggtttg ttgc 24

<210> 4  
<211> 24  
<212> ДНК  
<213> Штучний

<220>  
<223> праймер

<400> 4  
gatcaatcaa tcgatcataa cgtc 24

<210> 5  
<211> 20  
<212> ДНК  
<213> Штучний

<220>  
<223> праймер

<400> 5  
cgacccacc cctcatcctt 20

<210> 6  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> Штучний

<220>  
<223> праймер

<400> 6  
cgccaacata ttcgtgcttc a 21

<210> 7  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> Штучний

<220>  
<223> праймер

<400> 7  
cgtgagctaa gcatgaacac c 21

<210> 8  
<211> 22  
<212> ДНК  
<213> Штучний

<220>	
<223> праймер	
<400> 8	
gcacgtttct cataatccca tc	22
<210> 9	
<211> 23	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 9	
atgtgactcc gcattgcag ctc	23
<210> 10	
<211> 28	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 10	
atctcatctt attaactga ttcaaagc	28
<210> 11	
<211> 22	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 11	
gaacgcgaaa gaggctgat ag	22
<210> 12	
<211> 19	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 12	
cccgtgcct atggagagt	19

<210> 13	
<211> 22	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 13	
gtgcattacc ctgtatttt gc	22
<210> 14	
<211> 20	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 14	
tgggtcttg aagacagtg	20
<210> 15	
<211> 23	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 15	
ggccacgtat taacaatttt gag	23
<210> 16	
<211> 23	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 16	
gcatagcaat tgaagccta aac	23
<210> 17	
<211> 20	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	

<400> 17  
tgtttgacat cctccagcag 20

<210> 18  
<211> 20  
<212> ДНК  
<213> Штучний

<220>  
<223> праймер

<400> 18  
ctcagcttgg gcttgtttc 20

<210> 19  
<211> 20  
<212> ДНК  
<213> Штучний

<220>  
<223> праймер

<400> 19  
acattaaagg ctgcccacag 20

<210> 20  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> Штучний

<220>  
<223> праймер

<400> 20  
gcagttcgac aattttacgt c 21

<210> 21  
<211> 20  
<212> ДНК  
<213> Штучний

<220>  
<223> праймер

<400> 21  
tcaaggtggc attcttcaac 20

<210> 22  
<211> 20  
<212> ДНК  
<213> Штучний



<220>	
<223> праймер	
<400> 22	
aagcaaggac ttgcgattc	20
<210> 23	
<211> 20	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 23	
ttgctttgag ttgtgcctg	20
<210> 24	
<211> 20	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 24	
tatgcatcat catcgcaac	20
<210> 25	
<211> 20	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 25	
tgtttgatgc ttggtagtg	20
<210> 26	
<211> 21	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 26	
cagcgttgaa cactcaaat c	21

<210> 27	
<211> 20	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 27	
tggcctaaag ttgctgttg	20
<210> 28	
<211> 20	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 28	
tccaaccsaaa acatgagacg	20
<210> 29	
<211> 20	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 29	
ccccgaatga taagtccaac	20
<210> 30	
<211> 23	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 30	
tgaggcatag agaacaatct ttg	23
<210> 31	
<211> 20	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	

<400> 31	
ccccgaatga taagtccaac	20
<210> 32	
<211> 23	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 32	
tgaggcatag agaacaatct ttg	23
<210> 33	
<211> 31	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 33	
tttctctact gtctggcttg cttggggata c	31
<210> 34	
<211> 30	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 34	
gagctgcttc ttggacttt cttctgacct	30
<210> 35	
<211> 20	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 35	
aaaattgctg ccaaagaagc	20
<210> 36	
<211> 20	
<212> ДНК	
<213> Штучний	

<220>	
<223> праймер	
<400> 36	
agtccgatac gccaacctac	20
<210> 37	
<211> 22	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 37	
tctttgctag tcgttggtg ag	22
<210> 38	
<211> 20	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 38	
tgggtttccc aagttgaaag	20
<210> 39	
<211> 21	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 39	
gactctgccg tgattgctga a	21
<210> 40	
<211> 19	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 40	
caccgggaag acgctgttt	19

<210> 41  
 <211> 20  
 <212> ДНК  
 <213> Штучний  
  
 <220>  
 <223> праймер  
  
 <400> 41  
 acttgggaaa cccaggagag 20

<210> 42  
 <211> 20  
 <212> ДНК  
 <213> Штучний  
  
 <220>  
 <223> праймер  
  
 <400> 42  
 tttatgtcc tgggtcttg 20

<210> 43  
 <211> 25  
 <212> ДНК  
 <213> Штучний  
  
 <220>  
 <223> праймер  
  
 <400> 43  
 gatgcatatc atcaaattca atctc 25

<210> 44  
 <211> 19  
 <212> ДНК  
 <213> Штучний  
  
 <220>  
 <223> праймер  
  
 <400> 44  
 ctccggtgtt atcgacgtg 19

<210> 45  
 <211> 20  
 <212> ДНК  
 <213> Штучний  
  
 <220>  
 <223> праймер

<400> 45 catgcctttt tcttgggatg	20
<210> 46 <211> 20 <212> ДНК <213> Штучний	
<220> <223> праймер	
<400> 46 tggaaccctt ttaactgtgc	20
<210> 47 <211> 17 <212> ДНК <213> Штучний	
<220> <223> праймер	
<400> 47 tccaattgcc агасгаа	17
<210> 48 <211> 22 <212> ДНК <213> Штучний	
<220> <223> праймер	
<400> 48 tagagaaggc ccttgtaagt tt	22
<210> 49 <211> 20 <212> ДНК <213> Штучний	
<220> <223> праймер	
<400> 49 ctgcatcaac tggatattcc	20
<210> 50 <211> 19 <212> ДНК <213> Штучний	

<220>		
<223> праймер		
<400> 50		
gttgagcagt gcaatgtac	19	
<210> 51		
<211> 23		
<212> ДНК		
<213> Штучний		
<220>		
<223> праймер		
<400> 51		
aggcgcttct tattatcttt ctc	23	
<210> 52		
<211> 24		
<212> ДНК		
<213> Штучний		
<220>		
<223> праймер		
<400> 52		
accacaagca atcatttcta cacc	24	
<210> 53		
<211> 26		
<212> ДНК		
<213> Штучний		
<220>		
<223> праймер		
<400> 53		
ctaatycaac tytggatggc wgaagg	26	
<210> 54		
<211> 21		
<212> ДНК		
<213> Штучний		
<220>		
<223> праймер		
<400> 54		
actcgattct caaccgaaa g	21	

<210> 55	
<211> 24	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 55	
ctaccamkyc gasaracaga ttcc	24
<210> 56	
<211> 25	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 56	
tggmckraga aamccttcwg ccatc	25
<210> 57	
<211> 23	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 57	
ccwarrccws ccatwccуac tat	23
<210> 58	
<211> 21	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 58	
catgagaaat gaaccctca c	21
<210> 59	
<211> 21	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	



<400> 59 aacgtgcaga ggtatttttg g	21
<210> 60 <211> 23 <212> ДНК <213> Штучний	
<220> <223> праймер	
<400> 60 ttttccacaa gaatagccaa gac	23
<210> 61 <211> 19 <212> ДНК <213> Штучний	
<220> <223> праймер	
<400> 61 atctgggctc atccgaatc	19
<210> 62 <211> 20 <212> ДНК <213> Штучний	
<220> <223> праймер	
<400> 62 ggccattgtt tgtgaaactg	20
<210> 63 <211> 20 <212> ДНК <213> Штучний	
<220> <223> праймер	
<400> 63 cgtcgggaag tctacattgc	20
<210> 64 <211> 20 <212> ДНК <213> Штучний	

<220>		
<223> праймер		
<400> 64		
tagggggtgt caaatgagc	20	
<210> 65		
<211> 22		
<212> ДНК		
<213> Штучний		
<220>		
<223> праймер		
<400> 65		
gctggaactt cacagtaaaa cc	22	
<210> 66		
<211> 25		
<212> ДНК		
<213> Штучний		
<220>		
<223> праймер		
<400> 66		
gatgcatatc atcaaatca atctc	25	
<210> 67		
<211> 19		
<212> ДНК		
<213> Штучний		
<220>		
<223> праймер		
<400> 67		
ctccggtgtt atcgacgtg	19	
<210> 68		
<211> 20		
<212> ДНК		
<213> Штучний		
<220>		
<223> праймер		
<400> 68		
tcaaggtggc attcttcaac	20	

<210> 69	
<211> 20	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 69	
aagcaaggac ttgcgattc	20
<210> 70	
<211> 19	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 70	
ctaagggttc ctccgcaag	19
<210> 71	
<211> 20	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 71	
caaattggac cgaaccttg	20
<210> 72	
<211> 20	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 72	
cccgagatcc agtgaaattg	20
<210> 73	
<211> 24	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	

<400> 73 ggttctgaac tcacctatt cctc	24
<210> 74 <211> 20 <212> ДНК <213> Штучний	
<220> <223> праймер	
<400> 74 tagggggtgt caaatgagc	20
<210> 75 <211> 20 <212> ДНК <213> Штучний	
<220> <223> праймер	
<400> 75 atggcaaaac ggagttaggg	20
<210> 76 <211> 21 <212> ДНК <213> Штучний	
<220> <223> праймер	
<400> 76 ttgtgtacat tctatcccc g	21
<210> 77 <211> 18 <212> ДНК <213> Штучний	
<220> <223> праймер	
<400> 77 tggcgtatgc atcaatgg	18
<210> 78 <211> 20 <212> ДНК <213> Штучний	

<220>	
<223> праймер	
<400> 78	
ccccgaatga taagtccaac	20
<210> 79	
<211> 23	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 79	
tgaggcatag agaacaatct ttg	23
<210> 80	
<211> 21	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 80	
cgtgagctaa gcatgaacac c	21
<210> 81	
<211> 22	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 81	
gcacgtttct cataatccca tc	22
<210> 82	
<211> 20	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 82	
cgacccccacc cctcatcctt	20

<210> 83	
<211> 21	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 83	
cgccaacata ttcgtgcttc a	21
<210> 84	
<211> 20	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 84	
aaaattgctg cсааагааgс	20
<210> 85	
<211> 20	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 85	
agtccgatac гссаасctac	20
<210> 86	
<211> 23	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 86	
cgaactctga gattgggact atg	23
<210> 87	
<211> 26	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	

<400> 87	
cacgaataga acaataatag aaaaag	26
<210> 88	
<211> 26	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 88	
catgagaaat gaaccctca c	21
<210> 89	
<211> 21	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 89	
aacgtgcaga ggtattttg g	21
<210> 90	
<211> 23	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 90	
ttttccacaа gaatagccaа gac	23
<210> 91	
<211> 19	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 91	
atctgggctc atccgaatc	19
<210> 92	
<211> 20	
<212> ДНК	
<213> Штучний	

<220>	
<223> праймер	
<400> 92	
tagggggtgt caaatgagc	20
<210> 93	
<211> 22	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 93	
gctggaactt cacagtaaaa cc	22
<210> 94	
<211> 25	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 94	
gatgcatatc atcaaatca atctc	25
<210> 95	
<211> 19	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 95	
ctccggtgtt atcgacgtg	19
<210> 96	
<211> 24	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 96	
ctacaatga taaataagca aact	24



<210> 97  
 <211> 18  
 <212> ДНК  
 <213> Штучний  
  
 <220>  
 <223> праймер  
  
 <400> 97  
 aataggtgga gggaggac 18  
  
 <210> 98  
 <211> 19  
 <212> ДНК  
 <213> Штучний  
  
 <220>  
 <223> праймер  
  
 <400> 98  
 gaagcaaaca tcaataata 19  
  
 <210> 99  
 <211> 17  
 <212> ДНК  
 <213> Штучний  
  
 <220>  
 <223> праймер  
  
 <400> 99  
 ttcccctcaa atcatag 17  
  
 <210> 100  
 <211> 22  
 <212> ДНК  
 <213> Штучний  
  
 <220>  
 <223> праймер  
  
 <400> 100  
 ccgatttact attggtcat gc 22  
  
 <210> 101  
 <211> 20  
 <212> ДНК  
 <213> Штучний  
  
 <220>  
 <223> праймер

<400> 101 tcaaatttcg attggcttgc	20
<210> 102 <211> 20 <212> ДНК <213> Штучний	
<220> <223> праймер	
<400> 102 tgtttgacat cctccagcag	20
<210> 103 <211> 20 <212> ДНК <213> Штучний	
<220> <223> праймер	
<400> 103 ctcagcttgg gctttgttgc	20
<210> 104 <211> 34 <212> ДНК <213> Штучний	
<220> <223> праймер	
<400> 104 tgaccctgca ggggaccctc taacaagtga tgtg	3
<210> 105 <211> 33 <212> ДНК <213> Штучний	
<220> <223> праймер	
<400> 105 tgacggcgcg ccaaaaagtc ccgctttgat acc	3:
<210> 106 <211> 34 <212> ДНК <213> Штучний	

<220>  
 <223> праймер

<400> 106  
 tgaccctgca ggccccttaa caagtgatgt gatg 34

<210> 107  
 <211> 34  
 <212> ДНК  
 <213> Штучний

<220>  
 <223> праймер

<400> 107  
 tgacggcgcg cctcaggttc cttacaaga ttcc 34

<210> 108  
 <211> 32  
 <212> ДНК  
 <213> Штучний

<220>  
 <223> праймер

<400> 108  
 tgaccctgca ggacgcatca ggaagagagg ag 32

<210> 109  
 <211> 32  
 <212> ДНК  
 <213> Штучний

<220>  
 <223> праймер

<400> 109  
 tgacggcgcg ccgcggttcc tctgtgaaac ac 32

<210> 110  
 <211> 1302  
 <212> PRT  
 <213> Solanum chacoense

<400> 110

Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
 1 5 10 15

Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr

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

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

465            470            475            480  
  
 Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
                  485            490            495  
  
 Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
                  500            505            510  
  
 Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Leu Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
                  515            520            525  
  
 Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
                  530            535            540  
  
 Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
 545            550            555            560  
  
 Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp  
                  565            570            575  
  
 Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
                  580            585            590  
  
 Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
                  595            600            605  
  
 Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
 610            615            620  
  
 Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
 625            630            635            640  
  
 Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
                  645            650            655  
  
 Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
                  660            665            670  
  
 Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser Gly  
                  675            680            685  
  
 His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu

690	695	700			
Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val					
705	710	715	720		
Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn					
725	730	735			
Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys					
740	745	750			
Glu Glu Ala Gln Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys					
755	760	765			
Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn					
770	775	780			
Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr					
785	790	795	800		
Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser					
805	810	815			
Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys					
820	825	830			
Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His					
835	840	845			
Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Phe					
850	855	860			
Tyr Gly Val Glu Met Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln Val					
865	870	875	880		
Phe Pro Ser Leu Lys Lys Leu Val Leu Lys Asp Met Arg Ser Leu Ile					
885	890	895			
Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu					
900	905	910			
Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln					

915	920	925
Phe Glu Ile Leu Arg Gln Leu Lys Ile Thr Gly Val Asp Ser Glu Met		
930	935	940
Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Arg		
945	950	955 960
Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Met Leu Arg		
965	970	975
Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Ile Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe		
980	985	990
Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Arg Arg Leu		
995	1000	1005
Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn		
1010	1015	1020
Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Cys Leu His Asn		
1025	1030	1035
Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys		
1040	1045	1050
Arg Leu Val Phe Leu Asn Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val Ser		
1055	1060	1065
Phe Pro Val His Val Trp Glu Met Pro Ser Leu Ser Tyr Leu Leu		
1070	1075	1080
Ile Ser Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly Leu		
1085	1090	1095
His His Leu Thr Gly Leu Val Arg Leu Gly Ile Gly Pro Phe Ser		
1100	1105	1110
Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly Ile		
1115	1120	1125
Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg Gly		



1130	1135	1140
His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asp Leu		
1145	1150	1155
Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro Pro		
1160	1165	1170
Thr Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Val Arg		
1175	1180	1185
Cys Lys Gln Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro Lys		
1190	1195	1200
Leu Arg Leu Leu Trp Ile Arg Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala Leu		
1205	1210	1215
Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr Leu		
1220	1225	1230
His Asp Cys Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser Arg Asp Ala Met		
1235	1240	1245
Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Arg Ile Lys Gly Cys Pro		
1250	1255	1260
Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys Ile		
1265	1270	1275
Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr Ala		
1280	1285	1290
Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe		
1295	1300	
<210> 111		
<211> 1255		
<212> PRT		
<213> Solanum tuberosum		
<400> 111		
Met Ala Asp Pro Val Phe Ala Ala Thr Val Lys Val Leu Leu Asp Lys		
1	5	10 15

Leu Ile Ser Leu Thr Ile Lys Glu Ile Ser Ser Ser Arg Asp Phe Asn  
20 25 30

Glu Asp Leu Glu Met Leu Thr His Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe  
35 40 45

Leu His Asp Val Glu Thr Pro Gln Val Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu  
50 55 60

Gln Trp Leu Arg Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asn Ala Glu Asn Val  
65 70 75 80

Phe Asp Arg Phe Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Ile Asn Ile  
85 90 95

Arg Asn Ser Pro Met Lys Lys Val Ser Gly Phe Phe Ser His Thr Ala  
100 105 110

Phe Lys Ser Lys Met Ser Arg Lys Ile Asn Ser Ile Asn Lys Glu Leu  
115 120 125

Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala Lys Asp Leu Gly Leu His Ser Leu Ile  
130 135 140

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

Val Ala Ser Asp Val Val Gly Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys  
165 170 175

Glu Lys Ile Leu Lys Met Arg Glu Glu Asp Val Val Met Cys Thr Ile  
180 185 190

Pro Ile Val Gly Met Gly Gly Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg  
195 200 205

Ile Tyr Asn Asp Glu His Ile Lys Gln Ile Phe Glu Arg Arg Ile Trp  
210 215 220

Leu Cys Leu Pro Glu Met Ser Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile  
225 230 235 240

Leu Glu Ser Leu Thr Glu Arg Lys Val Glu Val Gln Arg Arg Asp Ile  
245 250 255

Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp Lys Leu Gly Gly Lys Asn Tyr Leu Leu  
260 265 270

Val Leu Asp Asp Leu Trp Cys Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe  
275 280 285

Val Asp Thr Leu Arg Gly Ile Asn Thr Ala Lys Gly Asn Cys Ile Leu  
290 295 300

Val Thr Thr Arg Met Lys Arg Val Ala Ser Thr Val Ala Ala Asp Leu  
305 310 315 320

His Met Leu Gly Lys Leu Thr Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Glu  
325 330 335

Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met  
340 345 350

Gly Asn Lys Ile Val Lys Met Cys His Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser  
355 360 365

Val Leu Gly Gly Leu Leu His Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala  
370 375 380

Ile Leu Asp Gly Ser Pro Leu Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu  
385 390 395 400

Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser  
405 410 415

Pro His Leu Lys Lys Cys Phe Ala Tyr Phe Ala Met Leu Pro Lys Asp  
420 425 430

Leu Met Phe Glu Lys Ala Gln Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly  
435 440 445

Phe Leu His Pro Cys Gln Glu Thr Thr Val Met Glu Asp Ile Gly Asn  
450 455 460

Asn Phe Phe Gln Leu Leu Leu Arg Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Val  
465 470 475 480

Leu Asp Glu His Asn Asn Ile Lys Tyr Cys Lys Met His Asp Leu Val  
485 490 495

His Asp Leu Ala Gly Asp Ile Phe Lys Ser Lys Ile Phe Asp Ser Lys  
500 505 510

Gly Asn Asp Gly Glu Lys Leu Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Trp Asp  
515 520 525

Ser Pro Ser Asp Gln Ile Asp Lys Ile Asn Glu Pro Gly Arg Leu Cys  
530 535 540

Thr Leu Phe Trp Arg Asn Asn Tyr Ile Ser Glu Asp Met Leu Leu Ser  
545 550 555 560

Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu Asn Leu Ser Arg Ser Gly Ile Lys Glu  
565 570 575

Leu Ser Ala Ser Ile Gly Lys Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Ile  
580 585 590

Ser Ser Thr Glu Ile Thr Ala Leu Pro His Ser Ile Cys Lys Leu Tyr  
595 600 605

Asn Leu Gln Thr Phe Arg Ala Asn Cys Cys Tyr Ser Leu Lys Glu Phe  
610 615 620

Pro Tyr Glu Met Gly Asn Met Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Phe Tyr  
625 630 635 640

Ser Ser Ser Gln Met Pro Leu Asn Leu Gly Gln Leu Thr Cys Leu Gln  
645 650 655

Thr Leu Gln Tyr Phe Asn Val Gly Leu Glu Lys Gly His Arg Ile Glu  
660 665 670

Glu Leu Gly Cys Leu Asn Asn Leu Arg Gly Glu Leu Ser Ile Asn Glu  
675 680 685

Leu Glu Leu Val Arg Ser Arg Glu Asp Ala Leu Thr Ala Tyr Leu Gln  
690 695 700

Glu Lys Ser Asn Ile Tyr Lys Leu Thr Tyr Leu Trp Ser His Gln Glu  
705 710 715 720

Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn Ala Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln  
725 730 735

Pro His Pro Tyr Leu Lys Thr Phe Glu Val Val Arg Tyr Leu Gly Thr  
740 745 750

Arg Phe Pro Ser Trp Phe Asn Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys  
755 760 765

Leu Lys Leu Ser Asn Cys Ser Ser Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly  
770 775 780

Gln Leu Lys Phe Leu Gln His Leu Glu Leu Val Gly Phe His Lys Leu  
785 790 795 800

Glu Cys Ile Gly Thr Thr Phe Tyr Gly Ile Glu Val Asn Asn Met Gly  
805 810 815

Ser Ser Ser Asn Asn Ala Ile Ile Gln Val Phe Leu Ser Leu Lys Glu  
820 825 830

Leu Val Leu Glu Asn Met Arg Ser Leu Ile Glu Trp Lys Gly Val Glu  
835 840 845

Leu Ile Pro Thr Thr Ser Gly Val Lys Met Phe Pro Val Leu Glu Lys  
850 855 860

Leu Arg Ile Arg Tyr Cys Pro Leu Leu Lys Ser Thr Pro Lys Gln Leu  
865 870 875 880

Glu Ile Leu Arg Glu Leu Ser Ile Glu Arg Val Asp Ser Glu Met Pro  
885 890 895

Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Phe Ser Val  
900 905 910

Ser Phe Val Lys Glu Leu Thr Cys Phe Pro Asp Glu Met Leu Arg Ser  
915 920 925

Asn Val Ser Leu Gln His Leu Ser Val Tyr Asn Cys Arg Glu Phe Arg  
930 935 940

Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Lys Ser Leu Met  
945 950 955 960

Ile Glu Tyr Cys Thr Asn Phe Ser Ser Phe Pro Val Pro Ser Gly Glu  
965 970 975

Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Gln Asn Leu Gln Leu Trp Ser Cys Gly Gly  
980 985 990

Leu Ala Ser Leu Pro Ser Gly Met Leu Glu Lys Cys Arg Ser Leu Gln  
995 1000 1005

Asn Leu Arg Val Asn Tyr Cys Asn Asn Leu Val Ser Phe Pro Leu  
1010 1015 1020

His Val Gly Asp Met Pro Ser Leu Ser Tyr Leu Ser Ile Ala His  
1025 1030 1035

Cys Pro Lys Leu Asp Ser Val Pro Thr Gly Gly Leu His His Leu  
1040 1045 1050

Thr Arg Leu Arg Glu Leu Glu Ile Gly Pro Val Ser Asp Met Val  
1055 1060 1065

Asp Phe Glu Ala Phe Gln Leu Thr Phe Asn Gly Ile Gln Gln Leu  
1070 1075 1080

Leu Ser Leu Arg Thr Leu Leu Val Phe Gly His Leu His Trp Asp  
1085 1090 1095

Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Ala Leu Thr His Ile  
1100 1105 1110

His Ile Cys Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro His Arg Leu Asp  
1115 1120 1125

Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ile Leu His Leu Val Arg Cys Lys Trp  
1130 1135 1140

Leu Gln His Val Asp Phe Ser Asp Ala Met Pro Lys Leu Arg Tyr  
1145 1150 1155

Leu Arg Ile Cys Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala Leu Ser Asp Ala  
1160 1165 1170

Phe Cys Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Arg Leu Glu Asn Cys  
1175 1180 1185

Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser Arg Glu Ala Met Arg Arg Leu  
1190 1195 1200

Thr Lys Leu Trp Tyr Leu Lys Ile Lys Gly Cys Pro Lys Leu Glu  
1205 1210 1215

Glu Ser Cys Asn Asn Arg Ser Gly Pro Asn Thr Gln Trp Ser Asn  
1220 1225 1230

Ile Ser His Ile Pro Lys Val Lys Val Gly Gly Ser Ile Ile Gln  
1235 1240 1245

Asp Leu His Lys Ser His Phe  
1250 1255

<210> 112  
<211> 1119  
<212> PRT  
<213> Solanum tuberosum

<400> 112

Met Ala Asp Pro Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Val Leu Glu Lys  
1 5 10 15

Leu Leu Ser Leu Thr Ile Glu Glu Ala Arg Asn Val Arg Asn Cys Lys  
20 25 30

Lys Asn Leu Arg Met Leu Ser Arg Tyr Val Thr Met Ile Gln Ala Phe  
35 40 45

Ile His Asp Ala Glu Arg Arg Gln Val Glu Asp Arg Ala Val Glu Glu  
50 55 60

Trp Leu Lys Met Leu Glu Arg Ile Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe  
65 70 75 80

Asp Lys Phe Thr Tyr Glu Ser Ile Lys Ala Lys Val Met Asn Asn Arg  
85 90 95

Ala Lys Leu Met Glu Lys Val Ser His Phe Phe Ser His Thr Ala Phe  
100 105 110

Lys Tyr Lys Met Ser Arg Lys Ile Asn Lys Ile Asn Glu Glu Leu Arg  
115 120 125

Asp Ile Asn Gln Leu Ala Asn Asn Leu Gly Leu Gln Ser Leu Thr Ala  
130 135 140

Pro Ser Arg Lys Ile Leu Gln Ile Arg Glu Thr Asp Ser Ala Val Val  
145 150 155 160

Pro Ser Asp Val Val Gly Arg Asp Lys Asp Val Ala Val Ile Lys Glu  
165 170 175

Lys Ile Leu Asn Met Arg Lys Asp Ala Val Leu Cys Thr Ile Pro Ile  
180 185 190

Val Gly Met Gly Gly Leu Gly Lys Thr Thr Leu Ala Lys Arg Ile Phe  
195 200 205

Asn Asp Gln His Ile Glu Lys His Phe Glu Asn Arg Ile Trp Leu Cys  
210 215 220

Leu Pro Glu Met Ser Glu Ile Lys Asn Phe Leu Glu Leu Ile Leu Glu  
225 230 235 240

Ser Leu Thr Glu Arg Lys Val Glu Val Gln Ser Arg Asp Ile Ile Val  
245 250 255

Lys Lys Leu Arg Ala Ala Leu Gly Glu Lys Gln Tyr Leu Leu Val Leu  
260 265 270



Asp Asp Leu Trp Arg Ala Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Leu Asp  
275 280 285

Thr Leu Arg Gly Ile Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr  
290 295 300

Thr Arg Ser Lys Gln Val Ala Ser Ile Val Ala Glu Asp Leu His Lys  
305 310 315 320

Leu Gly Lys Leu Thr Asp Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Arg  
325 330 335

Ala Phe Val Asp Gly Glu Val Pro Glu Glu Ile Leu Ser Val Glu Asn  
340 345 350

Lys Ile Val Glu Met Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Val Leu  
355 360 365

Gly Gly Leu Phe Cys Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu  
370 375 380

Asp Gly Ser Ser Leu Val Ala Ser Glu Asp Ser Ile Lys Asn Ile Leu  
385 390 395 400

Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe  
405 410 415

Ser Tyr Phe Ala Ile Phe Pro Lys Asp Phe Glu Phe Glu Lys Asp Gln  
420 425 430

Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Cys Gln Glu  
435 440 445

Thr Pro Val Met Glu Asp Val Gly Asn Lys Phe Phe Gln Leu Leu Leu  
450 455 460

Gln Tyr Ser Leu Leu Gln Asp Val Asn Leu Asp Lys Tyr Asn Asn Thr  
465 470 475 480

Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
485 490 495

Phe Lys Ser Lys Leu Phe Asp Gln Lys Ser Val Gly Gly Glu Ser Leu  
500 505 510

Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Trp Glu Ser Pro Ser Asp Gln Ile Asp  
515 520 525

Lys Ile Tyr Glu Pro Gly Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
530 535 540

His Ile Ser Glu Ala Met Leu Leu Ser Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
545 550 555 560

Asn Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Pro Ala Lys Ile Gly Lys  
565 570 575

Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Lys Ile Thr Ala  
580 585 590

Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Leu Arg Phe  
595 600 605

Tyr Ser Ile Trp Tyr Pro Leu Gly Lys Leu Pro Glu Glu Met Ala Asn  
610 615 620

Met Ile Ser Leu Arg His Ile Cys Cys Tyr His Phe Phe Glu Ser Asp  
625 630 635 640

Ser Gln Met Pro Leu Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu  
645 650 655

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

Gly Cys Leu Lys Asn Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Lys Arg Leu Gln  
675 680 685

Leu Val Gly Asn Lys Glu Glu Ala Arg Thr Ala Tyr Leu Gln Glu Lys  
690 695 700

Pro Asn Ile Tyr Lys Leu Val Tyr Ser Trp Ser His Asp Glu Ser Glu  
705 710 715 720

Gly Cys Glu Ile Asn His Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His  
725 730 735

Pro Asn Leu Lys Thr Leu Glu Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe  
740 745 750

Ala Ser Trp Phe Ser Glu Lys Met Leu Pro Asn Leu Val Met Leu Arg  
755 760 765

Leu Arg Gly Cys Lys Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu  
770 775 780

Lys Ser Leu Arg His Leu Glu Leu Ile Gly Phe Leu Glu Leu Glu Cys  
785 790 795 800

Ile Gly Pro Thr Phe Tyr Gly Val Asp Val Asn Asn Asn Gly Ser Ser  
805 810 815

Ser Asn Ile Gln Val Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Glu Leu Asn Asn  
820 825 830

Met Ser Ser Leu Ile Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met  
835 840 845

Phe Pro Arg Leu Glu Lys Leu Thr Ile Arg Asn Cys Pro Leu Leu Lys  
850 855 860

Ser Thr Pro Asn Gln Phe Glu Ile Leu Ser Glu Leu Val Ile Val Arg  
865 870 875 880

Val Asp Ser Glu Met Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Pro Ser  
885 890 895

Leu Val Glu Leu Glu Val Asp Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro  
900 905 910

Asp Glu Met Leu Arg Asn Asn Val Ser Leu Gln His Ile Ser Val Ser  
915 920 925

Asp Cys Arg Glu Phe His Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His  
930 935 940

Ser Leu Lys Arg Leu Thr Ile Asp Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Phe  
945 950 955 960

Pro Val Pro Ser Glu Glu Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Gln Glu Leu Arg  
965 970 975

Leu Leu Asp Cys Asp Gly Leu Ser Ser Leu Pro Ser Gly Met Leu Glu  
980 985 990

His Cys Arg Ser Leu Glu Thr Leu Ser Val Ser Cys Cys Asp Asn Leu  
995 1000 1005

Val Ser Phe Pro Leu His Val Gly Glu Met Pro Ser Leu Ser Tyr  
1010 1015 1020

Leu Tyr Ile Ser Gln Cys Pro Lys Leu Ile Ser Leu Pro Ser Gly  
1025 1030 1035

Gly Ile His His Leu Thr Glu Leu Ser Glu Leu Glu Ile Gly Pro  
1040 1045 1050

Phe Ser Glu Met Val Asp Phe Glu Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn  
1055 1060 1065

Gly Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Thr Leu Trp Val Tyr Gly  
1070 1075 1080

His Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Phe Met Gln Leu Ser  
1085 1090 1095

Gly Leu Thr Ser Glu Ser Arg Leu Phe Leu Ile Asp Leu Ala Thr  
1100 1105 1110

Leu Leu Leu Leu Glu Arg  
1115

<210> 113

<211> 1195

<212> PRT

<213> Solanum tuberosum

<400> 113

Met Ala Asp Pro Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys  
1 5 10 15

Leu Ile Ser Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn  
20 25 30

Lys Asp Leu Glu Met Leu Thr Gln Asn Ala Ser Leu Ile Gln Ala Phe  
35 40 45

Ile His Asp Val Glu Thr Pro Gln Val Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu  
50 55 60

Gln Trp Leu Tyr Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Gln Asn Val  
65 70 75 80

Phe Asp Arg Phe Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Arg Ser Ile  
85 90 95

Arg Asn Ser Pro Met Lys Lys Val Ser Gly Phe Phe Ser His Thr Ala  
100 105 110

Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu  
115 120 125

Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met  
130 135 140

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

Val Ala Ser Asp Val Val Gly Arg Asp Met Asp Val Ala Glu Ile Lys  
165 170 175

Glu Lys Ile Leu Lys Met Arg Glu Glu Asp Ala Val Leu Cys Thr Ile  
180 185 190

Pro Ile Val Gly Met Gly Gly Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg  
195 200 205

Ile Tyr Asn Asp Glu His Ile Lys Gln Ile Phe Glu Lys Arg Ile Trp  
210 215 220

Leu Cys Leu Pro Glu Met Ser Glu Ile Met Ile Phe Leu Glu Gln Ile  
225 230 235 240

Leu Glu Ser Leu Thr Glu Lys Lys Val Glu Val Gln Arg Arg Asp Ile  
245 250 255

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

Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg Leu Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe  
275 280 285

Val Asp Thr Leu Arg Gly Ile Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu  
290 295 300

Val Thr Thr Arg Met Lys Arg Val Ala Ser Thr Ile Ala Thr Asn Leu  
305 310 315 320

His Ile Leu Gly Lys Leu Thr Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys  
325 330 335

Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly Arg Val Pro Glu Glu Phe Ala Ser Met  
340 345 350

Gly Asn Lys Ile Val Lys Met Cys Glu Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser  
355 360 365

Val Leu Gly Gly Leu Leu Cys Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala  
370 375 380

Leu Leu Asp Gly Asn Pro Leu Ile Val Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu  
385 390 395 400

Asn Asn Ile Lys Lys Ile Leu Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser  
405 410 415

Pro Tyr Leu Lys Lys Cys Phe Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp  
420 425 430

Phe Lys Phe Glu Lys Asp Gln Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly  
435 440 445

Phe Leu His Pro Cys Gln Glu Thr Thr Val Met Glu Asp Ile Gly Asn  
450 455 460

Asn Phe Phe Arg Leu Leu Leu Arg Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Val  
465 470 475 480

Leu Asp Glu His Asn Asn Ile Lys Tyr Cys Lys Met His Asp Leu Val  
485 490 495

His Asp Leu Ala Gly Asp Ile Leu Lys Ser Lys Leu Phe Asp Arg Lys  
500 505 510

Gly Asn Asp Gly Glu Lys Leu Ser Gln Val Arg Tyr Cys Gly Trp Asp  
515 520 525

Ser Pro Ser Asp Gln Ile Gly Lys Ile Asn Glu Pro Gly Arg Leu Cys  
530 535 540

Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn Tyr Ile Ser Glu Asp Met Leu Leu Ser  
545 550 555 560

Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu Asn Leu Ser Ser Ser Gly Ile Phe Gly  
565 570 575

Leu Ser Asp Lys Ile Gly Lys Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Ile  
580 585 590

Ser Ser Thr Glu Ile Thr Ala Leu Pro His Ser Ile Cys Lys Leu Tyr  
595 600 605

Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val Asn Tyr Cys Tyr Ser Leu Lys Glu Phe  
610 615 620

Pro Tyr Glu Met Gly Asn Met Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Phe Tyr  
625 630 635 640

Ser Ser Ser Gln Met Pro Leu Asn Leu Gly Gln Leu Thr Cys Leu Gln  
645 650 655

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

Glu Leu Gly Arg Leu Lys Asn Leu Arg Gly Lys Leu Arg Ile Asn Gly  
675 680 685

Leu Gln Leu Val Arg Asp Arg Glu Glu Ala Arg Thr Ala Cys Leu Arg  
690 695 700

Glu Lys Leu Asn Ile Tyr Lys Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Glu Glu  
705 710 715 720

Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln  
725 730 735

Pro His Pro Asn Leu Lys Thr Phe Glu Val Lys Asn Tyr Leu Gly Thr  
740 745 750

Arg Phe Pro Ser Trp Phe Ser Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys  
755 760 765

Leu Lys Leu Ser Gly Cys Lys Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly  
770 775 780

Gln Leu Lys Phe Leu Arg His Leu Glu Leu Val Gly Phe His Lys Val  
785 790 795 800

Glu Cys Ile Gly Thr Ile Phe Tyr Gly Ile Glu Val Asn Asn Lys Gly  
805 810 815

Ser Ser Ser Asn Asn Gly Asn Ile Gln Val Phe Pro Leu Leu Lys Glu  
820 825 830

Leu Val Leu Glu Asp Met His Ser Leu Ile Glu Trp Lys Gly Val Glu  
835 840 845

Leu Ile Pro Thr Asn Gly Val Arg Met Phe Pro Gly Leu Glu Lys Leu  
850 855 860

Lys Ile Ser Asn Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln Phe Glu  
865 870 875 880

Ile Leu Arg Glu Leu Glu Ile Arg Val Val Asp Ser Glu Met Pro Leu  
885 890 895



Leu Asn Leu Phe Asn Asn Leu Thr Ser Leu Leu Glu Leu Arg Val Tyr  
900 905 910

Asp Val Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Met Leu Arg Asn Asn  
915 920 925

Leu Ser Leu Gln His Leu Ser Val Ser Tyr Cys Gly Glu Phe Arg Glu  
930 935 940

Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Lys Ser Leu Arg Ile  
945 950 955 960

Asp Asn Cys Thr Asn Phe Asn Phe Phe Pro Val Pro Lys Gly Glu Asn  
965 970 975

Tyr Leu Thr Ser Leu Gln Ser Leu Glu Leu Cys Tyr Cys Asp Gly Leu  
980 985 990

Thr Ser Leu Pro Ser Gly Leu Leu Glu His Cys Arg Ser Leu Glu Ser  
995 1000 1005

Leu Lys Val His Asn Cys Asn Asn Leu Val Ser Phe Pro Leu His  
1010 1015 1020

Val Cys Gly Met Pro Ser Leu Ser Tyr Leu Gly Leu Ser Gln Cys  
1025 1030 1035

Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Ser Gly Gly Leu His His Leu Thr  
1040 1045 1050

Arg Leu Arg Glu Ser His Ile Gly Pro Phe Ser Glu Met Val Asp  
1055 1060 1065

Phe Glu Ala Phe Gln Leu Met Phe Asn Gly Ile His Gln Leu Ser  
1070 1075 1080

Ser Leu Arg Thr Leu Glu Val Trp Gly His Leu His Trp Asp Ser  
1085 1090 1095

Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Ala Leu Lys Glu Ile Arg  
1100 1105 1110

Ile Tyr Gly Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro His Arg Phe Gly Asn  
1115 1120 1125

Leu Thr Ser Leu Glu Arg Leu His Leu Val Gly Cys Asn Arg Leu  
1130 1135 1140

Gln His Val Asp Phe Ser Asp Asp Met Pro Lys Leu Gln Leu Leu  
1145 1150 1155

Trp Ile Gln Asp Cys Leu Leu Leu Glu Asp Leu Ser Asn Gly Leu  
1160 1165 1170

Gly Asn Leu Val Thr Leu Gln Gln Leu Thr Leu Trp Asn Ser Lys  
1175 1180 1185

Lys Leu Glu His Leu Pro Cys  
1190 1195

<210> 114  
<211> 986  
<212> PRT  
<213> Solanum tuberosum

<400> 114

Met Ala Asp Pro Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Val Leu Glu Lys  
1 5 10 15

Leu Leu Ser Leu Thr Ile Glu Glu Ala Arg Asn Leu Arg Asn Cys Lys  
20 25 30

Lys Asn Leu Arg Met Leu Ser Arg Tyr Val Thr Met Ile Gln Ala Phe  
35 40 45

Ile His Asp Ala Glu Arg Arg Gln Val Glu Asp Lys Ala Val Glu Glu  
50 55 60

Trp Leu Lys Met Leu Glu Arg Ile Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe  
65 70 75 80

Asp Lys Phe Thr Tyr Glu Ser Ile Lys Ala Lys Val Met Asn Asn Arg  
85 90 95

Ala Lys Leu Met Glu Lys Val Ser His Leu Phe Ser His Thr Ala Phe

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

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

545 550 555 560

Leu Ser Gly Ser Asp Ile Lys Glu Leu Ser Ala Ser Ile Val Lys Leu  
565 570 575

Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Lys Met Asn Asp Arg  
580 585 590

Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Lys Met Asn Asp Leu Pro Asn Ser Ile  
595 600 605

Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Leu Arg Phe Tyr Cys Trp Tyr Pro  
610 615 620

Leu Arg Lys Leu Pro Glu Glu Met Ala Asn Met Ile Ser Leu Arg His  
625 630 635 640

Ile Cys Cys Tyr Gln Phe Phe Glu Ser Asp Phe Gln Met Pro Leu Asn  
645 650 655

Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Pro Phe Phe Tyr Val Gly  
660 665 670

Ser Glu Lys Gly Arg Arg Ile Glu Glu Leu Gly Cys Leu Lys Asn Leu  
675 680 685

Arg Gly Glu Leu Thr Ile Glu Arg Leu Gln Leu Val Gly Asn Lys Glu  
690 695 700

Glu Ala Arg Thr Ala Tyr Leu Gln Glu Lys Pro Asn Ile Tyr Lys Leu  
705 710 715 720

Val Tyr Ser Trp Ser His Asp Glu Pro Glu Gly Cys Glu Ile Asn His  
725 730 735

Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr Leu  
740 745 750

Glu Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Ala Ser Trp Phe Ser Glu  
755 760 765

Lys Met Leu Pro Asn Leu Val Met Leu Arg Leu Ser Gly Cys Lys Arg

770 775 780

Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Ser Leu Arg His Leu  
785 790 795 800

Gln Leu Ile Gly Phe Leu Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Thr Phe Tyr  
805 810 815

Gly Val Asp Val Asn Asn Asn Gly Ser Ser Ser Asn Ile Gln Val Phe  
820 825 830

Pro Ser Leu Lys Glu Leu Glu Leu Asn Asn Met Ser Ser Leu Ile Glu  
835 840 845

Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Phe Pro Arg Leu Glu Lys  
850 855 860

Leu Thr Ile Ser Asn Cys Pro Leu Leu Lys Ser Thr Pro Asn Gln Phe  
865 870 875 880

Glu Ile Leu Ser Glu Leu Val Ile Ala Arg Val Asp Ser Glu Met Pro  
885 890 895

Leu Leu Asn Leu Cys Ile Asn Leu Pro Ser Leu Val Glu Leu Gly Val  
900 905 910

Tyr Asp Ile Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Met Leu Arg Asn  
915 920 925

Asn Val Ser Leu Gln Arg Leu Met Val Ser Gly Cys Gly Glu Phe Arg  
930 935 940

Glu Leu Pro Gln Ser Val Tyr Asn Leu His Ser Leu Lys Arg Leu Thr  
945 950 955 960

Ile Glu Arg Cys Thr Asn Phe Ser Ser Phe Pro Val Pro Ser Glu Glu  
965 970 975

Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Gln Asp Leu Arg  
980 985

<210> 115

<211> 1553

<212> PRT

<213> Solanum tuberosum

<400> 115

Met Ala Asp Pro Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Val Leu Glu Lys  
1 5 10 15

Leu Leu Ser Leu Thr Ile Glu Glu Ala Arg Ser Leu Arg Asn Cys Lys  
20 25 30

Lys Asn Leu Arg Met Leu Ser Arg Tyr Val Thr Met Ile Gln Ala Phe  
35 40 45

Ile His Asp Ala Glu Arg Arg Gln Val Glu Glu Trp Leu Lys Met Leu  
50 55 60

Glu Arg Ile Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Lys Phe Thr Tyr  
65 70 75 80

Glu Ser Ile Lys Ala Lys Val Met Asn Asn Arg Ala Lys Leu Met Glu  
85 90 95

Lys Val Ser His Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Tyr Lys Met Ser  
100 105 110

Arg Lys Ile Asn Lys Ile Asn Glu Glu Leu Arg Asp Ile Asn Gln Leu  
115 120 125

Ala Asn Asn Leu Gly Leu Gln Ser Leu Thr Val Pro Ser Arg Lys Ile  
130 135 140

Leu Gln Ile Arg Glu Thr Asp Ser Ala Val Val Pro Ser Asp Val Val  
145 150 155 160

Gly Arg Asp Lys Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Asn Met  
165 170 175

Arg Lys Asp Ala Val Leu Cys Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
180 185 190

Leu Gly Lys Thr Thr Leu Ala Lys Arg Ile Phe Asn Asp Gln His Ile  
195 200 205

Glu Lys His Phe Glu Lys Arg Ile Trp Leu Cys Leu Pro Glu Met Ser  
210 215 220

Glu Ile Lys Ser Phe Leu Glu Leu Ile Leu Glu Ser Leu Thr Glu Arg  
225 230 235 240

Lys Val Glu Val Gln Ser Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Arg Asp  
245 250 255

Ala Leu Gly Glu Lys Gln Tyr Phe Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg  
260 265 270

Val Asp Tyr Thr Leu Trp His Glu Phe Leu Asp Thr Leu Arg Gly Ile  
275 280 285

Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Ser Lys Gln  
290 295 300

Val Ala Ser Ile Val Ala Ala Asp Leu His Lys Leu Gly Lys Leu Thr  
305 310 315 320

Asp Asp Gln Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Arg Ala Phe Val Asp Gly  
325 330 335

Glu Val Pro Glu Glu Ile Leu Ser Val Glu Asn Lys Ile Val Glu Met  
340 345 350

Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Val Leu Gly Gly Leu Phe Cys  
355 360 365

Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Ser Ser Leu  
370 375 380

Val Ala Ser Glu Asp Ser Ile Lys Asn Ile Leu Lys Leu Ser Tyr Asp  
385 390 395 400

Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe Ser Tyr Phe Ala Met  
405 410 415

Phe Pro Lys Asp Phe Lys Phe Glu Lys Asp Gln Leu Ile Gln Leu Trp  
420 425 430



Met Ala Glu Gly Thr Asp Ser Val Val Val Ala Ser Asp Val Val Gly  
435 440 445

Arg Asp Lys Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Thr Met Arg  
450 455 460

Asp Asp Ile Asp Leu Cys Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly Leu  
465 470 475 480

Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Val Phe Asn Asp Glu Gln Ile Glu  
485 490 495

Lys His Phe Glu Lys Arg Val Trp Leu Cys Leu Pro Glu Met Ser Glu  
500 505 510

Thr Lys Ser Phe Leu Glu Leu Ile Leu Glu Ser Leu Thr Glu Arg Lys  
515 520 525

Leu Glu Val Gln Ser Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Arg Asp Glu  
530 535 540

Leu Ala Gly Arg Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg Val  
545 550 555 560

Asp Pro Thr Leu Trp His Glu Phe Leu Asp Thr Leu Lys Gly Ile Asn  
565 570 575

Thr Thr Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Met Lys Leu Val  
580 585 590

Ala Ser Thr Val Ala Val Gly Leu His Met Leu Gly Lys Leu Ala Asp  
595 600 605

Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Arg Ala Phe Val Asp Gly Glu  
610 615 620

Val Pro Glu Glu Met Val Ile Met Glu Asn Arg Ile Val Glu Thr Cys  
625 630 635 640

Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Gly Val Leu Gly Gly Leu Ile Arg Asn  
645 650 655

Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Ser Asn Ser Leu Val  
660 665 670

Ala His Glu Asp Asp Leu Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu Lys  
675 680 685

Leu Ser Tyr Val Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe Ala  
690 695 700

Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Phe Glu Phe Glu Lys Asp Gln Leu  
705 710 715 720

Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Cys Gln Glu Thr  
725 730 735

Thr Val Met Glu Asp Val Gly Asn Lys Phe Phe Gln Leu Leu Leu Gln  
740 745 750

Tyr Ser Leu Leu Gln Asp Val Asn Leu Asp Glu Tyr Asn Asn Ile Thr  
755 760 765

His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile Phe  
770 775 780

Lys Ser Lys Leu Phe Asp Gln Lys Ser Val Gly Gly Glu Asn Leu Ser  
785 790 795 800

Gln Val Arg Tyr Phe Gly Trp Glu Ser Pro Ser Asp Gln Ile Asp Lys  
805 810 815

Ile Tyr Glu Pro Gly Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Lys Ser Asn Ile  
820 825 830

Ser Asp Asp Met Leu Leu Ser Phe Gln Phe Leu Arg Val Leu Asn Leu  
835 840 845

Ser Gly Ser Asp Ile Lys Glu Leu Ser Ala Ser Ile Val Lys Leu Ile  
850 855 860

Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Lys Met Asn Asp Gly Tyr  
865 870 875 880

Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Met Asn Asp Leu Pro Asn Ser Ile Cys  
885 890 895

Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Leu Arg Phe Tyr Ser Ser Trp Tyr Pro  
900 905 910

Leu Arg Lys Leu Pro Glu Glu Met Ala Asn Met Ile Ser Leu Arg His  
915 920 925

Ile Cys Cys Tyr His Phe Phe Glu Ser Asp Phe Gln Met Pro Leu Asn  
930 935 940

Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Pro Phe Phe Tyr Val Gly  
945 950 955 960

Ser Glu Lys Gly Arg Arg Ile Glu Glu Leu Gly Cys Leu Lys Asn Leu  
965 970 975

Arg Gly Glu Leu Thr Ile Glu Arg Leu Gln Leu Val Gly Asn Lys Glu  
980 985 990

Glu Ala Arg Thr Ala Tyr Leu Gln Glu Lys Pro Asn Ile Tyr Lys Leu  
995 1000 1005

Val Tyr Ser Trp Ser His Asp Glu Pro Glu Gly Cys Glu Ile Asn  
1010 1015 1020

His Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys  
1025 1030 1035

Thr Leu Glu Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Ala Ser Trp  
1040 1045 1050

Phe Ser Glu Lys Met Leu Ser Asn Leu Val Met Leu Arg Leu Ser  
1055 1060 1065

Gly Cys Lys Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys  
1070 1075 1080

Ser Leu Arg His Leu Gln Leu Ile Gly Phe Leu Glu Leu Glu Cys  
1085 1090 1095

Ile Gly Pro Thr Phe Tyr Gly Val Asp Val Asn Asn Asn Gly Ser  
1100 1105 1110

Ser Ser Asn Ile Gln Val Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Glu Leu  
1115 1120 1125

Asn Asn Met Ser Ser Leu Ile Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly  
1130 1135 1140

Val Arg Met Phe Pro Arg Leu Glu Lys Leu Thr Ile Ser Asn Cys  
1145 1150 1155

Pro Leu Leu Lys Ser Thr Pro Asn Gln Phe Glu Ile Leu Arg Glu  
1160 1165 1170

Leu Glu Ile Val Met Val Asp Ser Glu Met Pro Leu Leu Asn Leu  
1175 1180 1185

Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Gly Leu Ser Val His Asp Ile  
1190 1195 1200

Lys Glu Leu Thr Cys Phe Pro Asp Glu Met Leu Arg Asn Lys Val  
1205 1210 1215

Ser Leu Gln Asn Leu Val Val Ser Gly Cys Gly Glu Phe His Glu  
1220 1225 1230

Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Lys Thr Leu Lys  
1235 1240 1245

Ile Thr Arg Cys Ala Asn Phe Asn Ser Phe Pro Val Pro Ser Gly  
1250 1255 1260

Glu Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Gln His Leu Gln Leu Arg Asp Cys  
1265 1270 1275

Glu Gly Leu Ser Ser Leu Pro Ser Gly Met Leu Glu His Cys Arg  
1280 1285 1290

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

Phe Pro Leu His Val Gly Glu Met Pro Ser Leu Ser Tyr Leu Asn  
1310 1315 1320

Ile Ser Arg Cys Pro Lys Leu Ile Ser Leu Pro Ser Gly Gly Ile  
1325 1330 1335

Asp His Leu Thr Glu Leu Ser Glu Leu Lys Ile Gly Pro Phe Ser  
1340 1345 1350

Glu Met Val Asp Phe Glu Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly Ile  
1355 1360 1365

Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Thr Leu Thr Val Tyr Gly His Gly  
1370 1375 1380

His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Phe Met Gln Leu Ser Gly Leu  
1385 1390 1395

Thr Ala Ile His Ile Cys Gly Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro His  
1400 1405 1410

Arg Phe Gly Asn Leu Thr Ser Leu Glu Thr Leu Met Leu Leu Arg  
1415 1420 1425

Cys Lys Arg Leu Gln Asn Leu Asp Phe Ser Tyr Val Met Pro Lys  
1430 1435 1440

Leu Gln Tyr Leu Phe Val Tyr Glu Ser Pro Leu Leu Glu Ala Leu  
1445 1450 1455

Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Thr Leu Glu Leu Leu His Leu  
1460 1465 1470

Glu Asn Cys Glu Lys Leu Glu Tyr Leu Pro Ser Arg Asp Thr Met  
1475 1480 1485

Arg His Leu Lys Lys Leu Gln Ser Leu Gln Ile Asn Gly Cys Pro  
1490 1495 1500

Lys Leu Glu Glu Ser Cys Thr Asn Arg Ser Gly Pro Asn Ser Gln  
1505 1510 1515

Trp Ser Asn Ile Ser His Ile Gln Arg Ile Glu Val Gly Arg Ile  
1520 1525 1530

Pro Leu Tyr Gln Cys Leu Ser Lys Ser Leu Phe Leu Phe Gln Phe  
1535 1540 1545

Pro Ser Arg Ile Phe  
1550

<210> 116  
<211> 985  
<212> PRT  
<213> Solanum tuberosum

<400> 116

Met Ala Asp Pro Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Val Leu Glu Lys  
1 5 10 15

Leu Leu Ser Leu Thr Ile Glu Glu Val Lys Arg Leu Gly Asn Cys Lys  
20 25 30

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

Ile His Asp Ala Glu Arg Arg Gln Val Glu Asp Gln Val Val Glu Gln  
50 55 60

Trp Leu Lys Met Leu Glu Arg Val Thr Glu Asn Ala Glu Asn Val Phe  
65 70 75 80

Asp Glu Phe Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Arg Gln Val Lys Ile Arg Asn  
85 90 95

Asn Pro Met Lys Lys Val Ser Asp Phe Phe Ser His Thr Asp Phe Lys  
100 105 110

Arg Arg Met Ser Arg Lys Ile Asn Asn Ile Asn Glu Glu Leu Arg Ala  
115 120 125

Ile Asn Lys Leu Ala Asn Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro  
130 135 140

Pro Arg Gln Ile Leu Pro Ile Arg Glu Phe Leu His Pro Cys Gln Glu  
145 150 155 160

Thr Ile Val Met Glu Asp Val Gly His Lys Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
165 170 175

Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Lys Leu Asp Glu His Asn Val Ile  
180 185 190

Thr His Gly Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
195 200 205

Leu Lys Ser Lys Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Val Gly Glu Ile Ser  
210 215 220

Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Ser Asp Ser Pro Ile Asp Gln Ile Asp  
225 230 235 240

Lys Ile Asn Glu Pro Gly Arg Leu Cys Ala Leu Phe Ser Arg Ser Asn  
245 250 255

Ile Pro Asn Asp Val Leu Phe Ser Phe Gln Phe Leu Arg Val Leu Asn  
260 265 270

Leu Ser Arg Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Ser Ile Gly Lys Leu  
275 280 285

Val His Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Tyr Ser Gly Ile Lys Ala Leu  
290 295 300

Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Ser Met Gln Thr Leu Arg Val Ser  
305 310 315 320

Lys Cys Phe Leu Leu Lys Glu Leu Pro Asp Glu Met Ala Asn Met Ile  
325 330 335

Ser Leu Arg His Val Tyr Tyr Asn Ser Leu Cys Met Asp Asn Lys His  
340 345 350

Phe Gln Met Pro Phe Asn Met Gly Lys Leu Thr Cys Leu Gln Thr Leu  
355 360 365

Gln Phe Phe Lys Val Gly Ser Glu Lys Gly Arg Arg Ile Glu Glu Ile  
370 375 380

Gly His Leu Lys Asn Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Glu Gly Leu Gln  
385 390 395 400

Leu Val Cys Asn Arg Glu Glu Ala Arg Thr Ala Tyr Leu Gln Glu Lys  
405 410 415

Pro Lys Ile Tyr Lys Leu Lys Tyr Val Trp Ser His Asp Glu Pro Glu  
420 425 430

Gly Cys Glu Thr Ser Asp Glu Tyr Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His  
435 440 445

Pro Asn Leu Lys Thr Leu Ala Val Val Glu Tyr Met Gly Thr Arg Phe  
450 455 460

Pro Ser Trp Phe Ser Glu Glu Phe Leu Pro Asn Leu Val Arg Leu Lys  
465 470 475 480

Leu Ser Gly Cys Lys Arg Cys Lys Gly Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu  
485 490 495

Lys Phe Leu Gln His Leu Glu Leu Val Gly Phe His Lys Val Glu Tyr  
500 505 510

Ile Glu Pro Thr Phe Tyr Gly Asn Asp Asn Gly Ser Ser Arg Asn Asn  
515 520 525

Thr Asn Ile Gln Val Phe Pro Leu Leu Lys Glu Leu Leu Leu Glu Asp  
530 535 540

Met Pro Ser Leu Thr Glu Trp Lys Glu Val Gln Leu Leu Pro Lys Gly  
545 550 555 560

Asn Val Gly Arg Asp Arg Leu Gly Val Arg Met Phe Pro Val Leu Lys  
565 570 575

Lys Leu Thr Ile Arg Asn Cys Pro Leu Leu Lys Ser Thr Pro Asn Gln  
580 585 590



Phe Glu Ile Leu Arg Glu Leu Ser Ile Glu Gly Val Asp Ser Glu Ile  
595 600 605

Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Met Leu Ile  
610 615 620

Ile Arg Asp Val Lys Gln Leu Thr Cys Leu Thr Asp Glu Ile Leu Arg  
625 630 635 640

Asn Asn Phe Ser Leu Gln His Leu Leu Val Leu Asn Cys Gly Glu Phe  
645 650 655

Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu Arg Ser Leu Lys Ser Leu  
660 665 670

Ser Ile Gly Asp Cys Thr Asn Phe Ser Ser Ile Pro Val Ser Arg Gly  
675 680 685

Glu Asn His Leu Thr Ser Leu Leu Lys Leu Arg Leu Tyr Asn Cys Asp  
690 695 700

Gly Leu Thr Ser Leu Ser Ser Gly Leu Leu Glu His Cys Arg Ser Leu  
705 710 715 720

Glu Ser Leu Asn Val Asn Lys Cys Asn Asn Leu Val Ser Leu Pro Leu  
725 730 735

His Val Trp Gly Met Pro Ser Leu Ser Tyr Leu Asn Ile Ser Lys Cys  
740 745 750

Pro Lys Leu Glu Ser Val Pro Ala Gly Ser Leu His Arg Leu Thr Gly  
755 760 765

Leu Arg Thr Leu His Thr Gly Pro Phe Ser Glu Leu Val Asp Phe Glu  
770 775 780

Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly Ile Gln Gln Leu Ser Ser Leu Cys  
785 790 795 800

Val Leu Trp Val Tyr Gly His Ala His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln  
805 810 815

Leu Leu Glu Phe Ser Ser Val Thr Glu Ile Gly Ile Thr Asp Phe Gly  
820 825 830

Ile Lys Ala Phe Pro Ile Glu Thr Leu Glu Leu Val Ser Cys Lys Gln  
835 840 845

Leu Gln His Leu Leu Ile Asn Asp Cys Pro Tyr Leu Glu Ala Leu Ser  
850 855 860

Asp Gly Leu Ser Asn Leu Val Ser Leu Val Glu Leu Ser Leu Ser Asn  
865 870 875 880

Cys Lys Asn Leu Gln His Leu Pro Ser Arg Asp Ala Met Arg Arg Leu  
885 890 895

Thr Lys Leu Arg Arg Leu Asn Ile Lys Gly Cys Pro Gln Leu Glu Glu  
900 905 910

Ser Cys Thr Asn Arg Ser Gly Pro Asn Ser Gln Trp Ser Lys Ile Ser  
915 920 925

His Ile Pro Gln Ile Ser Val Glu Phe Thr Thr Ile Gln Asp Leu Arg  
930 935 940

Lys Phe Leu Phe Leu Phe Ser Phe Gln Ser Phe Ser Phe Asn Pro Leu  
945 950 955 960

Glu Leu Phe Asp Thr Phe Glu Ile Phe Thr Pro Leu Lys Met Cys Phe  
965 970 975

Asn His Gln Ser Leu Tyr Ser Leu Ser  
980 985

<210> 117

<211> 1335

<212> PRT

<213> Solanum tuberosum

<400> 117

Met Ala Asp Pro Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys  
1 5 10 15

Leu Ile Ser Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn  
20 25 30

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

Gln Trp Leu Asn Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Gln Asn Val  
50 55 60

Phe Asp Arg Phe Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Met Ser Ser  
65 70 75 80

Pro Met Lys Lys Val Ser Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg  
85 90 95

Lys Ile Ser Arg Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Val Thr Ala Ile  
100 105 110

Asn Lys Val Ala Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Pro Met Val Pro Ser  
115 120 125

Arg Lys Ile Leu Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Leu Val Val Ala Ser  
130 135 140

Asp Val Val Gly Arg Asp Leu Asp Val Ala Val Ile Lys Glu Lys Ile  
145 150 155 160

Leu Asn Met Arg Lys Glu Asp Val Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val  
165 170 175

Gly Met Gly Gly Leu Gly Lys Thr Thr Met Ala Lys Arg Ile Tyr Asn  
180 185 190

Asp Glu His Ile Lys Gln Ala Phe Glu Lys Arg Ile Trp Leu Cys Leu  
195 200 205

Pro Glu Met Ser Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser  
210 215 220

Leu Thr Glu Arg Lys Phe Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys  
225 230 235 240

Lys Leu Gln Asp Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp  
245 250 255

Asp Leu Trp His Val Asp Phe Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asp Thr  
260 265 270

Leu Arg Gly Ile Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr  
275 280 285

Arg Met Lys Arg Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Met Leu  
290 295 300

Gly Lys Leu Thr Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala  
305 310 315 320

Phe Val Asp Gly Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys  
325 330 335

Ile Val Glu Met Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Val Leu Gly  
340 345 350

Gly Leu Leu His Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp  
355 360 365

Gly Asn Pro Leu Val Ala Gly Glu Asp Asp Lys Gly Glu Asn Ser Ile  
370 375 380

Lys Lys Ile Leu Thr Leu Ser Tyr Val Tyr Leu Pro Ser Val Gln Leu  
385 390 395 400

Lys Lys Cys Phe Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Ser Glu Phe  
405 410 415

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

Pro Cys Gln Glu Thr Thr Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe  
435 440 445

Gln Ile Leu Leu Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Ile Lys Leu Asp Glu  
450 455 460

Leu Asn Asn Ile Thr His Cys Lys Val His Asp Leu Val His Asp Leu  
465 470 475 480

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

Gly Glu Lys Leu Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Arg  
500 505 510

Asn Gln Ile Asp Lys Ile Tyr Glu Pro Gln Arg Leu Cys Thr Leu Phe  
515 520 525

Trp Arg Ser Asn Ser Ile Ser Glu Asp Met Leu Leu Ser Phe Lys Phe  
530 535 540

Leu Arg Ala Leu Asn Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala  
545 550 555 560

Lys Ile Gly Lys Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr  
565 570 575

Lys Ile Thr Ala Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln  
580 585 590

Thr Phe Arg Val Ile Asn Cys His Ser Leu Lys Glu Leu Pro Tyr Glu  
595 600 605

Met Gly Asn Met Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Ala Asp  
610 615 620

Glu Thr Asn Gly His Leu Gly Glu Trp Cys Ile Arg Asn Glu His Phe  
625 630 635 640

Gln Met Pro Leu Lys Met Arg Gln Leu Thr Cys Leu Gln Thr Leu Gln  
645 650 655

Phe Phe Lys Val Gly Val Ala Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly  
660 665 670

His Leu Lys Asn Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu  
675 680 685

Val Gly Asp Arg Glu Glu Ala Arg Thr Ala Asn Leu Gln Glu Lys Ser  
690 695 700

Asn Ile Tyr Lys Leu Ala Phe Val Trp Ser His Asp Glu Glu Glu Gly  
705 710 715 720

Ser Glu Thr Asn Asp Glu Tyr Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro  
725 730 735

Asn Leu Lys Thr Leu Ala Val Val Gly Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro  
740 745 750

Ser Trp Phe Arg Glu Asp Leu Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu  
755 760 765

Ser Gly Cys Lys Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys  
770 775 780

Leu Leu Arg His Leu Glu Leu Ser Lys Leu His Lys Val Glu Cys Ile  
785 790 795 800

Gly Pro Lys Phe Tyr Gly Lys Asn Ile Gly Ser Asn Ser Asn Ile Gln  
805 810 815

Val Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val Leu Lys Ser Met Ser Ser Leu  
820 825 830

Ile Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Phe Pro Arg Leu  
835 840 845

Glu Lys Leu Thr Ile Thr Glu Cys Pro Leu Leu Lys Ser Thr Pro Ser  
850 855 860

Gln Phe Glu Ile Leu Arg Glu Leu Glu Ile Val Ile Val Asp Ser Glu  
865 870 875 880

Met Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Glu Leu  
885 890 895

Arg Val Ser Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Ile Leu  
900 905 910

Arg Asn Asn Val Ser Leu Gln His Leu Ser Val Phe Asp Cys Glu Glu  
915 920 925

Phe Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Lys Thr  
930 935 940

Leu Arg Ile Ser Asn Cys Ala Asn Phe Ser Ser Phe Pro Val Pro Ser  
945 950 955 960

Gly Glu Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Gln Ser Leu Gln Leu Phe Asp Cys  
965 970 975

Asp Gly Leu Thr Ser Leu Pro Ser Gly Val Leu Glu His Cys Arg Ser  
980 985 990

Leu Glu Ser Leu Val Val Ile Tyr Cys Asn Asn Leu Leu Ser Leu Pro  
995 1000 1005

Leu His Val Trp Glu Met Pro Ser Leu Ser Tyr Leu Gly Leu Ser  
1010 1015 1020

Gly Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Ser Gly Gly Leu His Arg  
1025 1030 1035

Leu Thr Gly Leu Arg Ala Leu Glu Ile Gly Pro Phe Ser Glu Met  
1040 1045 1050

Val Asp Phe Glu Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly Ile Gln Gln  
1055 1060 1065

Leu Leu Ser Leu His Asn Val Gly Val Thr Gly Arg Gly His Trp  
1070 1075 1080

Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Ser Leu Thr His  
1085 1090 1095

Ile His Ile Cys Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro His Arg Phe  
1100 1105 1110

Ser Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Met Leu Ala Arg Cys Gln  
1115 1120 1125

Gln Leu Gln Arg Val Asp Phe Ser Asp Val Met Pro Lys Leu Arg  
1130 1135 1140

Tyr Leu Glu Ile His Asn Cys Pro Leu Leu Glu Ala Leu Ser Asp  
1145 1150 1155

Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Thr Leu Arg Asn  
1160 1165 1170

Cys Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser Gln Asp Ala Met Arg His  
1175 1180 1185

Leu Thr Lys Leu Gln Ser Leu Lys Ile Lys Gly Cys Pro Lys Leu  
1190 1195 1200

Glu Glu Ser Cys Asn Asn Arg Ser Gly Pro Asn Ser Gln Trp Ser  
1205 1210 1215

Asn Ile Ser His Ile Pro Lys Val Lys Val Gly Arg Ser Ile Ile  
1220 1225 1230

Gln Asp Leu Pro Gln Thr Pro Ser Lys Phe Lys Glu Phe Met Ile  
1235 1240 1245

Phe Arg Cys Ser Cys Thr Phe Met Glu Gly Asp Val Asp Ile Phe  
1250 1255 1260

Val Arg Phe Tyr Lys Arg His Lys Asn Tyr Trp His Asn Thr Gly  
1265 1270 1275

Pro Thr Asn Ile Ser His Ile Pro Lys Ile Glu Val Val Gly Ser  
1280 1285 1290

Leu Ile Pro Ile Ser Lys Val Ile Leu Glu His Cys Cys Gly Ile  
1295 1300 1305

Ser Ser Glu Asn Pro Trp Ala Ala Ile Thr Ser Gly Glu Leu Ser  
1310 1315 1320

Ile Arg Ile Leu Leu Pro Ser Leu His Lys Ala Gly  
1325 1330 1335



<210> 118  
 <211> 1177  
 <212> PRT  
 <213> Solanum tuberosum

<400> 118

Met Glu Gly Phe Leu Thr Phe Ala Ile Glu Glu Thr Leu Thr Arg Val  
 1 5 10 15

Ile Ser Ile Ala Ser Glu Gly Ile Arg Leu Ala Trp Gly Leu Glu Gly  
 20 25 30

Gln Leu Gln Lys Leu Lys Gln Ser Val Thr Met Ile Lys Ala Val Leu  
 35 40 45

Gln Asp Ala Ala Arg Arg Pro Val Thr Asp Asp Ser Val Lys Leu Trp  
 50 55 60

Leu Glu Asn Leu Gln Asp Val Ala Tyr Asp Ala Glu Asp Val Leu Asp  
 65 70 75 80

Glu Phe Ala Tyr Glu Ile Leu Arg Lys Asp Gln Lys Lys Gly Lys Val  
 85 90 95

Arg Asp Cys Phe Ser Leu His Asn Pro Phe Ala Phe Arg Leu Asn Met  
 100 105 110

Gly Gln Lys Val Lys Glu Ile Asn Gly Ser Leu Gly Lys Ile Leu Glu  
 115 120 125

Leu Gly Ser Ser Leu Gly Leu Arg Asn Leu Pro Glu Val Arg Arg Asp  
 130 135 140

Pro Arg Arg Gln Thr Asp Ser Ile Leu Asp Ser Ser Ala Val Val Val  
 145 150 155 160

Gly Arg Glu Asp Asp Val Phe Gln Val Val Glu Leu Leu Thr Ser Thr  
 165 170 175

Thr Lys Ser Gln His Val Leu Ser Val Val Ser Ile Val Gly Met Ala  
 180 185 190

Gly Leu Gly Lys Thr Thr Ile Ala Lys Glu Val Cys Lys Val Val Lys

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

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

645	650	655
Val Val Gly Pro Asn His Met Val Glu Glu Leu Gly Cys Leu Asn Glu		
660	665	670
Leu Arg Gly Ala Leu Lys Ile Cys Lys Leu Glu Gln Val Arg Asp Arg		
675	680	685
Glu Glu Ala Glu Lys Ala Lys Leu Arg Gln Lys Arg Met Asn Lys Leu		
690	695	700
Val Leu Glu Trp Ser Asp Asp Glu Gly Asn Ser Gly Val Asn Asn Glu		
705	710	715
Asp Val Leu Glu Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Ile Arg Ser Leu Thr		
725	730	735
Ile Glu Gly Tyr Gly Gly Glu Tyr Phe Pro Ser Trp Met Ser Thr Leu		
740	745	750
Gln Leu Asn Asn Leu Thr Gly Leu Arg Leu Lys Asp Cys Ser Lys Ser		
755	760	765
Arg Gln Leu Pro Thr Leu Gly Cys Leu Pro Arg Leu Lys Ile Leu Glu		
770	775	780
Met Ser Gly Met Pro Asn Val Lys Cys Ile Gly Asn Glu Phe Tyr Ser		
785	790	795
Ser Ser Gly Ser Thr Ala Val Leu Phe Pro Ala Leu Lys Glu Leu Thr		
805	810	815
Leu Ser Asn Leu Asp Gly Leu Glu Glu Trp Met Val Pro Gly Gly Glu		
820	825	830
Gly Asp Gln Val Phe Pro Phe Leu Glu Val Leu Arg Ile Gln Trp Cys		
835	840	845
Gly Lys Leu Lys Ser Ile Pro Ile Tyr Arg Leu Ser Ser Leu Val Lys		
850	855	860
Phe Val Ile Asp Gly Cys Asp Glu Leu Arg Tyr Leu Ser Gly Glu Phe		

865            870            875            880  
 His Gly Phe Thr Ser Leu Gln Ile Leu Arg Ile Trp Ser Cys Pro Lys  
                  885            890            895  
 Leu Pro Ser Ile Pro Ser Val Glu His Cys Thr Ala Leu Val Glu Leu  
                  900            905            910  
 Gly Ile Tyr Glu Cys Arg Glu Leu Ile Ser Ile Pro Gly Asp Phe Arg  
                  915            920            925  
 Lys Leu Lys Tyr Ser Leu Lys Arg Leu Ser Val Asn Gly Cys Lys Leu  
                  930            935            940  
 Gly Ala Leu Pro Ser Gly Leu Gln Cys Cys Ala Ser Leu Glu Val Leu  
 945            950            955            960  
 Lys Ile His Gly Trp Ser Glu Leu Ile His Ile Asn Asp Leu Gln Glu  
                  965            970            975  
 Leu Ser Ser Leu Gln Gly Leu Thr Ile Ala Ala Cys Asp Lys Leu Ile  
                  980            985            990  
 Ser Ile Ala Trp His Gly Leu Arg Gln Leu Pro Ser Ile Val Glu Leu  
                  995            1000            1005  
 Gln Ile Thr Trp Cys Arg Ser Leu Ser Asp Phe Gln Glu Asp Asp  
                  1010            1015            1020  
 Trp Leu Gly Ser Gly Leu Thr Gln Leu Glu Gly Leu Arg Ile Gly  
                  1025            1030            1035  
 Gly Tyr Ser Glu Glu Met Glu Ala Phe Pro Ala Gly Leu Leu Asn  
                  1040            1045            1050  
 Ser Phe Gln His Leu Asn Leu Ser Gly Ser Leu Lys Ser Leu Ala  
                  1055            1060            1065  
 Ile His Gly Trp Asp Lys Leu Lys Ser Val Pro His Gln Leu Gln  
                  1070            1075            1080  
 His Leu Thr Ala Leu Glu Arg Leu Tyr Ile Lys Gly Phe Ser Gly

1085 1090 1095

Glu Gly Phe Glu Glu Ala Leu Pro Asp Trp Leu Ala Asn Leu Ser  
1100 1105 1110

Ser Leu Gln Ser Leu Trp Ile Glu Asn Cys Lys Asn Leu Lys Tyr  
1115 1120 1125

Leu Pro Ser Ser Thr Ala Ile Gln Arg Leu Ser Lys Leu Lys Glu  
1130 1135 1140

Leu Arg Ile Trp Gly Gly Cys Pro His Leu Ser Glu Asn Cys Arg  
1145 1150 1155

Lys Glu Asn Gly Ser Glu Trp Pro Lys Ile Ser His Ile Pro Lys  
1160 1165 1170

Ile Tyr Ile Arg  
1175

<210> 119  
<211> 1313  
<212> PRT  
<213> Solanum tuberosum

<400> 119

Met Ala Asp Pro Val Thr Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Val Asp Lys  
1 5 10 15

Leu Leu Ser Leu Thr Ile Glu Glu Phe Ser Ser Ser Arg Asp Cys Asn  
20 25 30

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

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

Trp Leu Asn Ser Leu Glu Arg Ala Ala Glu Asn Ala Glu Tyr Val Cys  
65 70 75 80

Asp Lys Phe Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Arg Gln Val Lys Ile Arg Asn  
85 90 95

Asn Pro Met Arg Lys Val Ser Asp Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys  
100 105 110

Asn Lys Met Ser Arg Lys Ile Asn Asn Ile Asn Glu Glu Leu Arg Ala  
115 120 125

Ile Tyr Lys Val Ala Lys Thr Leu Gly Leu Gln Ala Leu Met Val Pro  
130 135 140

Pro Arg Lys Ile Leu Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Ile Val Val Ala  
145 150 155 160

Ser Tyr Val Val Gly Arg Asp Asn Asp Val Ala Glu Ile Lys Arg Lys  
165 170 175

Met Leu Asn Ile Arg Asp Asp Val Val Leu Cys Thr Ile Pro Ile Val  
180 185 190

Gly Met Gly Gly Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Phe Asn  
195 200 205

Asp Glu Gln Ile Glu Lys His Phe Glu Lys Arg Val Trp Leu Cys Leu  
210 215 220

Pro Glu Met Ser Glu Ile Lys Ser Phe Leu Glu Leu Ile Leu Glu Ser  
225 230 235 240

Leu Thr Glu Arg Lys Leu Glu Val Gln Ser Arg Asp Ile Ile Val Lys  
245 250 255

Lys Leu Arg Asp Glu Leu Ala Gly Gly Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp  
260 265 270

Asp Leu Trp Arg Val Asp Pro Thr Leu Trp Asp Glu Phe Val Asp Thr  
275 280 285

Leu Arg Gly Ile Asn Thr Ser Arg Gly Asn Phe Ile Ile Val Thr Thr  
290 295 300

Arg Met Glu Leu Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Val Leu Gly Pro His  
305 310 315 320

Met Leu Glu Lys Leu Ser Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln  
325 330 335

Arg Ala Phe Val Asp Gly Lys Ile Pro Glu Glu Ile Val Ser Met Glu  
340 345 350

Lys Arg Ile Val Glu Met Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Val  
355 360 365

Leu Gly Gly Leu Leu Arg Ser Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile  
370 375 380

Leu Asp Gly Asn Pro Leu Val Ala Gly Glu Asn Asp Asn Gly Glu Lys  
385 390 395 400

Ser Ile Lys Lys Ile Leu Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro  
405 410 415

Tyr Leu Lys Lys Cys Phe Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Phe  
420 425 430

Glu Phe Glu Lys Glu Gln Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe  
435 440 445

Leu His Pro Cys Gln Glu Thr Thr Val Met Glu Asp Val Gly His Arg  
450 455 460

Phe Phe Gln Ile Leu Leu Lys Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Glu Leu  
465 470 475 480

Asp Glu His Asn Asn Ile Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His  
485 490 495

Asp Leu Ala Gly Asp Ile Leu Lys Ser Lys Leu Phe Asp Pro Lys Gly  
500 505 510

Asn Asp Gly Glu Lys Pro Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser  
515 520 525

Pro Gly Asp Gln Ile Asp Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr  
530 535 540



Leu Phe Trp Arg Asn Asn Tyr Ile Trp Glu Asp Met Leu Leu Ser Phe  
545 550 555 560

Lys Leu Leu Arg Val Leu Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Asn Glu Leu  
565 570 575

Ser Ala Lys Ile Gly Asn Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser  
580 585 590

Asn Thr Glu Ile Thr Ala Leu Pro Asn Ser Ile Cys Glu Leu Tyr Asn  
595 600 605

Leu Gln Thr Phe Arg Val Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro  
610 615 620

Tyr Glu Met Arg Asn Met Arg Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Phe  
625 630 635 640

Val Asp Glu Thr Ser Gly His Trp Gly Glu Trp Cys Ile Arg Asn Glu  
645 650 655

His Phe Gln Met Pro Leu Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr  
660 665 670

Leu Gln Phe Phe Lys Val Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu  
675 680 685

Leu Gly His Leu Lys Asn Leu Arg Gly Glu Leu Arg Ile Asn Gly Leu  
690 695 700

Gln Leu Val Cys Asp Lys Glu Glu Ala Arg Thr Ala Tyr Leu Gln Glu  
705 710 715 720

Lys Pro Asn Ile Cys Lys Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser  
725 730 735

Glu Gly Cys Glu Ile Asn Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro  
740 745 750

His Pro Asn Leu Lys Thr Leu Glu Val Trp Asn Tyr Leu Gly Thr Lys  
755 760 765

Phe Pro Ser Trp Phe Ser Glu Glu Leu Ile Pro Asn Leu Val Lys Leu  
770 775 780

Ile Leu Ser Gly Cys Lys Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln  
785 790 795 800

Leu Lys Phe Leu Arg His Leu Glu Leu Val Gly Phe His Glu Leu Glu  
805 810 815

Cys Ile Gly Pro Ala Leu Tyr Gly Val Glu Ile Ser Asn Ile Gly Ser  
820 825 830

Ser Ser Ile Ile Gln Val Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val Leu Lys  
835 840 845

Asp Met Ser Ser Leu Ile Glu Trp Lys Gly Ala Glu Val Gly Val Arg  
850 855 860

Met Ser Pro Gly Leu Glu Lys Leu Arg Ile Thr Asn Cys Pro Leu Leu  
865 870 875 880

Lys Ser Ile Pro Asn Gln Phe Glu Ile Leu Arg Glu Leu Ser Ile Glu  
885 890 895

Gly Val Asp Ser Glu Met Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr  
900 905 910

Ser Leu Val Phe Leu Ala Val Ser Thr Val Lys Glu Leu Thr Cys Leu  
915 920 925

Pro Asp Glu Met Leu Arg Ser Asn Val Ser Leu Gln Arg Leu Ser Val  
930 935 940

Phe Asn Cys Gly Glu Phe Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu  
945 950 955 960

His Ser Leu Glu Arg Leu Val Ile Ala Gly Cys Thr Asn Phe Ser Ser  
965 970 975

Leu Pro Val Pro Ser Gly Asp Asn Asn Leu Pro Ser Leu Lys Leu Leu  
980 985 990

Gln Leu Met Asn Cys Asp Gly Leu Ile Ser Leu Pro Ile Gly Met Leu  
995 1000 1005

Asp Gln Cys Arg Ser Leu Lys Val Leu Thr Val Arg Cys Cys Asn  
1010 1015 1020

Asn Leu Val Ser Phe Pro Leu His Val Trp Glu Met His Ser Leu  
1025 1030 1035

Leu His Leu Cys Ile Ser Leu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro  
1040 1045 1050

Lys Val Gly Leu His Arg Leu Thr Gly Leu Trp Gly Leu Glu Ile  
1055 1060 1065

Gly Pro Phe Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile  
1070 1075 1080

Phe Asn Gly Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Thr Val  
1085 1090 1095

Tyr Gly His Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Leu  
1100 1105 1110

Trp Asn Leu Glu Ile Ile Gly Cys Pro Lys Leu Glu Glu Ser Cys  
1115 1120 1125

Thr Asn Ser Gln Arg Ser Lys Ile Ser His Ile Ser Tyr Ile Glu  
1130 1135 1140

Val Gly Gly Met Ile Ile Asn Asp Arg His Ile Cys Ser Val Val  
1145 1150 1155

Asp Phe His Leu Lys Ser Ile Phe Thr Ser Leu Ser Thr Gln Gly  
1160 1165 1170

Thr Asp Trp Asn Val Val Asp Ile Gly Ala Val Gly Asp Ser Gly  
1175 1180 1185

Cys Thr Lys Leu Glu Asn Ser Arg Thr Ile Ser Pro Phe Ile Lys  
1190 1195 1200

Thr Ser Ala Asn Glu Gly Leu Gln Gln Arg Gln Leu Ser Asp Leu  
1205 1210 1215

Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro Pro  
1220 1225 1230

Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Val Leu Ser Gly  
1235 1240 1245

Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro Lys  
1250 1255 1260

Leu Arg His Leu Trp Ile His Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala Leu  
1265 1270 1275

Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Gln Glu Leu His Leu  
1280 1285 1290

Gln Ser Cys Glu Lys Leu Glu Asn Leu Pro Ser Arg Asp Ala Met  
1295 1300 1305

Arg Arg Leu Thr Lys  
1310

<210> 120  
<211> 1414  
<212> PRT  
<213> Solanum tuberosum

<400> 120

Met Asn Tyr Cys Leu Pro Leu Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
1 5 10 15

Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Ile Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30

Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45

Pro Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser  
50 55 60

Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80

Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95

Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn  
100 105 110

Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
115 120 125

Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
130 135 140

Val Gly Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
145 150 155 160

Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
165 170 175

Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu  
180 185 190

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

Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Lys Met Arg  
210 215 220

Glu Glu Asp Ile Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
225 230 235 240

Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Met  
245 250 255

Lys Gln Ile Phe Lys Lys Arg Ile Trp Leu Cys Leu Pro Glu Met Ser  
260 265 270

Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
275 280 285

Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
290 295 300

Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg  
305 310 315 320

Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asp Thr Leu Arg Arg Ile  
325 330 335

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

Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
355 360 365

Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
370 375 380

Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met  
385 390 395 400

Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Ala Leu Gly Gly Leu Leu His  
405 410 415

Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
420 425 430

Val Thr Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
435 440 445

Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe  
450 455 460

Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
465 470 475 480

Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
485 490 495

Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
500 505 510

Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Val Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
515 520 525

Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
530 535 540

Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
545 550 555 560

Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp  
565 570 575

Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
580 585 590

Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Lys Tyr Lys Phe Leu Arg Val Leu  
595 600 605

Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Thr Lys Ile Gly Lys  
610 615 620

Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
625 630 635 640

Leu Pro Asn Ser Ile Cys Glu Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
645 650 655

Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
660 665 670

Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser Gly  
675 680 685

His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
690 695 700

Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
705 710 715 720

Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
725 730 735

Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
740 745 750

Glu Glu Ala Arg Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
755 760 765

Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn  
770 775 780

Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
785 790 795 800

Ile Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Arg  
805 810 815

Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
820 825 830

Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
835 840 845

Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Phe  
850 855 860

Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln Val  
865 870 875 880

Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val Leu Glu Asp Met Arg Ser Leu Ile  
885 890 895

Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
900 905 910

Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
915 920 925

Phe Glu Ile Leu Arg Glu Leu Glu Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Met  
930 935 940

Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Asn Leu Ser  
945 950 955 960



Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Ile Leu Arg  
965 970 975

Asn Asn Ile Ser Leu Gln Gln Ile Thr Ile Phe Glu Cys Gly Glu Phe  
980 985 990

Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Tyr Arg Leu  
995 1000 1005

Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Lys  
1010 1015 1020

Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Ile Phe Phe Phe Leu His Asn  
1025 1030 1035

Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
1040 1045 1050

Arg Ser Leu Glu Tyr Leu His Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val  
1055 1060 1065

Ser Phe Pro Leu His Val Trp Glu Ile Pro Ser Phe Ser Val Leu  
1070 1075 1080

Glu Ile Thr Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Glu Val Gly  
1085 1090 1095

Leu His His Leu Thr Gly Leu Leu Arg Leu Gly Ile Gly Pro Phe  
1100 1105 1110

Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly  
1115 1120 1125

Ile Gln Lys Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg  
1130 1135 1140

Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asn  
1145 1150 1155

Leu Arg Lys Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro  
1160 1165 1170

Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Glu  
1175 1180 1185

Arg Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro  
1190 1195 1200

Lys Leu Arg His Leu Trp Ile Ser Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala  
1205 1210 1215

Leu Ser Asp Gly Leu Gly Ser Ile Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr  
1220 1225 1230

Leu Gln Asp Cys Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser Arg Asp Ala  
1235 1240 1245

Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Arg Ile Lys Gly Cys  
1250 1255 1260

Pro Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys  
1265 1270 1275

Ile Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Ala Ile Ile Asp Val Ser  
1280 1285 1290

Val Val Asn Gln Ala Lys Ser Tyr Glu Gln Gln Ala Ile Thr Gly  
1295 1300 1305

Thr Ala Thr Val Ile Leu Asp Glu Glu Gln Ser Ser Thr Val Asp  
1310 1315 1320

Ser Leu Trp Asp Thr Phe Met Ser Ile Phe Gly Glu Leu Gln Ser  
1325 1330 1335

Thr Tyr Glu Thr Ser Lys Thr Gln Lys Arg Ile Gly Cys Ser Met  
1340 1345 1350

Arg Ser Tyr Thr Gly Ser Ile Leu His Val Phe Leu Cys Pro Phe  
1355 1360 1365

Leu Val Val Thr Cys Asn Asp Pro Leu Leu His Ser Pro Arg Arg  
1370 1375 1380

Lys Arg Val Pro Lys Leu Thr Phe Tyr His Phe Pro Cys Phe Arg  
1385 1390 1395

Phe Met Phe Glu Thr Pro Ala Trp Thr Leu Ser Lys Cys Tyr Leu  
1400 1405 1410

Cys

<210> 121  
<211> 1188  
<212> PRT  
<213> Solanum chacoense

<400> 121

Met Ala Asp Pro Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys  
1 5 10 15

Leu Leu Ser Leu Thr Thr Glu Glu Phe Ser Ser Ser Arg Asp Cys Asn  
20 25 30

Lys Asp Leu Arg Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Met Ile Gln Ala Phe  
35 40 45

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

Trp Phe Thr Arg Leu Glu Arg Ala Ala Glu Asn Ala Glu Asn Val Phe  
65 70 75 80

Asp Lys Phe Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Arg Gln Val Lys Ile Arg Asn  
85 90 95

Asn Pro Met Arg Lys Val Ser Asp Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys  
100 105 110

Asn Lys Met Ser Arg Lys Ile Asn Asn Ile Asn Glu Glu Leu Arg Ala  
115 120 125

Ile Asn Thr Val Ala Lys Asn Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro  
130 135 140

Pro Arg Lys Ile Leu Pro Ile Gln Glu Thr Asp Ser Ile Val Val Ala  
145 150 155 160

Ser Tyr Val Val Gly Arg Asp Asn Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys  
165 170 175

Ile Leu Thr Ile Arg Glu Asp Ile Asp Leu Cys Thr Ile Pro Ile Val  
180 185 190

Gly Ile Gly Gly Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Phe Asn  
195 200 205

Asp Glu Gln Ile Glu Lys His Phe Glu Lys Arg Val Trp Leu Cys Leu  
210 215 220

Pro Glu Met Ser Glu Ile Lys Ser Phe Leu Glu Leu Ile Leu Glu Ser  
225 230 235 240

Leu Thr Lys Arg Lys Val Glu Val Gln Gly Arg Asp Ile Ile Ala Lys  
245 250 255

Lys Leu Gln Asp Glu Leu Ala Gly Arg Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp  
260 265 270

Asp Leu Trp Arg Val Asp Pro Thr Leu Trp Asp Glu Phe Val Asp Thr  
275 280 285

Leu Arg Gly Ile Asn Thr Ser Arg Gly Asn Phe Ile Leu Val Thr Thr  
290 295 300

Arg Met Lys Leu Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Val Leu Gly Pro His  
305 310 315 320

Met Leu Glu Lys Leu Ser Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln  
325 330 335

Arg Ala Phe Val Asp Gly Lys Ile Pro Glu Glu Ile Val Ser Met Glu  
340 345 350

Lys Arg Ile Val Glu Met Cys Gln Gly Leu Leu Leu Ala Ala Ser Val  
355 360 365

Leu Gly Gly Leu Leu Arg Ser Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile  
370 375 380

Leu Asp Gly Asn Pro Leu Val Ala Asp Phe Glu Phe Glu Lys Glu Gln  
385 390 395 400

Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu His Pro Cys Gln Glu  
405 410 415

Ile Pro Ala Met Glu Asp Val Gly His Trp Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
420 425 430

Gln His Ser Leu Leu Gln Asp Val Glu Leu Asp Glu Gln Asn Asn Ile  
435 440 445

Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
450 455 460

Leu Lys Ser Lys Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asp Gly Glu Asn Leu  
465 470 475 480

Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Phe Leu Pro Asn Ser Ile Cys Glu Leu  
485 490 495

Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val Asn Asp Cys Phe Ser Leu Arg Glu  
500 505 510

Leu Pro Tyr Glu Met Gly Asn Met Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Phe  
515 520 525

Thr Ser Val Asp Lys Arg Thr Leu His Trp Gly Ala Trp Cys Ile His  
530 535 540

Tyr Asn Asn Phe Gln Met Pro Leu Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu  
545 550 555 560

Gln Thr Leu Gln Phe Phe Lys Val Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile  
565 570 575

Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn Leu Arg Gly Glu Leu Arg Phe Lys  
580 585 590

Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys Glu Glu Ala Arg Thr Ala Tyr Leu  
595 600 605

Gln Glu Lys Pro Asn Ile Cys Lys Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp  
610 615 620

Glu Leu Glu Gly Cys Glu Ile Asn Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu  
625 630 635 640

Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Ser Leu Ala Val Val Gly Phe Leu Gly  
645 650 655

Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ile Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val  
660 665 670

Lys Leu Lys Leu Ser Gly Cys Lys Lys Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu  
675 680 685

Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His Leu Glu Leu Val Gly Phe His Glu  
690 695 700

Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Leu Tyr Gly Val Glu Ile Ser Asn Ile  
705 710 715 720

Gly Ser Ser Ser Ile Ile Gln Val Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val  
725 730 735

Leu Glu Asp Met His Ser Leu Ile Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly  
740 745 750

Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro  
755 760 765

Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln Phe Glu Ile Leu Arg Glu Leu Glu  
770 775 780

Ile Thr Gly Val Asp Ser Glu Met Pro Leu Phe Asn Leu Cys Ser Asn  
785 790 795 800

Leu Thr Ser Leu Val Asn Leu Ser Val Cys Asn Val Lys Lys Leu Thr  
805 810 815

Cys Leu Pro Asp Glu Met Leu Arg Asn Asn Val Ser Leu Gln Tyr Leu  
820 825 830

Ser Val Thr Asp Cys Glu Glu Phe Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr  
835 840 845

Asn Leu His Ser Leu Lys Arg Leu Arg Ile His Ser Cys Thr Asn Phe  
850 855 860

Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Gln  
865 870 875 880

Leu Leu Met Leu Cys Asn Cys Asp Gly Leu Ile Ser Leu Pro Ile Gly  
885 890 895

Met Leu Asp Gln Cys Arg Ser Leu Glu Ile Leu Ser Val Ser Cys Cys  
900 905 910

Asp Asn Leu Val Ser Phe Pro Leu His Val Trp Glu Met Pro Ser Leu  
915 920 925

Leu Tyr Leu Glu Ile Ser Arg Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Glu  
930 935 940

Val Gly Leu His Arg Leu Thr Gly Leu Trp Lys Leu Glu Ile Gly Pro  
945 950 955 960

Phe Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly  
965 970 975

Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg Gly  
980 985 990

His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asp Leu Ile  
995 1000 1005

Ala Ile Lys Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro Pro Arg  
1010 1015 1020

Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Arg Leu Thr Leu Lys Gly Cys  
1025 1030 1035

Lys Trp Leu Gln Gln Leu Asn Phe Ser Asn Val Met Pro Lys Leu  
1040 1045 1050

Trp Leu Leu Trp Ile Asn Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala Leu Ser  
1055 1060 1065

Asp Gly Leu Gly Asn Pro Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr Leu Gln  
1070 1075 1080

Asp Cys Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser Arg Asp Ala Ile Arg  
1085 1090 1095

Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Leu Gly Ile Glu Gly Cys Pro Lys  
1100 1105 1110

Leu Glu Glu Asn Cys Ile Asn Ser Gln Trp Ser Lys Ile Ser His  
1115 1120 1125

Ile Arg Asn Ile Glu Val Gly Gly Arg Ile Ile Lys Asp Arg His  
1130 1135 1140

Tyr Gln Ser Ile Ala Ser Met Leu Cys Phe Gln His Ser Ala Cys  
1145 1150 1155

Pro Leu Glu Leu Ile Cys Cys Ser Ser Asn Ser Ser Ser Met Val  
1160 1165 1170

Thr Ser Ser Lys Val Met Leu Glu Arg Gln Cys Gly Lys Ser Ser  
1175 1180 1185

<210> 122  
<211> 1360  
<212> PRT  
<213> Solanum chacoense

<400> 122

Met Ala Asp Pro Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys  
1 5 10 15

Leu Ile Ser Leu Thr Ile Glu Glu Phe Ser Ser Ser Arg Asp Cys Asn  
20 25 30

Lys Asp Leu Arg Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Met Ile Gln Ala Phe



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

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

485	490	495
Asp Leu Ala Gly Glu Ile Leu Lys Cys Lys Leu Phe Asp Pro Lys Gly		
500	505	510
Asp Asp Gly Glu Lys Leu Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser		
515	520	525
Pro Met Asp Gln Ile Gly Lys Ile Tyr Ala Pro Glu Arg Leu Cys Thr		
530	535	540
Leu Phe Trp Arg Asp Asn Tyr Ile Trp Glu Asp Met Leu Leu Ser Phe		
545	550	555
Lys Phe Leu Arg Val Leu Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Asn Glu Val		
565	570	575
Ser Ala Lys Ile Gly Lys Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser		
580	585	590
Asn Thr Asn Ile Thr Ala Leu Pro Asn Ser Ile Cys Glu Leu Tyr Ser		
595	600	605
Leu Gln Thr Phe Arg Val Ile Asn Cys Phe Ser Leu Lys Glu Leu Pro		
610	615	620
Tyr Glu Met Gly Asn Met Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Ser Ser		
625	630	635
Ile Asn Lys Arg Asn Arg His Trp Gly Gly Trp Cys Ile Arg Asn Glu		
645	650	655
His Phe Gln Met Pro Leu Asn Met Gly Gln Leu Thr Cys Leu Gln Thr		
660	665	670
Leu Gln Phe Phe Lys Val Gly Leu Glu Lys Gly His Gln Ile Glu Glu		
675	680	685
Leu Gly His Leu Lys Asn Leu Lys Gly Lys Leu Arg Ile Asn Gly Leu		
690	695	700
Gln Phe Val Cys Asp Lys Glu Glu Ala Arg Thr Ala Tyr Leu Gln Glu		

705 710 715 720

Lys Pro Asn Ile Cys Glu Leu Val Tyr Leu Trp Ser His Val Glu Ser  
725 730 735

Glu Gly Cys Glu Ile Asn Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro  
740 745 750

His Pro Asn Leu Lys Thr Leu Ala Val Gly Asn Tyr Leu Gly Thr Lys  
755 760 765

Phe Pro Ser Trp Phe Ser Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu  
770 775 780

Lys Leu Ile Gly Cys Lys Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln  
785 790 795 800

Leu Lys Phe Leu Arg His Leu Glu Leu Val Gly Phe His Glu Leu Glu  
805 810 815

Cys Ile Gly Pro Ala Leu Tyr Gly Val Glu Ile Ser Asn Ile Gly Ser  
820 825 830

Asn Ser Ile Val Gln Val Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val Leu Glu  
835 840 845

Asp Met Arg Ser Leu Ile Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg  
850 855 860

Met Ser Pro Gly Leu Glu Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu  
865 870 875 880

Lys Ser Ile Pro Asn Gln Phe Glu Ile Leu Arg Asp Leu Glu Ile Arg  
885 890 895

Gly Val Asp Ser Glu Met Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr  
900 905 910

Ser Leu Val Ser Leu Asp Val Cys Asn Val Lys Glu Leu Thr Phe Leu  
915 920 925

Pro Asp Glu Met Leu Arg Asn Asn Val Ser Leu Gln His Leu Ser Val

930	935	940
Phe His Cys Gly Glu Phe Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu		
945	950	955 960
His Ser Leu Lys Ile Leu Val Ile His Asn Cys Thr Ser Phe Ser Ser		
	965 970	975
Leu Pro Val Pro Lys Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Gln Leu Phe		
	980 985	990
Gln Leu Tyr Asn Cys Asp Gly Leu Ile Ser Leu Pro Ile Gly Met Leu		
	995 1000	1005
Asp Gln Cys Arg Ser Leu Asp Phe Phe Ser Val Arg Cys Cys Asn		
	1010 1015	1020
Asn Phe Val Ser Phe Pro Leu His Val Trp Glu Met Pro Ser Leu		
	1025 1030	1035
Ser Tyr Phe Asp Ile Ser Gln Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro		
	1040 1045	1050
Glu Val Gly Leu His Arg Leu Thr Gly Leu Trp Tyr Leu Gly Ile		
	1055 1060	1065
Gly Pro Phe Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile		
	1070 1075	1080
Phe Asn Gly Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Ala Val		
	1085 1090	1095
Tyr Gly Arg Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Ile Met Gln		
	1100 1105	1110
Leu Ser Asp Leu Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu		
	1115 1120	1125
Ala Leu Pro Pro Arg Leu Val Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu		
	1130 1135	1140
Thr Leu Val Arg Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp		

1145	1150	1155
Ala Met	Pro Lys Leu Arg Leu	Leu Trp Ile Gly Asp Cys Pro Leu
1160	1165	1170
Leu Glu	Ala Leu Ser Asp Gly	Ile Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu
1175	1180	1185
Glu Leu	Tyr Leu Gln Asp Cys	Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser
1190	1195	1200
Arg Asp	Ala Met Arg Arg Leu	Thr Lys Leu Trp Asn Leu Glu Ile
1205	1210	1215
Lys Gly	Cys Pro Lys Leu Glu	Glu Ser Cys Thr Asn Ser Gln Trp
1220	1225	1230
Ser Lys	Ile Ser His Ile Pro	Asn Ile Glu Val Gly Gly Arg Ile
1235	1240	1245
Ile Lys	Asp Arg Leu Leu Met	Ser Asp Pro Pro Leu Ser Gln Thr
1250	1255	1260
Val Arg	Asn Lys Lys Asn Leu	Ser Ile Cys His Ile Tyr Ser Gly
1265	1270	1275
Ala Lys	Met Lys Ile Met Gly	Gln Ile Ala Thr Phe Cys Phe Ser
1280	1285	1290
Gly Asp	Cys Gly Cys Thr Lys	Leu Glu Ser Ser Arg Tyr Met Phe
1295	1300	1305
Glu Pro	Pro Ser Met Leu Leu	Val Leu Asp Val Phe Glu Cys His
1310	1315	1320
Asp Trp	Gln Gly Lys Ser His	Val Ala Glu Ile Gly Val Glu Ile
1325	1330	1335
Leu Phe	Thr Cys Met Thr Lys	Ile Cys Thr Asn Ile Val His Phe
1340	1345	1350
Ser Ser	Lys His Phe Glu Leu	

1355 1360

<210> 123  
<211> 1507  
<212> PRT  
<213> Solanum chacoense

<400> 123

Met Ala Asp Pro Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys  
1 5 10 15

Leu Leu Ser Leu Thr Ile Glu Glu Phe Asn Ser Ser Arg Asp Cys Asn  
20 25 30

Lys Asp Leu Gly Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Met Ile Gln Ala Phe  
35 40 45

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

Trp Leu Asn Arg Leu Glu Arg Ala Ala Glu Asn Ala Glu Asn Val Phe  
65 70 75 80

Asp Lys Phe Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Arg Gln Val Lys Ile Arg Asn  
85 90 95

Asn Pro Met Arg Lys Val Ser Asp Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys  
100 105 110

Asn Lys Met Ser Arg Lys Val Asn Asn Ile Asn Glu Glu Leu Arg Gly  
115 120 125

Ile Asn Met Leu Ala Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Phe Met Val Pro  
130 135 140

Pro Arg Lys Ile Leu Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Ile Val Val Ala  
145 150 155 160

Ser Tyr Ile Val Gly Arg Glu Lys Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys  
165 170 175

Ile Leu Thr Ile Arg Glu Asp Ile Asp Leu Cys Thr Ile Pro Ile Val  
180 185 190

Gly Met Gly Gly Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Phe Asn  
195 200 205

Asp Glu Gln Ile Glu Lys His Phe Glu Lys Arg Val Trp Leu Cys Gln  
210 215 220

Pro Glu Met Ser Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Leu Ile Leu Glu Ser  
225 230 235 240

Leu Thr Glu Arg Lys Val Glu Val Leu Ser Arg Asp Ile Ile Val Lys  
245 250 255

Lys Leu Arg Asp Glu Leu Ala Gly Arg Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp  
260 265 270

Asp Leu Trp Gly Val Asp Ser Thr Leu Trp Asp Glu Phe Val Asp Thr  
275 280 285

Leu Arg Gly Ile Asn Thr Ser Arg Gly Asn Phe Ile Leu Val Thr Thr  
290 295 300

Arg Met Glu Leu Val Ala Ser Thr Val Ala Ala Val Leu Gly Pro His  
305 310 315 320

Lys Leu Glu Lys Leu Ser Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln  
325 330 335

Arg Ala Phe Val Asp Gly Lys Ile Pro Glu Glu Ile Val Ser Met Glu  
340 345 350

Lys Arg Ile Val Glu Met Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Val  
355 360 365

Leu Gly Gly Leu Leu Arg Ser Lys Gly Lys His Glu Trp Gln Ala Ile  
370 375 380

Leu Asp Gly Asn Pro Leu Val Ala Gly Glu Asn Asp Asn Gly Glu Lys  
385 390 395 400

Ser Ile Lys Lys Ile Leu Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro  
405 410 415



Gln Leu Lys Lys Cys Phe Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Phe  
420 425 430

Glu Phe Glu Lys Glu Gln Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe  
435 440 445

Leu His Pro Cys Gln Glu Thr Thr Val Met Glu Gly Ile Gly His Arg  
450 455 460

Phe Phe Gln Ile Leu Leu Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Glu Leu  
465 470 475 480

Asp Glu His Asn Asn Ile Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His  
485 490 495

Asp Leu Ala Gly Asp Ile Leu Lys Ser Lys Leu Phe Asp Pro Lys Gly  
500 505 510

Asn Asp Gly Glu Lys Leu Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser  
515 520 525

Pro Met Asp Gln Ile Asp Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr  
530 535 540

Leu Phe Trp Arg Asn Asn Tyr Ile Trp Glu Asp Met Leu Leu Ser Phe  
545 550 555 560

Lys Phe Leu Arg Val Leu Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu  
565 570 575

Ser Ala Lys Ile Gly Met Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser  
580 585 590

Asn Thr Lys Ile Thr Ala Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn  
595 600 605

Leu Gln Thr Phe Arg Val Ile Asn Cys His Ser Leu Lys Glu Leu Pro  
610 615 620

Tyr Glu Met Gly Asn Met Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser  
625 630 635 640

Val Asp Lys Gly Asn Gln His Trp Gly Gly Trp Cys Ile Leu Asn Glu  
645 650 655

His Phe Gln Met Pro Leu Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr  
660 665 670

Leu Gln Phe Phe Lys Val Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu  
675 680 685

Leu Gly His Leu Lys Asn Leu Arg Gly Glu Leu Arg Ile Asn Gly Leu  
690 695 700

Gln Leu Val Cys Asp Lys Glu Glu Ala Arg Thr Thr Tyr Leu Gln Glu  
705 710 715 720

Lys Pro Asn Ile Cys Lys Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Asp Ser  
725 730 735

Glu Gly Arg Glu Ile Asn Asp Glu Pro Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro  
740 745 750

His Pro Asn Leu Lys Thr Leu Ser Val Val Asn Tyr Leu Gly Thr Lys  
755 760 765

Phe Pro Ser Trp Phe Ser Glu Val Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu  
770 775 780

Lys Leu Ser Gly Ser Lys Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln  
785 790 795 800

Leu Lys Phe Leu Arg His Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu  
805 810 815

Cys Ile Gly Pro Ala Leu Tyr Gly Val Glu Val Ser Asn Ile Gly Ser  
820 825 830

Asn Ser Ile Ile Gln Val Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val Leu Glu  
835 840 845

Asp Met Arg Ser Leu Ile Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg  
850 855 860

Met Ser Ala Gly Leu Glu Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu  
865 870 875 880

Lys Ser Ile Pro Asn Gln Phe Glu Ile Leu Arg Asp Leu Glu Ile Thr  
885 890 895

Gly Val Asp Ser Glu Met Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr  
900 905 910

Ser Leu Val Tyr Leu Glu Val Cys Lys Val Lys Glu Leu Thr Cys Leu  
915 920 925

Pro Asp Glu Met Leu Arg Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Leu Ile  
930 935 940

Phe Gly Cys Gly Lys Phe Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu  
945 950 955 960

His Ser Leu Arg Ile Leu Glu Ile Ile Cys Cys Thr Asn Phe Ser Ser  
965 970 975

Leu Pro Val Pro Cys Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Gln Ile Phe  
980 985 990

Gln Leu Thr Asp Cys Asp Gly Leu Ile Ser Leu Pro Ile Gly Met Leu  
995 1000 1005

Asp Gln Cys Arg Ser Leu Glu Leu Leu Asn Val Ile Cys Cys Asp  
1010 1015 1020

Asn Leu Val Ser Leu Pro Leu His Val Trp Glu Met Pro Ser Leu  
1025 1030 1035

Ser Arg Leu Asn Ile Ser Gln Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro  
1040 1045 1050

Glu Val Gly Leu His Arg Phe Ala Gly Leu Gln Thr Leu Lys Ile  
1055 1060 1065

Gly Pro Phe Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile  
1070 1075 1080

Phe Asn Gly Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu Cys Asp Leu Ala Val  
1085 1090 1095

Tyr Gly Arg Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Ile Met Gln  
1100 1105 1110

Leu Ser Asp Leu Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu  
1115 1120 1125

Ala Leu Pro Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Arg Leu  
1130 1135 1140

Ser Leu Ala Gly Cys Lys Trp Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp  
1145 1150 1155

Ala Met Pro Lys Leu Arg Leu Leu Trp Ile Ser Asp Cys Pro Leu  
1160 1165 1170

Leu Glu Ala Leu Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Gln  
1175 1180 1185

Glu Leu Tyr Leu Gln Asn Cys Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser  
1190 1195 1200

Arg Asp Ala Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Leu Arg Ile  
1205 1210 1215

Ile Glu Gly Cys Pro Lys Leu Glu Glu Ser Cys Thr Asn Ser Gln  
1220 1225 1230

Trp Ser Lys Ile Ser His Ile Pro Asn Ile Glu Val Gly Gly Arg  
1235 1240 1245

Ile Ile Lys Asp Arg Arg Thr Thr Thr Val His Ser Leu Trp Asp  
1250 1255 1260

Thr Phe Met Gly Ile Trp Val Leu Asn Asn Leu Phe Gly Glu Leu  
1265 1270 1275

Lys Ser Thr Tyr Glu Thr Ser Lys Thr Gln Lys Cys Ile Gly Cys  
1280 1285 1290

Ser Met Arg Ser Tyr Thr Gly Leu Ser Ser Val Phe Ala Trp Pro  
1295 1300 1305

Cys Leu Ser Phe Tyr Ser Pro Leu Leu Met Ser Asp Pro Leu Leu  
1310 1315 1320

Ser Gln Pro Leu Val Ser Met Asp Ala Val Gly Arg Met Leu Trp  
1325 1330 1335

Tyr Lys Gly Asn Ser Leu Gly Gln Ile Ala Thr Phe Cys Phe Ser  
1340 1345 1350

Gly Asp Cys Gly Cys Thr Lys Leu Glu Ser Leu Ser Met Gly Leu  
1355 1360 1365

Val Glu Met Gln Leu Ser Asp Leu Arg Glu Ile Glu Ile Ala Asp  
1370 1375 1380

Phe Gly Ile Glu Ala Phe Pro Pro Arg Leu Asp Asn Leu Ile Ser  
1385 1390 1395

Leu Glu Arg Leu Thr Leu Val Arg Cys Lys Arg Leu Gln His Leu  
1400 1405 1410

Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro Lys Leu Gln Asp Leu Trp Ile Asn  
1415 1420 1425

Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala Leu Leu Asp Gly Leu Arg Asn Leu  
1430 1435 1440

Val Ser Leu Gln Glu Leu His Leu Arg Asn Tyr Glu Lys Leu Glu  
1445 1450 1455

His Leu Pro Ser Arg Asp Ala Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp  
1460 1465 1470

Lys Leu Asp Ile Ile Gly Cys Pro Lys Leu Gln Glu Ser Cys Thr  
1475 1480 1485

Asn Ser Gln Trp Ser Lys Ile Ser His Ile Pro Arg Ile Glu Val  
1490 1495 1500

Val Leu Asn Glu  
1505

<210> 124  
<211> 1823  
<212> PRT  
<213> Solanum chacoense

<400> 124

Met Ala Asp Pro Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Asp Lys  
1 5 10 15

Leu Leu Ser Leu Thr Ile Glu Glu Phe Ser Ser Ser Arg Asp Cys Asn  
20 25 30

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

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

Trp Leu Asn Arg Leu Asp Arg Ala Ala Glu Asn Ala Glu Tyr Val Phe  
65 70 75 80

Asp Lys Phe Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Arg Gln Val Lys Ile Arg Asn  
85 90 95

Asn Pro Met Arg Lys Val Ser Asp Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys  
100 105 110

Asn Lys Met Ser Arg Lys Ile Asn Asn Ile Asn Glu Glu Leu Arg Ala  
115 120 125

Ile Asn Lys Val Ala Lys Thr Leu Gly Leu Gln Ala Leu Met Val Pro  
130 135 140

Pro Gln Lys Ile Leu Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Ile Val Val Ala  
145 150 155 160

Ser Tyr Val Val Gly Arg Asp Asn Asp Val Ala Glu Ile Lys Arg Lys  
165 170 175

Met Leu Asn Ile Arg Asp Asp Val Val Leu Cys Thr Ile Pro Ile Val  
180 185 190

Gly Met Gly Gly Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Ile Ile Phe Asn  
195 200 205

Asp Glu Gln Ile Glu Lys His Phe Glu Lys Arg Val Trp Leu Cys Leu  
210 215 220

Pro Glu Met Ser Glu Ile Lys Ser Phe Leu Glu Leu Ile Leu Glu Ser  
225 230 235 240

Leu Thr Glu Arg Lys Leu Glu Val Gln Ser Arg Asp Ile Ile Val Lys  
245 250 255

Lys Leu Arg Asp Glu Leu Ala Gly Arg Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp  
260 265 270

Asp Leu Trp His Val Asp Pro Thr Leu Trp Asp Glu Phe Val Glu Thr  
275 280 285

Leu Arg Gly Ile Asn Thr Ser Arg Gly Asn Ile Ile Leu Val Thr Thr  
290 295 300

Arg Met Glu Leu Val Ala Ser Thr Val Ala Ala Val Leu Gly Pro His  
305 310 315 320

Met Leu Glu Lys Leu Ala Lys Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln  
325 330 335

Arg Ala Phe Val Asp Gly Lys Ile Pro Glu Glu Ile Val Arg Met Glu  
340 345 350

Lys Arg Ile Val Glu Met Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Val  
355 360 365

Leu Gly Gly Leu Leu Arg Ser Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile  
370 375 380

Leu Asp Gly Asn Pro Leu Val Ala Gly Glu Asn Asp Asn Gly Glu Lys  
385 390 395 400

Ser Ile Lys Lys Ile Leu Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro  
405 410 415

Gln Leu Lys Lys Cys Phe Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Phe  
420 425 430

Glu Phe Glu Lys Glu Gln Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe  
435 440 445

Leu His Pro Cys Gln Glu Thr Thr Val Met Glu Asp Val Gly His Arg  
450 455 460

Phe Phe Gln Ile Leu Leu Lys Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Glu Leu  
465 470 475 480

Asp Glu His Asp Asn Ile Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His  
485 490 495

Asp Leu Ala Gly Asp Ile Leu Lys Ser Lys Leu Phe Asp Pro Lys Gly  
500 505 510

Asn Asp Gly Glu Lys Leu Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser  
515 520 525

Pro Gly Asp Gln Ile Asp Lys Ile Tyr Glu Pro Lys Arg Leu Cys Thr  
530 535 540

Leu Phe Trp Arg Asn Asn Tyr Ile Ser Glu Asp Met Leu Leu Ser Phe  
545 550 555 560

Lys Leu Leu Arg Val Leu Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Asn Glu Leu  
565 570 575

Ser Thr Lys Ile Gly Asn Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser  
580 585 590

Asn Thr Glu Ile Thr Ala Leu Pro Ser Ser Ile Cys Glu Leu Tyr Asn  
595 600 605

Leu Gln Thr Phe Arg Val Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro  
610 615 620



Tyr Glu Met Arg Asn Met Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Phe  
625 630 635 640

Val Asp Glu Thr Ser Gly His Trp Gly Glu Trp Cys Ile Arg Asn Glu  
645 650 655

His Phe Gln Met Pro Leu Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr  
660 665 670

Leu Gln Phe Phe Lys Val Gly Leu Gln Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu  
675 680 685

Leu Gly His Leu Lys Asn Leu Arg Gly Glu Leu Arg Ile Asn Gly Leu  
690 695 700

Gln Leu Val Cys Asp Lys Glu Glu Ala Arg Thr Ala Tyr Leu Gln Glu  
705 710 715 720

Lys Pro Asn Ile Cys Lys Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser  
725 730 735

Glu Gly Cys Glu Ile Asn Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro  
740 745 750

His Pro Asn Leu Lys Thr Leu Glu Val Trp Asn Tyr Leu Gly Thr Lys  
755 760 765

Phe Pro Ser Trp Phe Ser Glu Glu Leu Ile Pro Asn Leu Val Lys Leu  
770 775 780

Ile Leu Ser Gly Cys Lys Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln  
785 790 795 800

Leu Lys Phe Leu Arg His Leu Glu Leu Val Gly Phe His Glu Leu Glu  
805 810 815

Cys Ile Gly Pro Ala Leu Tyr Gly Val Glu Ile Ser Asn Ile Gly Ser  
820 825 830

Ser Ser Ile Ile Gln Val Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val Leu Glu  
835 840 845

Asp Met Ser Ser Leu Ile Glu Trp Lys Gly Ala Glu Val Gly Val Arg  
850 855 860

Met Ser Pro Gly Leu Glu Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu  
865 870 875 880

Lys Ser Ile Pro Asn Gln Phe Glu Ile Leu Arg Glu Leu Arg Ile Glu  
885 890 895

Gly Val Asp Ser Glu Met Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr  
900 905 910

Ser Leu Val His Leu Ser Val Ser Asn Val Lys Glu Leu Thr Cys Leu  
915 920 925

Pro Asp Glu Met Leu Arg Ser Asn Val Ser Leu Gln His Leu Ser Val  
930 935 940

Phe Glu Cys Gly Glu Phe Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu  
945 950 955 960

His Ser Leu Lys Arg Leu Val Ile Ala Cys Cys Thr Asn Phe Ser Ser  
965 970 975

Leu Pro Val Pro Ser Gly Asp Asn Asn Leu Thr Ser Leu Gln Leu Leu  
980 985 990

Gln Leu Met Asn Cys Asp Gly Leu Ile Ser Leu Pro Ile Gly Met Leu  
995 1000 1005

Asp Gln Cys Arg Ser Leu Lys Phe Leu Ser Val Arg Gly Cys Asn  
1010 1015 1020

Asn Leu Val Ser Phe Pro Leu His Val Trp Glu Met His Ser Leu  
1025 1030 1035

Leu His Leu Cys Ile Ser Leu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro  
1040 1045 1050

Glu Val Gly Leu His Arg Leu Thr Gly Leu Trp Gly Leu Glu Ile  
1055 1060 1065

Gly Pro Phe Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile  
1070 1075 1080

Phe Asn Gly Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Ala Leu Thr Val  
1085 1090 1095

Tyr Gly His Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln  
1100 1105 1110

Leu Ser Asp Leu Arg Glu Ile Val Ile Gly Asp Phe Gly Ile Glu  
1115 1120 1125

Ala Leu Pro Pro Ser Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu  
1130 1135 1140

Met Leu Ser Gly Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp  
1145 1150 1155

Ala Met Pro Lys Leu Arg His Leu Trp Ile His Gly Cys Pro Leu  
1160 1165 1170

Leu Glu Ala Leu Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Gln  
1175 1180 1185

Glu Leu His Leu Gln Asn Cys Glu Lys Leu Glu Asn Leu Pro Ser  
1190 1195 1200

Arg Asp Ala Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Leu Gln Ile  
1205 1210 1215

Arg Gly Cys Pro Lys Leu Gly Glu Ser Cys Thr Asn Ser Gln Arg  
1220 1225 1230

Ser Lys Ile Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Val Gly Gly Arg Ile  
1235 1240 1245

Ile Asp Asp Arg Arg Thr Met Val Lys Gly Thr Asp Trp Asn Val  
1250 1255 1260

Val Asp Ile Gly Ala Val Gly Asp Ser Gly Cys Thr Lys Leu Glu  
1265 1270 1275

Asn Ser Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val His Leu Ala Val Ser Asn  
1280 1285 1290

Val Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Met Leu Arg Asn Asn  
1295 1300 1305

Val Ser Leu Gln His Ile Met Ile Phe His Cys Gly Glu Phe Arg  
1310 1315 1320

Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Lys Arg Leu  
1325 1330 1335

Glu Ile Ser Ser Cys Ile Asn Phe Ser Ser Phe Pro Val Pro Arg  
1340 1345 1350

Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Gln Leu Phe His Leu Cys Val  
1355 1360 1365

Pro Glu Val Gly Ile His Arg Leu Thr Gly Leu Arg Gly Leu Glu  
1370 1375 1380

Ile Gly Pro Phe Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu  
1385 1390 1395

Ile Phe Asn Gly Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu Cys Asp Leu Ala  
1400 1405 1410

Val Tyr Gly Arg Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Ile Met  
1415 1420 1425

Gln Leu Ser Asp Leu Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile  
1430 1435 1440

Glu Ala Leu Pro Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Arg  
1445 1450 1455

Leu Ser Leu Ala Gly Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser  
1460 1465 1470

Asp Ala Met Pro Lys Leu Trp Leu Leu Trp Ile Ser Asp Cys Pro  
1475 1480 1485

Leu Leu Glu Ala Leu Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu  
1490 1495 1500

Glu Asp Leu Tyr Ile Gly Asn Cys Lys Lys Leu Glu His Leu Pro  
1505 1510 1515

Ser Arg Asp Ala Met Gln His Leu Thr Lys Leu Arg Asn Leu Arg  
1520 1525 1530

Ile Glu Gly Cys Pro Lys Leu Glu Glu Asn Cys Thr Asn Ser Gln  
1535 1540 1545

Trp Ser Lys Ile Ser His Ile Pro Arg Ile Asn Val Asp Gly Arg  
1550 1555 1560

Ile Ile Lys Asp Arg Arg Thr Thr Ser Val Ile Leu Tyr Glu Glu  
1565 1570 1575

Gln His Ser Thr Val Asp Ser Leu Trp Asp Thr Leu Met Ser Ile  
1580 1585 1590

Trp Val Leu Asn Asn Leu Phe Gly Glu Leu Lys Ser Thr Tyr Glu  
1595 1600 1605

Thr Ser Lys Thr Gln Met Arg Ser Tyr Met Cys Ile Asp Glu Asp  
1610 1615 1620

Ile Gly Ser Asn Gly Trp Ser Leu Gly Gly Cys Cys Gly Thr Lys  
1625 1630 1635

Ala Ile His Cys Met Cys Thr Ser Arg Ile Glu Lys His Ser Ile  
1640 1645 1650

Gly Ile Thr Ser Thr Ser Tyr Trp Cys Asn Thr Arg Gly Asp Arg  
1655 1660 1665

Leu Glu His Phe Ala Ser Val Val Thr Val Val Ala Arg Ser Leu  
1670 1675 1680

Lys Val Gln Val Ser Ser Leu Ala Arg Glu Ile Ala Ile Cys Lys  
1685 1690 1695

Leu Ile Cys Ile Trp Gln Asn Val Asn Trp Arg Ser Arg Lys Gly  
1700 1705 1710

Ser Lys Glu Gln Leu Leu Pro Val Thr Leu Leu Asp Phe Ser Thr  
1715 1720 1725

Met Tyr Met Tyr Val Cys Ile Trp Asp Thr Lys Ile His Glu Arg  
1730 1735 1740

Val Ala Ser Glu Met Arg Glu Arg Gly His Ile Gly Thr Phe Cys  
1745 1750 1755

Ile Ser Gly Ala Phe Gly Asp Leu Gly Tyr Ile Ile Lys Trp Ala  
1760 1765 1770

Gly Ser Ala Lys Met Val Thr Glu Gln Leu Gln Gln Glu Val Thr  
1775 1780 1785

Ile Phe Gly Gly Ile Lys Val Asp Leu Ile Leu Asp Ile Tyr Ala  
1790 1795 1800

Ser Asn Thr Phe His Pro Tyr Cys Leu Lys Lys Ile Ile Ser Lys  
1805 1810 1815

Asn Gly Gly Ser Tyr  
1820

<210> 125  
<211> 7907  
<212> ДНК  
<213> Solanum chacoense

<220>  
<221> CDS  
<222> (3358)..(7266)

<400> 125  
acgcatcagg aagagaggag attgtccct ttcattccct ctcttcac atctttgtg 60  
agtagatgtt cttttgctgg gttttgtct tacgttgaaa gaaatccact aatgttaca 120  
caagtggaag agaatacatg attgtactgg acttttttt ccatatataa attaaaaaa 180  
tgactcaaac aaataaaata aaattacttg tacaatcat atatatat atctatat 240

ataataagcc acaatgcaaa tatatataaa gtatttagtt acattgtaac tatcttgta 300  
 gctttcaacc aaaagctaac aagattttta gttacatatt tattatttag ttaaataata 360  
 aatatgtcat tgtatgagct atttattact cattcctttt gaatttgta atattgattt 420  
 gatatgacac atagtttacg aaagtaaatt agatttttag aaaaaacatt atttacgaaa 480  
 gtaaattaga tttgagaaa aaacattaag tcatactga agttgtccca gattttcaaa 540  
 aagacacctt aactttgcgt gcgtcctatt accccacaaa acattcaaaa tcacaataaa 600  
 tacacatttt ttacacaata ttttcatttt ggacaaaaat atccttcgaa tgtgcaattt 660  
 cttaaaaaca aaaagtcgga ccattattg atgtattgaa ggatgctttg gtcatttcct 720  
 atgatgaatt agttttgttt gtttctttta aatttatttt actatactaa ataattgtat 780  
 aaaaatttct gaatcacgat aattaattac ttaaattttt aaaagatata aaaaatata 840  
 aaagatctta ttgactcttc aaattttacc agtgacacat aaattgggac aaatgaataa 900  
 atatatatta tttgaaaatt tcttagaaag tactataaat tacagtaatt aacagctaga 960  
 aatatttcaa agacaaaaaa atttgattga atctcaaaat atcttttagt actacataaa 1020  
 ttgagaaaaga agaaaataacc tctattattt taaaatgacg taaaaatatt acaaatcata 1080  
 caataagaat taacaattta aaactttaaa agactttaat gctttatact tattctattt 1140  
 tcactttgga caaaaatct ctccaatat gcatattttt taaacaaaaa gtgggaccta 1200  
 ttattgatgt attcaaggat gctttggtta ttttcctatg atgaattcgt tttgttgtt 1260  
 gtttaatttt ttttaaaata attgtataaa atattataaa tcacaataat tatttactta 1320  
 aatattcaaa agatataaaa atagttaaaa gatcttatta actcttcaaa ttttatcggt 1380  
 gacacataaa ttggacaaat gaaataatat atattatttg aaaattactt agaaagtaca 1440  
 ataatttaca gtaatttaaca atagaatatt ttaagacaaa aaaattgatt gaatctcgaa 1500  
 attttatttag taccacataa attgagaaag aagaataaac ctttattatt tcaaaattgc 1560  
 gtaaaagata ttacaatat tacaacaata attagcaatt tagaatgtta aaagacataa 1620  
 aaatcttttt taccatagct aacaataatt aaaaatttaa actattttta attaatatta 1680  
 aagtttgatt aacactttta tttgtcttt gccacataaa ttgaaacaaa aaatgatata 1740  
 tattgggccc gtgctagcac gggctccgat gtctagtata tatatatata tatatatata 1800  
 ggagaacat agagaagggt atgtgacacc tctctatggc ctccattcat atattttttt 1860  
 ttctttttt tcttatttaa atcaattatt ttattgtaa agtaaattga ttaattttt 1920

gtaataaat atttattaa tagaggaaca attacaacaa aaactcttca tatgccaatt 1980  
 aacaaagagt aactatctat aactcacacc tctctaattt tcaattttaa taaatttatt 2040  
 ttattttgta tctctttttt taccttcttc taatcgtaaa atgacaacat ttttttaa 2100  
 atcttctctc ttattattt aatttcttta caatctatct atatcgatgt attttaagta 2160  
 ttaacgtttt caatgcttat tatgtttgat gctttggatt gacttgaag aagatgaagg 2220  
 ctattgaatg atggctatgg cttgtgaaaa tggatgtcaa taaaagctca aaaaattgta 2280  
 tattaatttc atttttaaa atattttaat aattaagaac ataaaaataa tacaattatt 2340  
 tattatttta atttcttcat gatttctctt tatcaaacat caaaagtcca ttttataaat 2400  
 ggattgcacc tagagttgca tttcccatc ataaatatga ttatttttaa tcatttatat 2460  
 gtgaagagc cgtttttaaa attctgtatt gcgattctaa tattaaaaa aaaaaattta 2520  
 taatgtttta ctgattttta tagtaacact gtactaatga ttgttttct ctatttctga 2580  
 ctatattaat tactttcata ttctcaaatt aaatgggata attaatgggt aataatgttt 2640  
 atacttcttc atattttata acatgttttt atgcgtgatt tctgtaatag cttttcttat 2700  
 attttatgtt gagactttga aaatatattt tgggtattta tctttattat tgtgaagtta 2760  
 gaagatgaaa agggaaatag attggacaat ttcaaaaga taatgagtaa ttatgtcgga 2820  
 aagtatttga ggagattaag ttaaagatt aaaaataaat attcatgttt taaaatttag 2880  
 taatacatat acttgaagaa agaatttgat ttttctgaa cttctatcct ttctttacat 2940  
 tcttttaaca aataaaaaa tatcatttca cttatataga ttatacatta tacaagtttt 3000  
 atagagagggc tctgaatttt caagtctga aaaatcatag aaaatgtact aataatataa 3060  
 ttgattagaa tattatacaa gttttatgga aaggctctga atttttaagt gctaaaaaat 3120  
 catagagact ttactaataa tataattgat taaatttaaa atatttaaga aaaaatctaa 3180  
 tatcaaaaat tcatacgcg cgaagcgcaa taagttctct tgtaaaaatg taaatagaac 3240  
 tgctgttaca aataaaacaa aaagctactt aaataaatta atataaaggg aaaaagagac 3300  
 tcaaacttgg ttcatccac atgtattttt tttttattac tgtttgaatg attgtat 3357  
 atg aat tat tgt ctt cct tcg agt act cta caa aca act acc aaa cga 3405  
 Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
 1 5 10 15  
 aga ctt act ttg aga aga ctt tgt tgc aaa cag ctc agg aag aag act 3453  
 Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
 20 25 30



ttg gtg cag act gca gag gaa gag gaa gca aac aca aca atg gcc gat 3501  
 Leu Val Gln Thr Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
 35 40 45

cct gta att ggt gct act gtt caa gtt ttg ctt gaa aag ttg att tct 3549  
 Pro Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser  
 50 55 60

ctc act atc gag gaa gtc aac agc tca agg gat ttc aac aaa gat ctc 3597  
 Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
 65 70 75 80

gaa atg ttg aca caa aat gta tct tta atc caa gct ttc att cat gat 3645  
 Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
 85 90 95

ggt gaa aca cca caa gag aaa caa cag tct gtg gaa caa tgg ctc aac 3693  
 Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn  
 100 105 110

agg ctt gag aga gtt gct gaa gat gct caa aat gtg ttt gat cga ttc 3741  
 Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Gln Asn Val Phe Asp Arg Phe  
 115 120 125

ata tat gaa tct ctc aaa aca aaa gtg gtg agg agc cca ttg aaa aag 3789  
 Ile Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
 130 135 140

gtc agt ggt ttc ttt tct cat act gct ttt aag aga aaa atg tct caa 3837  
 Val Ser Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
 145 150 155 160

aaa atc aac aac atc aat aaa gag ttg acg gct atc aat aag gta gcc 3885  
 Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
 165 170 175

aaa gac ctc ggt cta caa tca ctc atg gtt cct tct cgg aaa ata cta 3933  
 Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu  
 180 185 190

cca att cga gaa aca gat tcc ttt gta gtt gct tct gat att gtc ggt 3981  
 Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Phe Val Val Ala Ser Asp Ile Val Gly  
 195 200 205

aga gat ttg gat att gct gag ata aag gag aag att ttg aac atg aga 4029  
 Arg Asp Leu Asp Ile Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Asn Met Arg  
 210 215 220

gag gag gat att gtt ctg tcc acc att ccc ata gta ggt atg gga ggt 4077  
 Glu Glu Asp Ile Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
 225 230 235 240

tta ggg aaa aca act gtg gct aag agg att tac aat gat gaa cac atg 4125  
 Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Met  
 245 250 255

aag caa atc ttt gaa aag aga att tgg ttg tgt cta cct gaa atg tct 4173  
Lys Gln Ile Phe Glu Lys Arg Ile Trp Leu Cys Leu Pro Glu Met Ser  
260 265 270

gaa acg aag agc ttt ctt gaa caa atc ctc gaa tcg ttg ata gag agg 4221  
Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
275 280 285

aaa att gag gtt gaa agg aga gat ata ata gtc aag aag cta caa gat 4269  
Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
290 295 300

gaa ttg gga gga aaa aaa tat ttg cta gtc ctg gat gat ttg tgg tgt 4317  
Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Cys  
305 310 315 320

gtt gac tct aca tcg tgg cat gag ttc att gac acc ttg aga gga ata 4365  
Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Ile Asp Thr Leu Arg Gly Ile  
325 330 335

aat aca tcc aga gga aac tgc att ctt gtg act act cgt agg aag cag 4413  
Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Arg Lys Gln  
340 345 350

gtg gca tcc aca gta gca aca gat ctt cat atc ttg ggg aag tta aca 4461  
Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
355 360 365

gaa gat cat tgt tgg tct att ttc aaa caa aaa gca ttt gtt gat ggc 4509  
Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
370 375 380

agg gtt cca gag gaa tta gcg agc atg ggc aac aag att gtt aaa atg 4557  
Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met  
385 390 395 400

tgc caa ggt cta ccg ttg gct gca agt gtg ttg gga ggg ctc tta cac 4605  
Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Val Leu Gly Gly Leu Leu His  
405 410 415

aac aaa gaa aaa cat gaa tgg caa gca att ctt gat ggc aac ctc ctt 4653  
Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
420 425 430

gtt gca ggt gaa gat gat aat gga gaa aat agc ata aag aaa atc cta 4701  
Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
435 440 445

aaa ctc agc tat gat tat cta cca tct cca cat ctg aaa aaa tgc ttt 4749  
Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe  
450 455 460

gct tac ttt gca atg ttt cca aaa gat tat atg ttt gaa aag gac caa 4797  
Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
465 470 475 480

cta atc caa ctc tgg atg gca gaa ggg ttt ctt cgt cca agt caa gag 4845  
 Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
 485 490 495

atc cct gtg atg gaa gac gtt ggg cac agg ttt ttt caa atc ttg ttg 4893  
 Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
 500 505 510

cag aat tcc ttg cta caa gat gtt ctg tta gat gaa cac aac aat ata 4941  
 Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Leu Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
 515 520 525

aca cac tgc aag atg cac gat ctt gtg cat gat ttg gct gga gat atc 4989  
 Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
 530 535 540

tta aaa tct aga cta ttt gat ccg aag ggc gac aat gga gaa aaa ctt 5037  
 Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
 545 550 555 560

tct caa gtt cga tac ttt gga tgt gag tca cca acg gat caa ata gat 5085  
 Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp  
 565 570 575

aag ata tat gag cca gaa cgt ttg tgc aca ctg ttt tgg aga agc aat 5133  
 Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
 580 585 590

tat aca tct aaa gat atg ctg ttg aac ttt aag ttc ttg aga gtt tta 5181  
 Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
 595 600 605

gat ttg tcc agt tca gga atc aag gag ttg tca gcc aaa atc ggg aag 5229  
 Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
 610 615 620

ctg ata tac ttg aga tat ctt gat ctc tcg aac act gag atc aca gcc 5277  
 Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
 625 630 635 640

ttg ccc aac tcc att tgc aag ctc tat aat ttg caa aca ttt aga gtc 5325  
 Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
 645 650 655

atc aac tgc ttt tca ctc cag gaa ctt cca tat gag atg aga aat atg 5373  
 Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
 660 665 670

ata agt ttg aga cac ata tat tac act tct gtt gac gaa aca agt ggg 5421  
 Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser Gly  
 675 680 685

cat tgg gga gga tgg tgt ctt cac aat gaa cat ttt cag att cca ctt 5469  
 His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
 690 695 700

aat atg ggg caa ttg act agt ctt caa acc ctc aag ttt ttc aag gta 5517  
 Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
 705 710 715 720

ggg tta gag aaa ggt cgt caa ata gaa gaa tta ggt cat ttg aaa aac 5565  
 Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
 725 730 735

cta aga ggt gaa ttg acg atc aat ggt ctc caa ttg gtc tgt gat aaa 5613  
 Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
 740 745 750

gaa gag gct caa aca gca tat tta cac gat aaa cca aac atc tgc aag 5661  
 Glu Glu Ala Gln Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
 755 760 765

ctg gca tat tta tgg tcc cat gat gaa tca gaa ggc tgt gag atc aat 5709  
 Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn  
 770 775 780

gat gag cat gtg ttg gat ggt ctt caa ccg cat cct aac ttg aaa acc 5757  
 Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
 785 790 795 800

tta gca gta gtg gac tat tta ggg act aaa ttt cct tca tgg ttc agt 5805  
 Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser  
 805 810 815

gaa gag tcg cta cca aat ttg gtc aag ttg aaa tta agt ggt agc aaa 5853  
 Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
 820 825 830

agg tgc aaa gaa att cca tcc ctt ggc caa ctg aaa ttc ctt cgg cat 5901  
 Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
 835 840 845

ctt gag ctg ata gga ttc cat gag ttg gaa tgc att gga cct gct ttt 5949  
 Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Phe  
 850 855 860

tat ggt gtt gag atg aga aat att gga tca aac agc att atc caa gtg 5997  
 Tyr Gly Val Glu Met Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln Val  
 865 870 875 880

ttc ccg tca ttg aaa aaa cta gta ttg aag gat atg cgt agc ctt att 6045  
 Phe Pro Ser Leu Lys Lys Leu Val Leu Lys Asp Met Arg Ser Leu Ile  
 885 890 895

gag tgg aag gga gat gaa gtt gga gta aga atg tct ccc ggt ctt gag 6093  
 Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
 900 905 910

aag ttg cgg att aca gac tgt cca ttg tta aaa agt att ccg aat caa 6141  
 Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
 915 920 925

ttt gaa atc ctc cgt caa tta aaa att aca gga gtt gac agt gaa atg 6189  
 Phe Glu Ile Leu Arg Gln Leu Lys Ile Thr Gly Val Asp Ser Glu Met  
 930 935 940

cca ttg ttg aac ttg tgc agc aac ttg aca tct ctc gta aag ctt aga 6237  
 Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Arg  
 945 950 955 960

gtc tat gat atg aaa gag ctc act tgt ctt cca gat gag atg cta cgt 6285  
 Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Met Leu Arg  
 965 970 975

aac aac gtt tct ctt caa cag ata ata att ttc aac tgc gga gag ttt 6333  
 Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Ile Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe  
 980 985 990

cgt gaa ttg cca caa agc ttg tac aat ctc cat tct ctt agg aga tta 6381  
 Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Arg Arg Leu  
 995 1000 1005

gac att tac aac tgc acc aat ttc agt tct ctt cct gtt ccc aat 6426  
 Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn  
 1010 1015 1020

gga gac aac tat ttg act tcc ctc gaa ttc ttt tgc tta cat aat 6471  
 Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Cys Leu His Asn  
 1025 1030 1035

tgt aat gga ttg atc agt ata cca att gga atg cta gat caa tgc 6516  
 Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
 1040 1045 1050

cgg cta gtg ttt ttg aat gtc agc tgc tgt aac aac ttg gtt tca 6561  
 Arg Leu Val Phe Leu Asn Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val Ser  
 1055 1060 1065

ttc cct gta cat gtg tgg gaa atg cct tca ctt tca tat ttg ctt 6606  
 Phe Pro Val His Val Trp Glu Met Pro Ser Leu Ser Tyr Leu Leu  
 1070 1075 1080

ata tca gaa tgt ccc aaa ttg att agt gta ccc aaa gtg ggc ctt 6651  
 Ile Ser Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly Leu  
 1085 1090 1095

cac cat ctc acc ggg tta gtg aga ttg gga att ggt cct ttc tca 6696  
 His His Leu Thr Gly Leu Val Arg Leu Gly Ile Gly Pro Phe Ser  
 1100 1105 1110

gag atg gtg gat ttt gat gca ttc caa ttg att ttt aat ggc att 6741  
 Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly Ile  
 1115 1120 1125

cag cag ttg ttg tcc ctt cgt gat ctg gag gtg tac gga cgt ggg 6786  
 Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg Gly  
 1130 1135 1140

cac tgg gat tct ctg ccc tat cag ctt atg caa ctc tct gac cta 6831  
 His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asp Leu  
 1145 1150 1155

aga gag atc aca ata gct gat ttc gga att gag gct ctt cct cct 6876  
 Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro Pro  
 1160 1165 1170

act ctt gac aac ctt act tct ctt gaa agt ttg acg cta gtg agg 6921  
 Thr Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Val Arg  
 1175 1180 1185

tgc aaa cag cta caa cat ctg aac ttc tca gat gcc atg ccc aaa 6966  
 Cys Lys Gln Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro Lys  
 1190 1195 1200

tta cgg ctc ctg tgg ata cgt gat tgt cca ttg tta gaa gct ctg 7011  
 Leu Arg Leu Leu Trp Ile Arg Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala Leu  
 1205 1210 1215

tcg gat ggg ctc ggc aac ctt gtt tct ttg gaa gaa tta tat tta 7056  
 Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr Leu  
 1220 1225 1230

cat gac tgc gaa aaa cta gag cat cta ccg tcc cga gat gcc atg 7101  
 His Asp Cys Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser Arg Asp Ala Met  
 1235 1240 1245

cga cgc ctc act aaa tta tgg aac atg aga att aaa gga tgc cca 7146  
 Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Arg Ile Lys Gly Cys Pro  
 1250 1255 1260

aag tta gaa gaa agt ttc acc aac tac tcc cag tgg tcc aaa att 7191  
 Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys Ile  
 1265 1270 1275

tcc cat att tca aat att gaa tta ggt ggg tgg aga agg aca gcc 7236  
 Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr Ala  
 1280 1285 1290

ata agt ctc ggt ttc tct ttc act ttc tga gtcgcttgca tttttaatta 7286  
 Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
 1295 1300

gaatattatt ttccacgagt tccaaaaag aagttttgta agtaatgtaa taatttttct 7346

tgaaattatt ttgacataaa aaaaaaagct agattatcaa tcaattgcat ctgttgctat 7406

gctttcagga ttctgcttgt ccactgaac tgaattgctg ttattctaaa aattatgttt 7466

cttttccta tagatagcca ttatagacgt ctctgtgta aatcaagcca aatcatatga 7526

gcagcaggca attacgtaag gtaaattttc atttataatt tataggcact ttgtaatcta 7586

ctgttttcta tctttctttt tgttgaaac caatttttgg aggtctatgc tgatgaatac 7646

aacattacct tccttaaaaa aaagttaaat catgaaaatt tatgatttct gtcacatagg 7706  
 tactaggtagc aaggacatgg tagaacatcg ttgtgggtata tctagtcaaa atccatgggc 7766  
 agaatacatgt taggcatttt tatttagttg ttagaggaat gctataacaa gtttgtaaag 7826  
 ttctctttt ttactttcc ttttcttca tgaataaatt ttaatgttta acgggacttg 7886  
 tcgtgtttca cagaggaacc g 7907

<210> 126  
 <211> 1302  
 <212> PRT  
 <213> Solanum chacoense

<400> 126

Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
 1 5 10 15

Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
 20 25 30

Leu Val Gln Thr Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
 35 40 45

Pro Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser  
 50 55 60

Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
 65 70 75 80

Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
 85 90 95

Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn  
 100 105 110

Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Gln Asn Val Phe Asp Arg Phe  
 115 120 125

Ile Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
 130 135 140

Val Ser Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
 145 150 155 160

Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
165 170 175

Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu  
180 185 190

Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Phe Val Val Ala Ser Asp Ile Val Gly  
195 200 205

Arg Asp Leu Asp Ile Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Asn Met Arg  
210 215 220

Glu Glu Asp Ile Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
225 230 235 240

Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Met  
245 250 255

Lys Gln Ile Phe Glu Lys Arg Ile Trp Leu Cys Leu Pro Glu Met Ser  
260 265 270

Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
275 280 285

Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
290 295 300

Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Cys  
305 310 315 320

Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Ile Asp Thr Leu Arg Gly Ile  
325 330 335

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

Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
355 360 365

Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
370 375 380



Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met  
385 390 395 400

Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Val Leu Gly Gly Leu Leu His  
405 410 415

Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
420 425 430

Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
435 440 445

Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe  
450 455 460

Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
465 470 475 480

Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
485 490 495

Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
500 505 510

Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Leu Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
515 520 525

Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
530 535 540

Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
545 550 555 560

Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp  
565 570 575

Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
580 585 590

Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
595 600 605

Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
610 615 620

Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
625 630 635 640

Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
645 650 655

Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
660 665 670

Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser Gly  
675 680 685

His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
690 695 700

Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
705 710 715 720

Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
725 730 735

Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
740 745 750

Glu Glu Ala Gln Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
755 760 765

Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn  
770 775 780

Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
785 790 795 800

Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser  
805 810 815

Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
820 825 830

Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
835 840 845

Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Phe  
850 855 860

Tyr Gly Val Glu Met Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln Val  
865 870 875 880

Phe Pro Ser Leu Lys Lys Leu Val Leu Lys Asp Met Arg Ser Leu Ile  
885 890 895

Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
900 905 910

Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
915 920 925

Phe Glu Ile Leu Arg Gln Leu Lys Ile Thr Gly Val Asp Ser Glu Met  
930 935 940

Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Arg  
945 950 955 960

Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Met Leu Arg  
965 970 975

Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Ile Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe  
980 985 990

Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Arg Arg Leu  
995 1000 1005

Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn  
1010 1015 1020

Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Cys Leu His Asn  
1025 1030 1035

Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
1040 1045 1050

Arg Leu Val Phe Leu Asn Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val Ser  
1055 1060 1065

Phe Pro Val His Val Trp Glu Met Pro Ser Leu Ser Tyr Leu Leu  
1070 1075 1080

Ile Ser Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly Leu  
1085 1090 1095

His His Leu Thr Gly Leu Val Arg Leu Gly Ile Gly Pro Phe Ser  
1100 1105 1110

Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly Ile  
1115 1120 1125

Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg Gly  
1130 1135 1140

His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asp Leu  
1145 1150 1155

Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro Pro  
1160 1165 1170

Thr Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Val Arg  
1175 1180 1185

Cys Lys Gln Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro Lys  
1190 1195 1200

Leu Arg Leu Leu Trp Ile Arg Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala Leu  
1205 1210 1215

Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr Leu  
1220 1225 1230

His Asp Cys Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser Arg Asp Ala Met  
1235 1240 1245

Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Arg Ile Lys Gly Cys Pro  
1250 1255 1260

Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys Ile  
1265 1270 1275

Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr Ala  
1280 1285 1290

Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
1295 1300

<210> 127  
<211> 113  
<212> PRT  
<213> Збудники Фітофтори

<400> 127

Met Ala Thr Ala Thr Val Leu Val Gln Ser Pro Ala Ser Gly Leu Thr  
1 5 10 15

Thr Thr Val Ala Asp Thr Ala Gln Thr Ala Thr Ser Ile Leu Thr Pro  
20 25 30

Val Leu Ala Gly Glu Pro Asn Lys His Val Thr Thr Arg Ser Leu Arg  
35 40 45

Thr His Pro Ile Ala Asp Ser Asp Asp Gly Glu Glu Arg Leu Leu Asn  
50 55 60

Gly Met Thr Asp Phe Val Lys Tyr His Ala Gly Lys Met Asn Pro Glu  
65 70 75 80

Gln Leu Tyr Lys Tyr Leu Lys Leu Gln Gly Arg Gly Gln Glu Ala Tyr  
85 90 95

Lys His Lys Asn Tyr Ala Ser Tyr Ile Lys Lys Ser Lys Lys Trp Trp  
100 105 110

Lys

<210> 128  
<211> 115  
<212> PRT

<213> Збудники фітофтори

<400> 128

Met Ala Thr Ala Thr Val Leu Val Gln Ser Pro Ala Ser Gly Leu Thr  
1 5 10 15

Thr Thr Val Ala Asp Thr Ala Gln Thr Ala Thr Ser Ile Leu Thr Pro  
20 25 30

Val Leu Ala Gly Glu Pro Asn Lys His Val Thr Thr Arg Ser Leu Arg  
35 40 45

Thr His Pro Ile Ala Asp Ser Asp Asp Gly Glu Glu Arg Leu Leu Asn  
50 55 60

Gly Met Thr Asp Phe Val Lys Tyr His Ala Gly Lys Met Asn Pro Glu  
65 70 75 80

Gln Leu Tyr Lys Tyr Leu Lys Leu Gln Gly Arg Gly Gln Glu Ala Tyr  
85 90 95

Lys His Lys Asn Tyr Ala Ser Tyr Ile Lys Lys Ser Lys Lys Trp Trp  
100 105 110

Lys Asn Gln  
115

<210> 129

<211> 123

<212> PRT

<213> Збудники фітофтори

<400> 129

Met Arg Val Leu Cys Leu Ala Leu Met Ala Thr Ala Thr Val Leu Val  
1 5 10 15

Pro Ser Pro Ala Ser Gly Leu Thr Thr Thr Val Ala Asp Thr Ala Gln  
20 25 30

Thr Ala Thr Ser Ile Leu Thr Pro Val Leu Ala Gly Glu Pro Asn Lys  
35 40 45

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

50            55            60  
 Asp Gly Glu Glu Arg Leu Leu Asn Gly Met Thr Asp Phe Val Lys Tyr  
 65            70            75            80  
 His Ala Gly Lys Met Asn Pro Glu Gln Leu Tyr Lys Tyr Leu Lys Leu  
               85            90            95  
 Gln Gly Arg Gly Gln Glu Ala Tyr Lys His Lys Asn Tyr Ala Ser Tyr  
               100            105            110  
 Ile Lys Lys Ser Lys Lys Trp Trp Lys Asn Gln  
               115            120  
 <210> 130  
 <211> 123  
 <212> PRT  
 <213> Збудники фітофтори  
 <400> 130  
 Met Arg Val Leu Cys Leu Ala Leu Met Ala Thr Ala Thr Val Leu Val  
 1            5            10            15  
 Gln Ser Pro Ala Ser Gly Leu Thr Thr Thr Val Ala Asp Thr Ala Gln  
               20            25            30  
 Thr Ala Thr Ser Ile Leu Thr Pro Val Leu Ala Gly Glu Pro Asn Lys  
               35            40            45  
 His Val Ala Thr Arg Ser Leu Arg Thr His Pro Ile Asp Asp Ser Asp  
               50            55            60  
 Asp Gly Glu Glu Arg Leu Leu Asn Gly Met Thr Asp Phe Phe Lys Tyr  
 65            70            75            80  
 His Ala Gly Lys Met Ser Pro Glu Gln Leu Tyr Lys Tyr Leu Asn Leu  
               85            90            95  
 Lys Gly Leu Gly Gln Glu Ala Tyr Lys His Lys Asn Tyr Ala Ser Tyr  
               100            105            110  
 Ile Lys Lys Ser Lys Lys Trp Trp Lys Asn Gln  
               115            120

<210> 131  
 <211> 123  
 <212> PRT  
 <213> Збудники фітофтори

<400> 131

Met Arg Val Leu Cys Leu Ala Leu Met Ala Thr Ala Thr Val Leu Val  
 1 5 10 15

Gln Ser Pro Ala Ser Gly Leu Thr Thr Thr Val Ala Asp Thr Ala Gln  
 20 25 30

Thr Ala Thr Ser Ile Leu Thr Pro Val Leu Ala Gly Glu Pro Asn Lys  
 35 40 45

His Val Ala Thr Arg Ser Leu Arg Thr His Pro Ile Asp Asp Ser Asp  
 50 55 60

Asp Gly Glu Glu Arg Leu Leu Asn Gly Met Thr Asp Phe Phe Lys Tyr  
 65 70 75 80

His Ala Gly Lys Met Ser Pro Glu Gln Leu Tyr Lys Tyr Leu Asn Leu  
 85 90 95

Lys Gly Leu Gly Gln Glu Ala Tyr Lys His Lys Asn Tyr Ala Ser Tyr  
 100 105 110

Ile Lys Lys Ser Lys Lys Trp Trp Lys Asn Gln  
 115 120

<210> 132  
 <211> 123  
 <212> PRT  
 <213> Збудники фітофтори

<400> 132

Met Arg Val Leu Cys Leu Ala Leu Met Ala Thr Ala Thr Val Leu Val  
 1 5 10 15

Pro Ser Pro Ala Ser Gly Leu Thr Thr Thr Val Ala Asp Thr Ala Gln  
 20 25 30



Thr Ala Thr Ser Ile Leu Thr Pro Val Leu Ala Gly Glu Pro Asn Lys  
35 40 45

His Val Ala Thr Arg Ser Leu Arg Thr His Pro Ile Asp Asp Ser Asp  
50 55 60

Asp Gly Glu Glu Arg Leu Leu Asn Gly Met Thr Asp Phe Phe Lys Tyr  
65 70 75 80

His Ala Gly Lys Met Ser Pro Glu Gln Leu Tyr Lys Tyr Leu Asn Leu  
85 90 95

Lys Gly Leu Gly Gln Glu Ala Tyr Lys His Lys Asn Tyr Ala Ser Tyr  
100 105 110

Ile Lys Lys Ser Lys Lys Trp Trp Lys Asn Gln  
115 120

<210> 133  
<211> 123  
<212> PRT  
<213> Збудники фітофтори

<400> 133

Met Arg Val Leu Cys Leu Ala Leu Met Ala Thr Ala Thr Val Leu Val  
1 5 10 15

Pro Ser Pro Ala Ser Gly Leu Thr Thr Thr Val Ala Asp Thr Ala Gln  
20 25 30

Thr Ala Thr Ser Ile Leu Thr Pro Val Leu Ala Gly Glu Pro Asn Lys  
35 40 45

His Val Ala Thr Arg Ser Leu Arg Thr His Pro Ile Asp Asp Ser Asp  
50 55 60

Asp Gly Glu Glu Arg Leu Leu Asn Gly Met Thr Asp Phe Phe Lys Tyr  
65 70 75 80

His Ala Gly Lys Met Ser Pro Glu Gln Leu Tyr Lys Tyr Leu Asn Leu  
85 90 95

Lys Gly Leu Gly Gln Glu Ala Tyr Lys His Lys Asn Tyr Ala Ser Tyr

100 105 110

Ile Lys Lys Ser Lys Lys Trp Trp Lys Asn Gln  
115 120

<210> 134  
<211> 84  
<212> PRT  
<213> Збудники фітофтори

<400> 134

Met Arg Val Leu Cys Leu Ala Leu Met Ala Thr Ala Thr Val Leu Val  
1 5 10 15

Pro Ser Pro Ala Ser Gly Leu Thr Thr Thr Val Ala Asp Thr Ala Gln  
20 25 30

Thr Ala Thr Ser Ile Leu Thr Pro Val Leu Ala Gly Glu Pro Asn Lys  
35 40 45

His Val Ala Thr Arg Ser Leu Arg Thr His Pro Ile Asp Asp Ser Asp  
50 55 60

Asp Gly Glu Glu Arg Leu Leu Asn Gly Met Thr Asp Phe Phe Lys Tyr  
65 70 75 80

His Ala Gly Lys

<210> 135  
<211> 70  
<212> PRT  
<213> Збудники фітофтори

<400> 135

Met Arg Val Leu Cys Leu Ala Leu Met Ala Thr Ala Thr Val Leu Val  
1 5 10 15

Pro Ser Pro Ala Ser Gly Leu Thr Thr Thr Val Ala Asp Thr Ala Gln  
20 25 30

Thr Ala Thr Ser Ile Leu Thr Pro Val Leu Ala Gly Glu Pro Asn Lys  
35 40 45

His Val Ala Thr Arg Ser Leu Arg Thr His Pro Ile Asp Asp Ser Asp  
50 55 60

Asp Gly Glu Glu Arg Leu  
65 70

<210> 136  
<211> 20  
<212> ДНК  
<213> Штучний

<220>  
<223> праймер

<400> 136  
gcggagagatt tcgtgaattg 20

<210> 137  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> Штучний

<220>  
<223> праймер

<400> 137  
ccsacacatg tacaggaat g 21

<210> 138  
<211> 22  
<212> ДНК  
<213> Штучний

<220>  
<223> праймер

<400> 138  
acatctctcg taaagcttag ag 22

<210> 139  
<211> 22  
<212> ДНК  
<213> Штучний

<220>  
<223> праймер

<400> 139  
acagataata attttcaact gc 22

<210> 140  
 <211> 22  
 <212> ДНК  
 <213> Штучний

<220>  
 <223> праймер

<400> 140  
 atttgggaca ttctgatata ag 22

<210> 141  
 <211> 22  
 <212> ДНК  
 <213> Штучний

<220>  
 <223> праймер

<400> 141  
 cactttcata ttgcttata tc 22

<210> 142  
 <211> 22  
 <212> ДНК  
 <213> Штучний

<220>  
 <223> праймер

<400> 142  
 gacaatcacg tatccacagg ag 22

<210> 143  
 <211> 55  
 <212> ДНК  
 <213> Штучний

<220>  
 <223> праймер

<400> 143  
 ggggacaagt ttgtacaaaa aagcaggcta tgaattattg tcttcctcg agtac 55

<210> 144  
 <211> 53  
 <212> ДНК  
 <213> Штучний

<220>  
 <223> праймер

<400> 144  
ggggaccact ttgtacaaga aagctggggt cagaaagtga aagagaaacc gag 53

<210> 145  
<211> 46  
<212> ДНК  
<213> Штучний

<220>  
<223> праймер

<400> 145  
ggggacaact ttgtatagaа aagttgacgc atcaggaaga gaggag 46

<210> 146  
<211> 48  
<212> ДНК  
<213> Штучний

<220>  
<223> праймер

<400> 146  
ggggactgct ttttgtaca aacttgatac aatcattcaa acagtaat 48

<210> 147  
<211> 47  
<212> ДНК  
<213> Штучний

<220>  
<223> праймер

<400> 147  
ggggacagct ttctgtaca aagtggtcg ctgcatttt taattag 47

<210> 148  
<211> 46  
<212> ДНК  
<213> Штучний

<220>  
<223> праймер

<400> 148  
ggggacaact ttgtataata aagttggcgg ttctctgtg aaacac 46

<210> 149  
<211> 50  
<212> ДНК

<213> Штучний

<220>

<223> праймер

<400> 149

ggggacaact ttgtatagaa aagttgtgat ttgttttcc tattcctgac 50

<210> 150

<211> 20

<212> ДНК

<213> Штучний

<220>

<223> праймер

<400> 150

atgaattatt gtcttccttc 20

<210> 151

<211> 22

<212> ДНК

<213> Штучний

<220>

<223> праймер

<400> 151

acacaaaatg tatctttaat cc 22

<210> 152

<211> 22

<212> ДНК

<213> Штучний

<220>

<223> праймер

<400> 152

agagttgacg gctatcaata ag 22

<210> 153

<211> 22

<212> ДНК

<213> Штучний

<220>

<223> праймер

<400> 153

ttacaatgat gaacacatga ag 22

<210> 154	
<211> 22	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 154	
gaggaataaa tacatccaga gg	22
<210> 155	
<211> 21	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 155	
асааагаааа асатгаатgg с	21
<210> 156	
<211> 19	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 156	
gaagacgttg ggcacaggt	19
<210> 157	
<211> 20	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 157	
ttgtgcacac tgttttggag	20
<210> 158	
<211> 21	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	

<400> 158  
tgagatgaga aatatgataa g 21

<210> 159  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> Штучний

<220>  
<223> праймер

<400> 159  
tgataaagaa gaggtcaaa c 21

<210> 160  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> Штучний

<220>  
<223> праймер

<400> 160  
gcaaagaaat tccatccctt g 21

<210> 161  
<211> 22  
<212> ДНК  
<213> Штучний

<220>  
<223> праймер

<400> 161  
cagactgtcc attgttaaaa ag 22

<210> 162  
<211> 20  
<212> ДНК  
<213> Штучний

<220>  
<223> праймер

<400> 162  
aatctccatt ctcttaggag 20

<210> 163  
<211> 21  
<212> ДНК



<213> Штучний

<220>

<223> праймер

<400> 163

atatcagaat gtcccaaatt g

21

<210> 164

<211> 21

<212> ДНК

<213> Штучний

<220>

<223> праймер

<400> 164

aattgaggct cttcctccta c

21

<210> 165

<211> 22

<212> ДНК

<213> Штучний

<220>

<223> праймер

<400> 165

cctcactaaa ttatggaaca tg

22

<210> 166

<211> 21

<212> ДНК

<213> Штучний

<220>

<223> праймер

<400> 166

tgсaggасgc atcaggaaga g

21

<210> 167

<211> 22

<212> ДНК

<213> Штучний

<220>

<223> праймер

<400> 167

ataagccaca atgcaaatat at

22

<210> 168	
<211> 22	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 168	
atttagttac attgtaacta tc	22
<210> 169	
<211> 22	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 169	
gagaaaaaac attaatgcat ac	22
<210> 170	
<211> 24	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 170	
tcttttaaat ttattttact atac	24
<210> 171	
<211> 21	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	
<400> 171	
caaaaatatct tttagtacta c	21
<210> 172	
<211> 22	
<212> ДНК	
<213> Штучний	
<220>	
<223> праймер	

<400> 172  
tatgatgaat tcgttttgtt tg 22

<210> 173  
<211> 20  
<212> ДНК  
<213> Штучний

<220>  
<223> праймер

<400> 173  
ctcgaaattt tattagtacc 20

<210> 174  
<211> 20  
<212> ДНК  
<213> Штучний

<220>  
<223> праймер

<400> 174  
tgatatatat tgggcccggtg 20

<210> 175  
<211> 20  
<212> ДНК  
<213> Штучний

<220>  
<223> [праймер

<400> 175  
atctataact cacacctctc 20

<210> 176  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> Штучний

<220>  
<223> праймер

<400> 176  
ttgaatgatg gctatggctt g 21

<210> 177  
<211> 22  
<212> ДНК

<213> Штучний

<220>

<223> праймер

<400> 177  
gtttttaaaa ttctgtattg cg 22

<210> 178  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> Штучний

<220>

<223> праймер

<400> 178  
ttattattgt gaagtagaa g 21

<210> 179  
<211> 20  
<212> ДНК  
<213> Штучний

<220>

<223> праймер

<400> 179  
agttttatag agaggctctg 20

<210> 180  
<211> 21  
<212> ДНК  
<213> Штучний

<220>

<223> праймер

<400> 180  
aagcgsgaat aagttctctt g 21

<210> 181  
<211> 3912  
<212> ДНК  
<213> Solanum berthaultii

<220>

<221> CDS  
<222> (1)..(3912)

<400> 181

atg aat tat tgt ctt cct tcg agt act cta caa aca act acc aaa cga 48  
Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
1 5 10 15

aga ctt act ttg aga aga ctt tgt tgc aaa cag ctc agg aag aag act 96  
Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30

ttg gtg cag att gca gag gaa gag gaa gca aac aca act atg gcc gat 144  
Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45

gct gta att ggt gct act gtt caa gtt ttg ctt gaa aag ttg att tct 192  
Ala Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser  
50 55 60

ctc act atc gag gag gtc aac agc tca agg gat ttc aac aaa gat ctc 240  
Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80

gaa atg ttg aca caa aat gta tct tta atc caa gct ttc att cat gat 288  
Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95

gtt gaa aca cca caa gag aaa caa cag tct gtc gaa cac tgg ctc aac 336  
Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu His Trp Leu Asn  
100 105 110

agg ctt gag aga gtt gct gaa gat gct gaa aat gtg ttt gat cga ttc 384  
Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
115 120 125

aga tat gaa tct ctc aaa aca aaa gtg gtg agg agc cca ttg aaa aag 432  
Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
130 135 140

gtc agt ggt ttc ttt tct cat act gct ttt aag aga aaa atg tct caa 480  
Val Ser Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
145 150 155 160

aaa atc aac aac atc aat aaa gag ttg acg gct atc aat aag gta gcc 528  
Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
165 170 175

aaa gac ctc ggt cta caa tca ctc atg gta cct tct cgg aaa ata cta 576  
Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu  
180 185 190

cca att cga gaa aca gat tcc ttc gta ggt gct tct gat gtt gtt ggt 624  
Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Phe Val Gly Ala Ser Asp Val Val Gly  
195 200 205

aga gat tta gat gtt gct gag ata aag gag aag att ttg aag atg aga 672  
Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Lys Met Arg  
210 215 220

gag gag gat gtt gtt ctg tcc acc att ccc ata gta ggt atg gga ggt 720  
 Glu Glu Asp Val Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
 225 230 235 240

tta ggg aaa aca act gtg gct aag agg att tac aat gat gaa cac atc 768  
 Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Ile  
 245 250 255

aag caa atc ttt aaa gag aga att tgg ttg tgt ata cct gaa atg tct 816  
 Lys Gln Ile Phe Lys Glu Arg Ile Trp Leu Cys Ile Pro Glu Met Ser  
 260 265 270

gaa acg aag agc ttt ctt gaa caa atc ctc gaa tcg ttg ata gag agg 864  
 Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
 275 280 285

aaa att gag gtt gaa agg aga gat ata ata gtc aag aag cta caa gat 912  
 Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
 290 295 300

gaa ttg gga gga aaa aaa tat ttg cta gtc ctg gat gat ttg tgg cgt 960  
 Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg  
 305 310 315 320

gtt gac tct aca tcg tgg cat gag ttc gtc gac acc ctg aga gga ata 1008  
 Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asp Thr Leu Arg Gly Ile  
 325 330 335

aat aca tcc aga gga aac tgc att ctt gtg act act cgt atg aag cgg 1056  
 Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Met Lys Arg  
 340 345 350

gtg gca tcc aca gta gca aca gat ctt cat atc ttg ggg aag tta aca 1104  
 Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
 355 360 365

gaa gat cat tgt tgg tct att ttc aaa caa aaa gca ttt gtt gat ggc 1152  
 Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
 370 375 380

agg gtt cca gag gaa tta gcg agc atg ggc aac aat att gtt aaa atg 1200  
 Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Asn Ile Val Lys Met  
 385 390 395 400

tgc caa ggt cta ccg ttg gct gca agt gca ttg gga ggg ctc tta cac 1248  
 Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Ala Leu Gly Gly Leu Leu His  
 405 410 415

aac aaa gaa aaa cat gaa tgg caa gca att ctt gat ggc aac ctc ctt 1296  
 Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
 420 425 430

gtt gca ggt gaa gat gat aat gga gaa aat agc ata aag aaa atc cta 1344  
 Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
 435 440 445

aaa ctc agc tat gat tat cta cca tct cca cat ctg aaa caa tgc ttt 1392  
 Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Gln Cys Phe  
 450 455 460

gct tac ttt gca atg ttt cca aaa gat tat atg ttt gaa aag gac caa 1440  
 Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
 465 470 475 480

cta atc caa ctc tgg atg gca gaa ggg ttt ctt cgt cca agt caa gag 1488  
 Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
 485 490 495

atc cct gtg atg gaa gac gtt ggg cac agg ttt ttt caa atc ttg ttg 1536  
 Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
 500 505 510

cag aat tcc ttg cta caa gat gtt gtg tta gat gaa cac aac aat ata 1584  
 Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Val Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
 515 520 525

aca cac tgt aag atg cac gat ctt gtg cat gat ttg gct gga gat atc 1632  
 Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
 530 535 540

tta aaa tct aga cta ttt gat ccg aag ggc gac aat gga gaa aaa ctt 1680  
 Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
 545 550 555 560

tct caa gtt cga tac ttt gga tgt gag tca cca aag gat caa ata gat 1728  
 Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Lys Asp Gln Ile Asp  
 565 570 575

aag ata tat gag cca gaa cgt ttg tgc aca ctg ttt tgg aga agc aat 1776  
 Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
 580 585 590

tat aca tct aaa gat atg ctg ttg aac ttt aag ttc ttg aga gtt tta 1824  
 Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
 595 600 605

gat ttg tcc agt tca gga atc aag gag ttg tca gcc aaa atc ggg aag 1872  
 Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
 610 615 620

ctg ata tac ttg aga tat ctt gat ctc tcg aac act gag atc aca gcc 1920  
 Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
 625 630 635 640

ttg ccc aac tcc att tgc gag ctc tat aat ttg caa aca ttt aga gtc 1968  
 Leu Pro Asn Ser Ile Cys Glu Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
 645 650 655

atc aac tgc ttt tca ctc cag gga ctt cca tat gag atg aga aat atg 2016  
 Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Gly Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
 660 665 670

ata agt ttg aga cac ata tat tac act tct att gac gaa aca agt ggg 2064  
Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Ile Asp Glu Thr Ser Gly  
675 680 685

cat tgg gga gga tgg tgt ctt cac aat gaa cat ttt cag att cca ctt 2112  
His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
690 695 700

aat atg ggg caa ttg act agt ctt caa acc ctc aag ttt ttc aag gta 2160  
Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
705 710 715 720

ggg tta gag aaa ggt cgt caa ata gaa gaa tta ggt cat ttg aaa aac 2208  
Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
725 730 735

cta gga ggt gaa ttg aca atc aat ggt ctc caa ttg gtc tgt gat aaa 2256  
Leu Gly Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
740 745 750

gaa gag gct cga aca gca tat tta cac gat aaa cca aac atc tgc aag 2304  
Glu Glu Ala Arg Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
755 760 765

ctg gca tat tta tgg tcc cat gat gaa tca gaa ggc tgt gtg atc aat 2352  
Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Val Ile Asn  
770 775 780

gat gag cat gtg ttg gat ggt ctt caa ccg cat cct aac ttg aaa acc 2400  
Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
785 790 795 800

tta gca gta gtg gac tat tta ggg act aaa ttt cct tca tgg ttc agt 2448  
Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser  
805 810 815

gaa gag tcg cta cca aat ttg gtt aag ttg aaa tta agt ggt agc aaa 2496  
Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
820 825 830

agg tgc aaa gaa att cca tcc ctt ggc caa ctg aaa ttc ctt cgg cat 2544  
Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
835 840 845

ctt gag ctg ata gga ttc cat gag ttg gaa tgc att gga cct gct tta 2592  
Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Leu  
850 855 860

tat ggt gtt gag att aga aat acc gga tca aac agc aat atc caa gtg 2640  
Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Thr Gly Ser Asn Ser Asn Ile Gln Val  
865 870 875 880

ttc ccg tca ttg aaa gaa cta gta ttg gag gat atg cgt agc ctt att 2688  
Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val Leu Glu Asp Met Arg Ser Leu Ile  
885 890 895



gag tgg aag gga gat gaa gtc gga gta aga atg tct ccc ggg ctt gag 2736  
Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
900 905 910

aag ttg cgg att aca gac tgt cca ttg tta aaa agt att cca aat caa 2784  
Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
915 920 925

ttt gaa atc ctc tgt gaa tta gaa att aga gga gtt gac agt gaa atg 2832  
Phe Glu Ile Leu Cys Glu Leu Glu Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Met  
930 935 940

cca ttg ttg aac ttg tgc agc aac ttg aca tct ctc gta aag ctt agt 2880  
Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Ser  
945 950 955 960

gtc tat gat atg aat gag ctc act tgt ctt cca gat gag ata cta cgt 2928  
Val Tyr Asp Met Asn Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Ile Leu Arg  
965 970 975

aac aac gtt tct ctt caa cag ata acg att ttc aac tgt gga gag ttt 2976  
Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Thr Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe  
980 985 990

cgt gaa ttg cca caa agc ttg tac aat ctc cat tct ctt aag aga tta 3024  
Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Lys Arg Leu  
995 1000 1005

gac att tac aac tgc acc aac ttc agt tct ctt cct gtt ccc aat 3069  
Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn  
1010 1015 1020

gga gac aac tat ttg act tcc ctc gaa ttc ttt ttc tta tat aat 3114  
Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Phe Leu Tyr Asn  
1025 1030 1035

tgt aat gga ttg atc agt ata cca att gga atg cta gat caa tgc 3159  
Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
1040 1045 1050

cgg tct cta gag ttt ttg cat gtc agc tgc tgt aac aac ttg gtt 3204  
Arg Ser Leu Glu Phe Leu His Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val  
1055 1060 1065

tca ttc cct tta cat gtg tgg gaa atg cct tca ttt tca ttt ttg 3249  
Ser Phe Pro Leu His Val Trp Glu Met Pro Ser Phe Ser Phe Leu  
1070 1075 1080

gat ata aga gaa tgt ccc aaa ttg att agt gta ccc aaa gtg ggc 3294  
Asp Ile Arg Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly  
1085 1090 1095

ctt cac cat ctc acc ggg tta ttg agt ttg gga att ggt cct ttc 3339  
Leu His His Leu Thr Gly Leu Leu Ser Leu Gly Ile Gly Pro Phe  
1100 1105 1110

tca gag atg gtg gat ttt gat gca ttc caa ttg att ttt aat ggc 3384  
 Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly  
 1115 1120 1125

att cag cag ttg ttg tcc ctt cgt gat ctg gag gtg tac gga cgt 3429  
 Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg  
 1130 1135 1140

ggg cac tgg gat tct ctg ccc tat cag ctt atg caa ctc tct aac 3474  
 Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asn  
 1145 1150 1155

cta aga gag atc aca ata gct gat ttc gga att gag gct ctt cct 3519  
 Leu Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro  
 1160 1165 1170

cct aga ctt gac aac ctt act tct ctt gaa agt ttg acg cta gac 3564  
 Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Asp  
 1175 1180 1185

agg tgc aaa cgg cta caa cat ctg aac ttc tca gat gcc atg ccc 3609  
 Arg Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro  
 1190 1195 1200

aaa tta cgg ctt ctg tgg ata agt gat tgt cca ttg gta gaa gct 3654  
 Lys Leu Arg Leu Leu Trp Ile Ser Asp Cys Pro Leu Val Glu Ala  
 1205 1210 1215

ctg tcg gat ggg ctc ggc aac ctt gtt tct ttg gaa gaa tta tat 3699  
 Leu Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr  
 1220 1225 1230

tta cag gac tgc gaa aaa cta gag ctt cta ccg tcc cga gat gcc 3744  
 Leu Gln Asp Cys Glu Lys Leu Glu Leu Leu Pro Ser Arg Asp Ala  
 1235 1240 1245

atg cga cgc ctc act aaa tta tgg aac atg gga att aaa gga tgc 3789  
 Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Gly Ile Lys Gly Cys  
 1250 1255 1260

cca aag tta gaa gaa agt ttc acc aac tac tcc cag tgg tcc aaa 3834  
 Pro Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys  
 1265 1270 1275

att tcc cat att tca aat att gaa tta ggt ggg tgg aga agg aca 3879  
 Ile Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr  
 1280 1285 1290

gcc ata agt ctc ggt ttc tct ttc act ttc tga 3912  
 Ala Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
 1295 1300

<210> 182  
 <211> 1303  
 <212> PRT

<213> Solanum berthaultii

<400> 182

Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
1 5 10 15

Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30

Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45

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

Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80

Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95

Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu His Trp Leu Asn  
100 105 110

Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
115 120 125

Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
130 135 140

Val Ser Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
145 150 155 160

Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
165 170 175

Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu  
180 185 190

Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Phe Val Gly Ala Ser Asp Val Val Gly  
195 200 205

Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Lys Met Arg  
210 215 220

Glu Glu Asp Val Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
225 230 235 240

Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Ile  
245 250 255

Lys Gln Ile Phe Lys Glu Arg Ile Trp Leu Cys Ile Pro Glu Met Ser  
260 265 270

Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
275 280 285

Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
290 295 300

Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg  
305 310 315 320

Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asp Thr Leu Arg Gly Ile  
325 330 335

Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Met Lys Arg  
340 345 350

Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
355 360 365

Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
370 375 380

Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Asn Ile Val Lys Met  
385 390 395 400

Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Ala Leu Gly Gly Leu Leu His  
405 410 415

Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
420 425 430

Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
435 440 445

Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Gln Cys Phe  
450 455 460

Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
465 470 475 480

Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
485 490 495

Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
500 505 510

Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Val Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
515 520 525

Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
530 535 540

Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
545 550 555 560

Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Lys Asp Gln Ile Asp  
565 570 575

Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
580 585 590

Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
595 600 605

Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
610 615 620

Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
625 630 635 640

Leu Pro Asn Ser Ile Cys Glu Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
645 650 655

Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Gly Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
660 665 670

Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Ile Asp Glu Thr Ser Gly  
675 680 685

His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
690 695 700

Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
705 710 715 720

Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
725 730 735

Leu Gly Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
740 745 750

Glu Glu Ala Arg Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
755 760 765

Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Val Ile Asn  
770 775 780

Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
785 790 795 800

Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser  
805 810 815

Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
820 825 830

Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
835 840 845

Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Leu  
850 855 860

Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Thr Gly Ser Asn Ser Asn Ile Gln Val  
865 870 875 880

Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val Leu Glu Asp Met Arg Ser Leu Ile  
885 890 895

Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
900 905 910

Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
915 920 925

Phe Glu Ile Leu Cys Glu Leu Glu Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Met  
930 935 940

Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Ser  
945 950 955 960

Val Tyr Asp Met Asn Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Ile Leu Arg  
965 970 975

Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Thr Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe  
980 985 990

Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Lys Arg Leu  
995 1000 1005

Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn  
1010 1015 1020

Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Phe Leu Tyr Asn  
1025 1030 1035

Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
1040 1045 1050

Arg Ser Leu Glu Phe Leu His Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val  
1055 1060 1065

Ser Phe Pro Leu His Val Trp Glu Met Pro Ser Phe Ser Phe Leu  
1070 1075 1080

Asp Ile Arg Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly  
1085 1090 1095

Leu His His Leu Thr Gly Leu Leu Ser Leu Gly Ile Gly Pro Phe  
1100 1105 1110

Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly  
1115 1120 1125

Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg  
1130 1135 1140

Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asn  
1145 1150 1155

Leu Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro  
1160 1165 1170

Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Asp  
1175 1180 1185

Arg Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro  
1190 1195 1200

Lys Leu Arg Leu Leu Trp Ile Ser Asp Cys Pro Leu Val Glu Ala  
1205 1210 1215

Leu Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr  
1220 1225 1230

Leu Gln Asp Cys Glu Lys Leu Glu Leu Leu Pro Ser Arg Asp Ala  
1235 1240 1245

Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Gly Ile Lys Gly Cys  
1250 1255 1260

Pro Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys  
1265 1270 1275

Ile Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr  
1280 1285 1290

Ala Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
1295 1300



<210> 183  
 <211> 3912  
 <212> ДНК  
 <213> Solanum berthaultii

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(3912)

<400> 183  
 atg aat tat tgt ctt cct tcg agt act cta caa aca act acc aaa cga 48  
 Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
 1 5 10 15  
 aga ctt act ttg aga aga ctt tgt tgc aaa cag ctc agg aag aag act 96  
 Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
 20 25 30  
 ttg gtg cag att gca gag gaa gag gaa gca aac aca act atg gcc gat 144  
 Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
 35 40 45  
 gct gta att ggt gct act gtt caa gtt ttg ctt gaa aag ttg att tct 192  
 Ala Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser  
 50 55 60  
 ctc act atc gag gag gtc aac agc tca agg gat ttc aac aaa gat ctc 240  
 Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
 65 70 75 80  
 gaa atg ttg aca caa aat gta tct tta atc caa gct ttc att cat gat 288  
 Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
 85 90 95  
 gtt gaa aca cca caa gag aaa caa cag tct gtc gaa cac tgg ctc aac 336  
 Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu His Trp Leu Asn  
 100 105 110  
 agg ctt gag aga gtt gct gaa gat gct gaa aat gtg ttt gat cga ttc 384  
 Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
 115 120 125  
 aga tat gaa tct ctc aaa aca aaa gtg gtg agg agc cca ttg aaa aag 432  
 Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
 130 135 140  
 gtc agt ggt ttc ttt tct cat act gct ttt aag aga aaa atg tct caa 480  
 Val Ser Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
 145 150 155 160  
 aaa atc aac aac atc aat aaa gag ttg acg gct atc aat aag gta gcc 528  
 Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
 165 170 175  
 aaa gac ctc ggt cta caa tca ctc atg gta cct tct cgg aaa ata cta 576

Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu  
 180 185 190  
 cca att cga gaa aca gat tcc ttc gta ggt gct tct gat gtt gtt ggt 624  
 Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Phe Val Gly Ala Ser Asp Val Val Gly  
 195 200 205  
 aga gat tta gat gtt gct gag ata aag gag aag att ttg aag atg aga 672  
 Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Lys Met Arg  
 210 215 220  
 gag gag gat gtt gtt ctg tcc acc att ccc ata gta ggt atg gga ggt 720  
 Glu Glu Asp Val Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
 225 230 235 240  
 tta ggg aaa aca act gtg gct aag agg att tac aat gat gaa cac atc 768  
 Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Ile  
 245 250 255  
 aag caa atc ttt aaa gag aga att tgg ttg tgt ata cct gaa atg tct 816  
 Lys Gln Ile Phe Lys Glu Arg Ile Trp Leu Cys Ile Pro Glu Met Ser  
 260 265 270  
 gaa acg aag agc ttt ctt gaa caa atc ctc gaa tcg ttg ata gag agg 864  
 Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
 275 280 285  
 aaa att gag gtt gaa agg aga gat ata ata gtc aag aag cta caa gat 912  
 Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
 290 295 300  
 gaa ttg gga gga aaa aaa tat ttg cta gtc ctg gat gat ttg tgg cgt 960  
 Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg  
 305 310 315 320  
 gtt gac tct aca tcg tgg cat gag ttc gtc gac acc ctg aga gga ata 1008  
 Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asp Thr Leu Arg Gly Ile  
 325 330 335  
 aat aca tcc aga gga aac tgc att ctt gtg act act cgt atg aag cgg 1056  
 Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Met Lys Arg  
 340 345 350  
 gtg gca tcc aca gta gca aca gat ctt cat atc ttg ggg aag tta aca 1104  
 Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
 355 360 365  
 gaa gat cat tgt tgg tct att ttc aaa caa aaa gca ttt gtt gat ggc 1152  
 Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
 370 375 380  
 agg gtt cca gag gaa tta gcg agc atg ggc aac aat att gtt aaa atg 1200  
 Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Asn Ile Val Lys Met  
 385 390 395 400  
 tgc caa ggt cta ccg ttg gct gca agt gca ttg gga ggg ctc tta cac 1248

Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Ala Leu Gly Gly Leu Leu His  
405 410 415

aac aaa gaa aaa cat gaa tgg caa gca att ctt gat ggc aac ctc ctt 1296  
Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
420 425 430

ggt gca ggt gaa gat gat aat gga gaa aat agc ata aag aaa atc cta 1344  
Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
435 440 445

aaa ctc agc tat gat tat cta cca tct cca cat ctg aaa caa tgc ttt 1392  
Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Gln Cys Phe  
450 455 460

gct tac ttt gca atg ttt cca aaa gat tat atg ttt gaa aag gac caa 1440  
Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
465 470 475 480

cta atc caa ctc tgg atg gca gaa ggg ttt ctt cgt cca agt caa gag 1488  
Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
485 490 495

atc cct gtg atg gaa gac gtt ggg cac agg ttt ttt caa atc ttg ttg 1536  
Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
500 505 510

cag aat tcc ttg cta caa gat gtt gtg tta gat gaa cac aac aat ata 1584  
Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Val Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
515 520 525

aca cac tgt aag atg cac gat ctt gtg cat gat ttg gct gga gat atc 1632  
Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
530 535 540

tta aaa tct aga cta ttt gat cgt aag ggc gac aat gga gaa aaa ctt 1680  
Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
545 550 555 560

tct caa gtt cga tac ttt gga tgt gag tca cca aag gat caa ata gat 1728  
Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Lys Asp Gln Ile Asp  
565 570 575

aag ata tat gag cca gaa cgt ttg tgc aca ctg ttt tgg aga agc aat 1776  
Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
580 585 590

tat aca tct aaa gat atg ctg ttg aac ttt aag ttc ttg aga gtt tta 1824  
Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
595 600 605

gat ttg tcc agt tca gga atc aag gag ttg tca gcc aaa atc ggg aag 1872  
Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
610 615 620

ctg ata tac ttg aga tat ctt gat ctc tcg aac act gag atc aca gcc 1920

Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
 625                      630                      635                      640  
  
 ttg ccc aac tcc att tgc gag ctc tat aat ttg caa aca ttt aga gtc    1968  
 Leu Pro Asn Ser Ile Cys Glu Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
                     645                      650                      655  
  
 atc aac tgc ttt tca ctc cag gga ctt cca tat gag atg aga aat atg    2016  
 Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Gly Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
                     660                      665                      670  
  
 ata agt ttg aga cac ata tat tac act tct att gac gaa aca agt ggg    2064  
 Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Ile Asp Glu Thr Ser Gly  
                     675                      680                      685  
  
 cat tgg gga gga tgg tgt ctt cac aat gaa cat ttt cag att cca ctt    2112  
 His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
                     690                      695                      700  
  
 aat atg ggg caa ttg act agt ctt caa acc ctc aag ttt ttc aag gta    2160  
 Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
 705                      710                      715                      720  
  
 ggt tta gag aaa ggt cgt caa ata gaa gaa tta ggt cat ttg aaa aac    2208  
 Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
                     725                      730                      735  
  
 cta gga ggt gaa ttg aca atc aat ggt ctc caa ttg gtc tgt gat aaa    2256  
 Leu Gly Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
                     740                      745                      750  
  
 gaa gag gct cga aca gca tat tta cac gat aaa cca aac atc tgc aag    2304  
 Glu Glu Ala Arg Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
                     755                      760                      765  
  
 ctg gca tat tta tgg tcc cat gat gaa tca gaa ggc tgt gtg atc aat    2352  
 Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Val Ile Asn  
                     770                      775                      780  
  
 gat gag cat gtg ttg gat ggt ctt caa ccg cat cct aac ttg aaa acc    2400  
 Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
 785                      790                      795                      800  
  
 tta gca gta gtg gac tat tta cgg act aaa ttt cct tca tgg ttc agt    2448  
 Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Arg Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser  
                     805                      810                      815  
  
 gaa gag tcg cta cca aat ttg gtt aag ttg aaa tta agt ggt agc aaa    2496  
 Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
                     820                      825                      830  
  
 agg tgc aaa gaa att cca tcc ctt ggc caa ctg aaa ttc ctt cgg cat    2544  
 Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
                     835                      840                      845  
  
 ctt gag ctg ata gga ttc cat gag ttg gaa tgc att gga cct gct tta    2592

Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Leu  
 850 855 860  
 tat ggt gtt gag att aga aat acc gga tca aac agc aat atc caa gtg 2640  
 Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Thr Gly Ser Asn Ser Asn Ile Gln Val  
 865 870 875 880  
 ttc ccg tca ttg aaa gaa cta gta ttg gag gat atg cgt agc ctt att 2688  
 Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val Leu Glu Asp Met Arg Ser Leu Ile  
 885 890 895  
 gag tgg aag gga gat gaa gtc gga gta aga atg tct ccc ggg ctt gag 2736  
 Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
 900 905 910  
 aag ttg cgg att aca gac tgt cca ttg tta aaa agt att cca aat caa 2784  
 Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
 915 920 925  
 ttt gaa atc ctc tgt gaa tta gaa att aga gga gtt gac agt gaa atg 2832  
 Phe Glu Ile Leu Cys Glu Leu Glu Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Met  
 930 935 940  
 cca ttg ttg aac ttg tgc agc aac ttg aca tct ctc gta aag ctt agt 2880  
 Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Ser  
 945 950 955 960  
 gtc tat gat atg aat gag ctc act tgt ctt cca gat gag ata cta cgt 2928  
 Val Tyr Asp Met Asn Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Ile Leu Arg  
 965 970 975  
 aac aac gtt tct ctt caa cag ata acg att ttc aac tgt gga gag ttt 2976  
 Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Thr Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe  
 980 985 990  
 cgt gaa ttg cca caa agc ttg tac aat ctc cat tct ctt aag aga tta 3024  
 Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Lys Arg Leu  
 995 1000 1005  
 gac att tac aac tgc acc aac ttc agt tct ctt cct gtt ccc aat 3069  
 Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn  
 1010 1015 1020  
 gga gac aac tat ttg act tcc ctc gaa ttc ttt ttc tta tat aat 3114  
 Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Phe Leu Tyr Asn  
 1025 1030 1035  
 tgt aat gga ttg atc agt ata cca att gga atg cta gat caa tgc 3159  
 Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
 1040 1045 1050  
 cgg tct cta gag ttt ttg cat gtc agc tgc tgt aac aac ttg gtt 3204  
 Arg Ser Leu Glu Phe Leu His Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val  
 1055 1060 1065  
 tca ttc cct tta cat gtg tgg gaa atg cct tca ttt tca ttt ttg 3249

Ser Phe Pro Leu His Val Trp Glu Met Pro Ser Phe Ser Phe Leu  
1070 1075 1080

gat ata aga gaa tgt ccc aaa ttg att agt gta ccc aaa gtg ggc 3294  
Asp Ile Arg Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly  
1085 1090 1095

ctt cac cat ctc acc ggg tta ttg agt ttg gga att ggt cct ttc 3339  
Leu His His Leu Thr Gly Leu Leu Ser Leu Gly Ile Gly Pro Phe  
1100 1105 1110

tca gag atg gtg gat ttt gat gca ttc caa ttg att ttt aat ggc 3384  
Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly  
1115 1120 1125

att cag cag ttg ttg tcc ctt cgt gat ctg gag gtg tac gga cgt 3429  
Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg  
1130 1135 1140

ggg cac tgg gat tct ctg ccc tat cag ctt atg caa ctc tct aac 3474  
Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asn  
1145 1150 1155

cta aga gag atc aca ata gct gat ttc gga att gag gct ctt cct 3519  
Leu Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro  
1160 1165 1170

cct aga ctt gac aac ctt act tct ctt gaa agt ttg acg cta gac 3564  
Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Asp  
1175 1180 1185

agg tgc aaa cgg cta caa cat ctg aac ttc tca gat gcc atg ccc 3609  
Arg Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro  
1190 1195 1200

aaa tta cgg ctt ctg tgg ata agt gat tgt cca ttg gta gaa gct 3654  
Lys Leu Arg Leu Leu Trp Ile Ser Asp Cys Pro Leu Val Glu Ala  
1205 1210 1215

ctg tcg gat ggg ctc ggc aac ctt gtt tct ttg gaa gaa tta tat 3699  
Leu Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr  
1220 1225 1230

tta cag gac tgc gaa aaa cta gag ctt cta ccg tcc cga gat gcc 3744  
Leu Gln Asp Cys Glu Lys Leu Glu Leu Leu Pro Ser Arg Asp Ala  
1235 1240 1245

atg cga cgc ctc act aaa tta tgg aac atg gga att aaa gga tgc 3789  
Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Gly Ile Lys Gly Cys  
1250 1255 1260

cca aag tta gaa gaa agt ttc acc aac tac tcc cag tgg tcc aaa 3834  
Pro Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys  
1265 1270 1275

att tcc cat att tca aat att gaa tta ggt ggg tgg aga agg aca 3879

Ile Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr  
1280 1285 1290

gcc ata agt ctc ggt ttc tct ttc act ttc tga 3912  
Ala Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
1295 1300

<210> 184  
<211> 1303  
<212> PRT  
<213> Solanum berthaultii

<400> 184

Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
1 5 10 15

Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30

Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45

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

Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80

Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95

Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu His Trp Leu Asn  
100 105 110

Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
115 120 125

Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
130 135 140

Val Ser Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
145 150 155 160

Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala

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



385            390            395            400  
 Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Ala Leu Gly Gly Leu Leu His  
                  405            410            415  
 Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
                  420            425            430  
 Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
                  435            440            445  
 Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Gln Cys Phe  
                  450            455            460  
 Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
 465            470            475            480  
 Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
                  485            490            495  
 Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
                  500            505            510  
 Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Val Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
                  515            520            525  
 Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
                  530            535            540  
 Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
 545            550            555            560  
 Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Lys Asp Gln Ile Asp  
                  565            570            575  
 Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
                  580            585            590  
 Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
                  595            600            605  
 Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys

610	615	620			
Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala					
625	630	635	640		
Leu Pro Asn Ser Ile Cys Glu Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val					
	645	650	655		
Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Gly Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met					
	660	665	670		
Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Ile Asp Glu Thr Ser Gly					
	675	680	685		
His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu					
	690	695	700		
Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val					
705	710	715	720		
Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn					
	725	730	735		
Leu Gly Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys					
	740	745	750		
Glu Glu Ala Arg Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys					
	755	760	765		
Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Val Ile Asn					
	770	775	780		
Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr					
785	790	795	800		
Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Arg Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser					
	805	810	815		
Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys					
	820	825	830		
Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His					

835	840	845
Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Leu		
850	855	860
Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Thr Gly Ser Asn Ser Asn Ile Gln Val		
865	870	875 880
Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val Leu Glu Asp Met Arg Ser Leu Ile		
885	890	895
Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu		
900	905	910
Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln		
915	920	925
Phe Glu Ile Leu Cys Glu Leu Glu Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Met		
930	935	940
Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Ser		
945	950	955 960
Val Tyr Asp Met Asn Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Ile Leu Arg		
965	970	975
Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Thr Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe		
980	985	990
Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Lys Arg Leu		
995	1000	1005
Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn		
1010	1015	1020
Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Phe Leu Tyr Asn		
1025	1030	1035
Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys		
1040	1045	1050
Arg Ser Leu Glu Phe Leu His Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val		

1055	1060	1065
Ser Phe	Pro Leu His Val Trp	Glu Met Pro Ser Phe Ser Phe Leu
1070	1075	1080
Asp Ile	Arg Glu Cys Pro Lys	Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly
1085	1090	1095
Leu His	His Leu Thr Gly Leu	Leu Ser Leu Gly Ile Gly Pro Phe
1100	1105	1110
Ser Glu	Met Val Asp Phe Asp	Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly
1115	1120	1125
Ile Gln	Gln Leu Leu Ser Leu	Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg
1130	1135	1140
Gly His	Trp Asp Ser Leu Pro	Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asn
1145	1150	1155
Leu Arg	Glu Ile Thr Ile Ala	Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro
1160	1165	1170
Pro Arg	Leu Asp Asn Leu Thr	Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Asp
1175	1180	1185
Arg Cys	Lys Arg Leu Gln His	Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro
1190	1195	1200
Lys Leu	Arg Leu Leu Trp Ile	Ser Asp Cys Pro Leu Val Glu Ala
1205	1210	1215
Leu Ser	Asp Gly Leu Gly Asn	Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr
1220	1225	1230
Leu Gln	Asp Cys Glu Lys Leu	Glu Leu Leu Pro Ser Arg Asp Ala
1235	1240	1245
Met Arg	Arg Leu Thr Lys Leu	Trp Asn Met Gly Ile Lys Gly Cys
1250	1255	1260
Pro Lys	Leu Glu Glu Ser Phe	Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys

1265 1270 1275

Ile Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr  
1280 1285 1290

Ala Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
1295 1300

<210> 185  
<211> 3912  
<212> ДНК  
<213> Solanum berthaultii

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(3912)

<400> 185  
atg aat tat tgt ctt cct tcg agt act cta caa aca act acc aaa cga 48  
Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
1 5 10 15  
  
aga ctt act ttg aga aga ctt tgt tgc aaa cag ctc agg aag aag act 96  
Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30  
  
ttg gtg cag att gca gag gaa gag gaa gca aac aca act atg gcc gat 144  
Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45  
  
gct gta att ggt gct act gtt caa gtt ttg ctt gaa aag ttg att tct 192  
Ala Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser  
50 55 60  
  
ctc act atc gag gag gtc aac agc tca agg gat ttc aac aaa gat ctc 240  
Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80  
  
gaa atg ttg aca caa aat gta tct tta atc caa gct ttc att cat gat 288  
Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95  
  
gtt gaa aca cca caa gag aaa caa cag tct gtc gaa cac tgg ctc aac 336  
Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu His Trp Leu Asn  
100 105 110  
  
agg ctt gag aga gtt gct gaa gat gct gaa aat gtg ttt gat cga ttc 384  
Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
115 120 125  
  
aga tat gaa tct ctc aaa aca aaa gtg gtg agg agc cca ttg aaa aag 432  
Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys

```

130      135      140
gtc agt ggt ttc ttt tct cat act gct ttt aag aga aaa atg tct caa 480
Val Ser Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln
145      150      155      160

aaa atc aac aac atc aat aaa gag ttg acg gct atc aat aag gta gcc 528
Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala
      165      170      175

aaa gac ctc ggt cta caa tca ctc atg gta cct tct cgg aaa ata cta 576
Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu
      180      185      190

cca att cga gaa aca gat tcc ttc gta ggt gct tct gat gtt gtt ggt 624
Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Phe Val Gly Ala Ser Asp Val Val Gly
      195      200      205

aga gat tta gat gtt gct gag ata aag gag aag att ttg aag atg aga 672
Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Lys Met Arg
      210      215      220

gag gag gat gtt gtt ctg tcc acc att ccc ata gta ggt atg gga ggt 720
Glu Glu Asp Val Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly
225      230      235      240

tta ggg aaa aca act gtg gct aag agg att tac aat gat gaa cac atc 768
Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Ile
      245      250      255

aag caa atc ttt aaa gag aga att tgg ttg tgt ata cct gaa atg tct 816
Lys Gln Ile Phe Lys Glu Arg Ile Trp Leu Cys Ile Pro Glu Met Ser
      260      265      270

gaa acg aag agc ttt ctt gaa caa atc ctc gaa tcg ttg ata gag agg 864
Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg
      275      280      285

aaa att gag gtt gaa agg aga gat ata ata gtc aag aag cta caa gat 912
Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp
      290      295      300

gaa ttg gga gga aaa aaa tat ttg cta gtc ctg gat gat ttg tgg cgt 960
Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg
305      310      315      320

gtt gac tct aca tcg tgg cat gag ttc gtc gac acc ctg aga gga ata 1008
Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asp Thr Leu Arg Gly Ile
      325      330      335

aat aca tcc aga gga aac tgc att ctt gtg act act cgt atg aag cgg 1056
Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Met Lys Arg
      340      345      350

gtg gca tcc aca gta gca aca gat ctt cat atc ttg ggg aag tta aca 1104
Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr

```

```

355      360      365
gaa gat cat tgt tgg tct att ttc aaa caa aaa gca ttt gtt gat ggc 1152
Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly
370      375      380

agg gtt cca gag gaa tta gcg agc atg ggc aac aat att gtt aaa atg 1200
Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Asn Ile Val Lys Met
385      390      395      400

tgc caa ggt cta ccg ttg gct gca agt gca ttg gga ggg ctc tta cac 1248
Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Ala Leu Gly Gly Leu Leu His
405      410      415

aac aaa gaa aaa cat gaa tgg caa gca att ctt gat ggc aac ctc ctt 1296
Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu
420      425      430

gtt gca ggt gaa gat gat aat gga gaa aat agc ata aag aaa atc cta 1344
Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu
435      440      445

aaa ctc agc tat gat tat cta cca tct cca cat ctg aaa caa tgc ttt 1392
Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Gln Cys Phe
450      455      460

gct tac ttt gca atg ttt cca aaa gat tat atg ttt gaa aag gac caa 1440
Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln
465      470      475      480

cta atc caa ctc tgg atg gca gaa ggg ttt ctt cgt cca agt caa gag 1488
Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu
485      490      495

atc cct gtg atg gaa gac gtt ggg cac agg ttt ttt caa atc ttg ttg 1536
Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu
500      505      510

cag aat tcc ttg cta caa gat gtt gtg tta gat gaa cac aac aat ata 1584
Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Val Leu Asp Glu His Asn Asn Ile
515      520      525

aca cac tgt aag atg cac gat ctt gtg cat gat ttg gct gga gat atc 1632
Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile
530      535      540

tta aaa tct aga cta ttt gat ccg aag ggc gac aat gga gaa aaa ctt 1680
Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu
545      550      555      560

tct caa gtt cga tac ttt gga tgt gag tca cca aag gat caa ata gat 1728
Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Lys Asp Gln Ile Asp
565      570      575

aag ata tat gag cca gaa cgt ttg tgc aca ctg ttt tgg aga agc aat 1776
Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn

```

580	585	590	
tat aca tct aaa gat atg ctg ttg aac ttt aag ttc ttg aga gtt tta 1824			
Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu			
595	600	605	
gat ttg tcc agt tca gga atc aag gag ttg tca gcc aaa atc ggg aag 1872			
Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys			
610	615	620	
ctg ata tac ttg aga tat ctt gat ctc tcg aac act gag atc aca gcc 1920			
Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala			
625	630	635	640
ttg ccc aac tcc att tgc gag ctc tat aat ttg caa aca ttt aga gtc 1968			
Leu Pro Asn Ser Ile Cys Glu Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val			
645	650	655	
atc aac tgc ttt tca ctc cag gga ctt cca tat gag atg aga aat atg 2016			
Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Gly Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met			
660	665	670	
ata agt ttg aga cac ata tat tac act tct att gac gaa aca agt ggg 2064			
Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Ile Asp Glu Thr Ser Gly			
675	680	685	
cat tgg gga gga tgg tgt ctt cac aat gaa cat ttt cag att cca ctt 2112			
His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu			
690	695	700	
aat atg ggg caa ttg act agt ctt caa acc ctc aag ttt ttc aag gta 2160			
Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val			
705	710	715	720
ggt tta gag aaa ggt cgt caa ata gaa gaa tta ggt cat ttg aaa aac 2208			
Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn			
725	730	735	
cta gga ggt gaa ttg aca atc aat ggt ctc caa ttg gtc tgt gat aaa 2256			
Leu Gly Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys			
740	745	750	
gaa gag gct cga aca gca tat tta cac gat aaa cca aac atc tgc aag 2304			
Glu Glu Ala Arg Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys			
755	760	765	
ctg gca tat tta tgg tcc cat gat gaa tca gaa ggc tgt gtg atc aat 2352			
Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Val Ile Asn			
770	775	780	
gat gag cat gtg ttg gat ggt ctt caa ccg cat cct aac ttg aaa acc 2400			
Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr			
785	790	795	800
tta gca gta gtg gac tat tta ggg act aaa ttt cct tca tgg ttc agt 2448			
Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser			



805	810	815	
gaa gag tcg cta cca aat ttg gtt aag ttg aaa tta agt ggt agc aaa 2496			
Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys			
820	825	830	
agg tgc aaa gaa att cca tcc ctt ggc caa ctg aaa ttc ctt cgg cat 2544			
Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His			
835	840	845	
ctt gag ctg ata gga ttc cat gag ttg gaa tgc att gga cct gct tta 2592			
Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Leu			
850	855	860	
tat ggt gtt gag att aga aat acc gga tca aac agc aat atc caa gtg 2640			
Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Thr Gly Ser Asn Ser Asn Ile Gln Val			
865	870	875	880
ttc ccg tca ttg aaa gaa cta gta ttg gag gat atg cgt agc ctt att 2688			
Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val Leu Glu Asp Met Arg Ser Leu Ile			
885	890	895	
gag tgg aag gga gat gaa gtc gga gta aga atg tct ccc ggg ctt gag 2736			
Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu			
900	905	910	
aag ttg cgg att aca gac tgt cca ttg tta aaa agt att cca aat caa 2784			
Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln			
915	920	925	
ttt gaa atc ctc tgt gaa tta gaa att aga gga gtt gac agt gaa atg 2832			
Phe Glu Ile Leu Cys Glu Leu Glu Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Met			
930	935	940	
cca ttg ttg aac ttg tgc agc aac ttg aca tct ctc gta aag ctt agt 2880			
Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Ser			
945	950	955	960
gtc tat gat atg aat gag ctc act tgt ctt cca gat gag ata cta cgt 2928			
Val Tyr Asp Met Asn Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Ile Leu Arg			
965	970	975	
aac aac gtt tct ctt caa cag ata acg att ttc aac tgt gga gag ttt 2976			
Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Thr Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe			
980	985	990	
cgt gaa ttg cca caa agc ttg tac aat ctc cat tct ctt aag aga tta 3024			
Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Lys Arg Leu			
995	1000	1005	
gac att tac aac tgc acc aac ttc agt tct ctt cct gtt ccc aat 3069			
Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn			
1010	1015	1020	
gga gac aac tat ttg act tcc ctc gaa ttc ttt ttc tta tat aat 3114			
Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Phe Leu Tyr Asn			

1025	1030	1035	
tgt aat gga ttg atc agt ata cca att gga atg cta gat caa tgc 3159			
Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys			
1040	1045	1050	
cgg tct cta gag ttt ttg cat gtc agc tgc tgt aac aac ttg gtt 3204			
Arg Ser Leu Glu Phe Leu His Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val			
1055	1060	1065	
tca ttc cct tta cat gtg tgg gaa atg cct tca ttt tca ttt ttg 3249			
Ser Phe Pro Leu His Val Trp Glu Met Pro Ser Phe Ser Phe Leu			
1070	1075	1080	
gat ata aga gaa tgt ccc aaa ttg att agt gta ccc aaa gtg ggc 3294			
Asp Ile Arg Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly			
1085	1090	1095	
ctt cac cat ctc acc ggg tta ttg agt ttg gga att ggt cct ttc 3339			
Leu His His Leu Thr Gly Leu Leu Ser Leu Gly Ile Gly Pro Phe			
1100	1105	1110	
tca gag atg gtg gat ttt gat gca ttc caa ttg att ttt aat ggc 3384			
Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly			
1115	1120	1125	
att cag cag ttg ttg tcc ctt cgt gat ctg gag gtg tac gga cgt 3429			
Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg			
1130	1135	1140	
ggg cac tgg gat tct ctg ccc tat cag ctt atg caa ctc tct aac 3474			
Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asn			
1145	1150	1155	
cta aga gag atc aca ata gct gat ttc gga att gag gct ctt cct 3519			
Leu Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro			
1160	1165	1170	
cct aga ctt gac aac ctt act tct ctt gaa agt ttg acg cta gac 3564			
Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Asp			
1175	1180	1185	
agg tgc aaa cgg cta caa cat ctg aac ttc tca gat gcc atg ccc 3609			
Arg Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro			
1190	1195	1200	
aaa tta cgg ctt ctg tgg ata agt gat tgt cca ttg gta gaa gct 3654			
Lys Leu Arg Leu Leu Trp Ile Ser Asp Cys Pro Leu Val Glu Ala			
1205	1210	1215	
ctg tcg gat ggg ctc ggc aac ctt gtt tct ttg gaa gaa tta tat 3699			
Leu Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr			
1220	1225	1230	
tta cag gac tgc gaa aaa cta gag ctt cta ccg tcc cga gat gcc 3744			
Leu Gln Asp Cys Glu Lys Leu Glu Leu Leu Pro Ser Arg Asp Ala			

```

1235      1240      1245
atg cga cgc ctc act aaa tta tgg aac atg gga att aaa gga tgc 3789
Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Gly Ile Lys Gly Cys
1250      1255      1260
cca aag tta gaa gaa agt ttc acc aac tac tcc cag tgg tcc aaa 3834
Pro Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys
1265      1270      1275
att tcc cat att tca aat att gaa tta ggt ggg tgg aga agg aca 3879
Ile Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr
1280      1285      1290
gcc ata agt ctc ggt ttc tct ttc act ttc tga 3912
Ala Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe
1295      1300

<210> 186
<211> 1303
<212> PRT
<213> Solanum berthaultii

<400> 186

Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg
1      5      10      15

Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr
20      25      30

Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp
35      40      45

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

Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu
65      70      75      80

Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp
85      90      95

Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu His Trp Leu Asn
100     105     110

Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe
115     120     125

```

Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
130 135 140

Val Ser Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
145 150 155 160

Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
165 170 175

Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu  
180 185 190

Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Phe Val Gly Ala Ser Asp Val Val Gly  
195 200 205

Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Lys Met Arg  
210 215 220

Glu Glu Asp Val Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
225 230 235 240

Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Ile  
245 250 255

Lys Gln Ile Phe Lys Glu Arg Ile Trp Leu Cys Ile Pro Glu Met Ser  
260 265 270

Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
275 280 285

Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
290 295 300

Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg  
305 310 315 320

Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asp Thr Leu Arg Gly Ile  
325 330 335

Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Met Lys Arg  
340 345 350

Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
355 360 365

Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
370 375 380

Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Asn Ile Val Lys Met  
385 390 395 400

Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Ala Leu Gly Gly Leu Leu His  
405 410 415

Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
420 425 430

Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
435 440 445

Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Gln Cys Phe  
450 455 460

Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
465 470 475 480

Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
485 490 495

Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
500 505 510

Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Val Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
515 520 525

Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
530 535 540

Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
545 550 555 560

Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Lys Asp Gln Ile Asp  
565 570 575

Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
580 585 590

Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
595 600 605

Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
610 615 620

Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
625 630 635 640

Leu Pro Asn Ser Ile Cys Glu Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
645 650 655

Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Gly Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
660 665 670

Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Ile Asp Glu Thr Ser Gly  
675 680 685

His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
690 695 700

Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
705 710 715 720

Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
725 730 735

Leu Gly Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
740 745 750

Glu Glu Ala Arg Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
755 760 765

Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Val Ile Asn  
770 775 780

Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
785 790 795 800

Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser  
805 810 815

Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
820 825 830

Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
835 840 845

Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Leu  
850 855 860

Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Thr Gly Ser Asn Ser Asn Ile Gln Val  
865 870 875 880

Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val Leu Glu Asp Met Arg Ser Leu Ile  
885 890 895

Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
900 905 910

Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
915 920 925

Phe Glu Ile Leu Cys Glu Leu Glu Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Met  
930 935 940

Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Ser  
945 950 955 960

Val Tyr Asp Met Asn Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Ile Leu Arg  
965 970 975

Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Thr Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe  
980 985 990

Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Lys Arg Leu  
995 1000 1005

Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn  
1010 1015 1020

Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Phe Leu Tyr Asn  
1025 1030 1035

Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
1040 1045 1050

Arg Ser Leu Glu Phe Leu His Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val  
1055 1060 1065

Ser Phe Pro Leu His Val Trp Glu Met Pro Ser Phe Ser Phe Leu  
1070 1075 1080

Asp Ile Arg Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly  
1085 1090 1095

Leu His His Leu Thr Gly Leu Leu Ser Leu Gly Ile Gly Pro Phe  
1100 1105 1110

Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly  
1115 1120 1125

Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg  
1130 1135 1140

Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asn  
1145 1150 1155

Leu Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro  
1160 1165 1170

Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Asp  
1175 1180 1185

Arg Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro  
1190 1195 1200

Lys Leu Arg Leu Leu Trp Ile Ser Asp Cys Pro Leu Val Glu Ala  
1205 1210 1215

Leu Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr  
1220 1225 1230



Leu Gln Asp Cys Glu Lys Leu Glu Leu Leu Pro Ser Arg Asp Ala  
1235 1240 1245

Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Gly Ile Lys Gly Cys  
1250 1255 1260

Pro Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys  
1265 1270 1275

Ile Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr  
1280 1285 1290

Ala Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
1295 1300

<210> 187  
<211> 3912  
<212> ДНК  
<213> Solanum berthaultii

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(3912)

<400> 187  
atg aat tat tgt ctt cct tcg agt act cta caa aca act acc aaa cga 48  
Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
1 5 10 15  
aga ctt act ttg aga aga ctt tgt tgc aaa cag ctc agg aag aag act 96  
Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30  
ttg gtg cag att gca gag gaa gag gaa gca aac aca act atg gcc gat 144  
Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45  
gct gta att ggt gct act gtt caa gtt ttg ctt gaa aag ttg att tct 192  
Ala Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser  
50 55 60  
ctc act atc gag gag gtc aac agc tca agg gat ttc aac aaa gat ctc 240  
Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80  
gaa atg ttg aca caa aat gta tct tta atc caa gct ttc att cat gat 288  
Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95

ggt gaa aca cca caa gag aaa caa cag tct gtc gaa cac tgg ctc aac 336  
Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu His Trp Leu Asn  
100 105 110

agg ctt gag aga gtt gct gaa gat gct gaa aat gtg ttt gat cga ttc 384  
Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
115 120 125

aga tat gaa tct ctc aaa aca aaa gtg gtg agg agc cca ttg aaa aag 432  
Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
130 135 140

gtc agt ggt ttc ttt tct cat act gct ttt aag aga aaa atg tct caa 480  
Val Ser Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
145 150 155 160

aaa atc aac aac atc aat aaa gag ttg acg gct atc aat aag gta gcc 528  
Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
165 170 175

aaa gac ctc ggt cta caa tca ctc atg gta cct tct cgg aaa ata cta 576  
Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu  
180 185 190

cca att cga gaa aca gat tcc ttc gta ggt gct tct gat gtt gtt ggt 624  
Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Phe Val Gly Ala Ser Asp Val Val Gly  
195 200 205

aga gat tta gat gtt gct gag ata aag gag aag att ttg aag atg aga 672  
Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Lys Met Arg  
210 215 220

gag gag gat gtt gtt ctg tcc acc att ccc ata gta ggt atg gga ggt 720  
Glu Glu Asp Val Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
225 230 235 240

tta ggg aaa aca act gtg gct aag agg att tac aat gat gaa cac atc 768  
Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Ile  
245 250 255

aag caa atc ttt aaa gag aga att tgg ttg tgt ata cct gaa atg tct 816  
Lys Gln Ile Phe Lys Glu Arg Ile Trp Leu Cys Ile Pro Glu Met Ser  
260 265 270

gaa acg aag agc ttt ctt gaa caa atc ctc gaa tcg ttg ata gag agg 864  
Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
275 280 285

aaa att gag gtt gaa agg aga gat ata ata gtc aag aag cta caa gat 912  
Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
290 295 300

gaa ttg gga gga aaa aaa tat ttg cta gtc ctg gat gat ttg tgg cgt 960  
Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg  
305 310 315 320

ggt gac tct aca tcg tgg cat gag ttc gtc gac acc ctg aga gga ata 1008  
Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asp Thr Leu Arg Gly Ile  
325 330 335

aat aca tcc aga gga aac tgc att ctt gtg act act cgt atg aag cgg 1056  
Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Met Lys Arg  
340 345 350

gtg gca tcc aca gta gca aca gat ctt cat atc ttg ggg aag tta aca 1104  
Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
355 360 365

gaa gat cat tgt tgg tct att ttc aaa caa aaa gca ttt gtt gat ggc 1152  
Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
370 375 380

agg gtt cca gag gaa tta gcg agc atg ggc aac aat att gtt aaa atg 1200  
Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Asn Ile Val Lys Met  
385 390 395 400

tgc caa ggt cta ccg ttg gct gca agt gca ttg gga ggg ctc tta cac 1248  
Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Ala Leu Gly Gly Leu Leu His  
405 410 415

aac aaa gaa aaa cat gaa tgg caa gca att ctt gat ggc aac ctc ctt 1296  
Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
420 425 430

ggt gca ggt gaa gat gat aat gga gaa aat agc ata aag aaa atc cta 1344  
Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
435 440 445

aaa ctc agc tat gat tat cta cca tct cca cat ctg aaa caa tgc ttt 1392  
Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Gln Cys Phe  
450 455 460

gct tac ttt gca atg ttt cca aaa gat tat atg ttt gaa aag gac caa 1440  
Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
465 470 475 480

cta atc caa ctc tgg atg gca gaa ggg ttt ctt cgt cca agt caa gag 1488  
Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
485 490 495

atc cct gtg atg gaa gac gtt ggg cac agg ttt ttt caa atc ttg ttg 1536  
Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
500 505 510

cag aat tcc ttg cta caa gat gtt gtg tta gat gaa cac aac aat ata 1584  
Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Val Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
515 520 525

aca cac tgt aag atg cac gat ctt gtg cat gat ttg gct gga gat atc 1632  
Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
530 535 540

tta aaa tct aga cta ttt gat ccg aag ggc gac aat gga gaa aaa ctt 1680  
 Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
 545 550 555 560

tct caa gtt cga tac ttt gga tgt gag tca cca aag gat caa ata gat 1728  
 Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Lys Asp Gln Ile Asp  
 565 570 575

aag ata tat gag cca gaa cgt ttg tgc aca ctg ttt tgg aga agc aat 1776  
 Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
 580 585 590

tat aca tct aaa gat atg ctg ttg aac ttt aag ttc ttg aga gtt tta 1824  
 Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
 595 600 605

gat ttg tcc agt tca gga atc aag gag ttg tca gcc aaa atc ggg aag 1872  
 Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
 610 615 620

ctg ata tac ttg aga tat ctt gat ctc tcg aac act gag atc aca gcc 1920  
 Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
 625 630 635 640

ttg ccc aac tcc att tgc gag ctc tat aat ttg caa aca ttt aga gtc 1968  
 Leu Pro Asn Ser Ile Cys Glu Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
 645 650 655

atc aac tgc ttt tca ctc cag gga ctt cca tat gag atg aga aat atg 2016  
 Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Gly Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
 660 665 670

ata agt ttg aga cac ata tat tac act tct att gac gaa aca agt ggg 2064  
 Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Ile Asp Glu Thr Ser Gly  
 675 680 685

cat tgg gga gga tgg tgt ctt cac aat gaa cat ttt cag att cca ctt 2112  
 His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
 690 695 700

aat atg ggg caa ttg act agt ctt caa acc ctc aag ttt ttc aag gta 2160  
 Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
 705 710 715 720

ggt tta gag aaa ggt cgt caa ata gaa gaa tta ggt cat ttg aaa aac 2208  
 Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
 725 730 735

cta gga ggt gaa ttg aca atc aat ggt ctc caa ttg gtc tgt gat aaa 2256  
 Leu Gly Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
 740 745 750

gaa gag gct cga aca gca tat tta cac gat aaa cca aac atc tgc aag 2304  
 Glu Glu Ala Arg Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
 755 760 765

ctg gca tat tta tgg tcc cat gat gaa tca gaa ggc tgt gtg atc aat 2352  
Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Val Ile Asn  
770 775 780

gat gag cat gtg ttg gat ggt ctt caa ccg cat cct aac ttg aaa acc 2400  
Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
785 790 795 800

tta gca gta gtg gac tat tta ggg act aaa ttt cct tca tgg ttc agt 2448  
Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser  
805 810 815

gaa gag tcg cta cca aat ttg gtt aag ttg aaa tta agt ggt agc aaa 2496  
Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
820 825 830

agg tgc aaa gaa att cca tcc ctt ggc caa ctg aaa ttc ctt cgg cat 2544  
Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
835 840 845

ctt gag ctg ata gga ttc cat gag ttg gaa tgc att gga cct gct tta 2592  
Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Leu  
850 855 860

tat ggt gtt gag att aga aat acc gga tca aac agc aat atc caa gtg 2640  
Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Thr Gly Ser Asn Ser Asn Ile Gln Val  
865 870 875 880

ttc ccg tca ttg aaa gaa cta gta ttg gag gat atg cgt agc ctt att 2688  
Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val Leu Glu Asp Met Arg Ser Leu Ile  
885 890 895

gag tgg aag gga gat gaa gtc gga gta aga atg tct ccc ggg ctt gag 2736  
Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
900 905 910

aag ttg cgg att aca gac tgt cca ttg tta aaa agt att cca aat caa 2784  
Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
915 920 925

ttt gaa atc ctc tgt gaa tta gaa att aga gga gtt gac agt gaa atg 2832  
Phe Glu Ile Leu Cys Glu Leu Glu Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Met  
930 935 940

cca ttg ttg aac ttg tgc agc aac ttg aca tct ctc gta aag ctt agt 2880  
Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Ser  
945 950 955 960

gtc tat gat atg aat gag ctc act tgt ctt cca gat gag ata cta cgt 2928  
Val Tyr Asp Met Asn Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Ile Leu Arg  
965 970 975

aac aac gtt tct ctt caa cag ata acg att ttc aac tgt gga gag ttt 2976  
Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Thr Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe  
980 985 990

cgt gaa ttg cca caa agc ttg tac aat ctc cat tct ctt aag aga tta 3024  
 Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Lys Arg Leu  
 995 1000 1005

gac att tac aac tgc acc aac ttc agt tct ctt cct gtt ccc aat 3069  
 Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn  
 1010 1015 1020

gga gac aac tat ttg act tcc ctc gaa ttc ttt ttc tta tat aat 3114  
 Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Phe Leu Tyr Asn  
 1025 1030 1035

tgt aat gga ttg atc agt ata cca att gga atg cta gat caa tgc 3159  
 Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
 1040 1045 1050

cgg tct cta gag ttt ttg cat gtc agc tgc tgt aac aac ttg gtt 3204  
 Arg Ser Leu Glu Phe Leu His Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val  
 1055 1060 1065

tca ttc cct tta cat gtg tgg gaa atg cct tca ttt tca ttt ttg 3249  
 Ser Phe Pro Leu His Val Trp Glu Met Pro Ser Phe Ser Phe Leu  
 1070 1075 1080

gat ata aga gaa tgt ccc aaa ttg att agt gta ccc aaa gtg ggc 3294  
 Asp Ile Arg Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly  
 1085 1090 1095

ctt cac cat ctc acc ggg tta ttg agt ttg gga att ggt cct ttc 3339  
 Leu His His Leu Thr Gly Leu Leu Ser Leu Gly Ile Gly Pro Phe  
 1100 1105 1110

tca gag atg gtg gat ttt gat gca ttc caa ttg att ttt aat ggc 3384  
 Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly  
 1115 1120 1125

att cag cag ttg ttg tcc ctt cgt gat ctg gag gtg tac gga cgt 3429  
 Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg  
 1130 1135 1140

ggg cac tgg gat tct ctg ccc tat cag ctt atg caa ctc tct aac 3474  
 Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asn  
 1145 1150 1155

cta aga gag atc aca ata gct gat ttc gga att gag gct ctt cct 3519  
 Leu Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro  
 1160 1165 1170

cct aga ctt gac aac ctt act tct ctt gaa agt ttg acg cta gac 3564  
 Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Asp  
 1175 1180 1185

agg tgc aaa cgg cta caa cat ctg aac ttc tca gat gcc atg ccc 3609  
 Arg Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro  
 1190 1195 1200

aaa tta cgg ctt ctg tgg ata agt gat tgt cca ttg gta gaa gct 3654  
Lys Leu Arg Leu Leu Trp Ile Ser Asp Cys Pro Leu Val Glu Ala  
1205 1210 1215

ctg tcg gat ggg ctc ggc aac ctt gtt tct ttg gaa gaa tta tat 3699  
Leu Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr  
1220 1225 1230

tta cag gac tgc gaa aaa cta gag ctt cta ccg tcc cga gat gcc 3744  
Leu Gln Asp Cys Glu Lys Leu Glu Leu Leu Pro Ser Arg Asp Ala  
1235 1240 1245

atg cga cgc ctc act aaa tta tgg aac atg gga att aaa gga tgc 3789  
Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Gly Ile Lys Gly Cys  
1250 1255 1260

cca aag tta gaa gaa agt ttc acc aac tac tcc cag tgg tcc aaa 3834  
Pro Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys  
1265 1270 1275

att tcc cat att tca aat att gaa tta ggt ggg tgg aga agg aca 3879  
Ile Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr  
1280 1285 1290

gcc ata agt ctc ggt ttc tct ttc act ttc tga 3912  
Ala Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
1295 1300

<210> 188

<211> 1303

<212> PRT

<213> Solanum berthaultii

<400> 188

Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
1 5 10 15

Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30

Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45

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

Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80

Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95

Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu His Trp Leu Asn  
100 105 110

Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
115 120 125

Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
130 135 140

Val Ser Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
145 150 155 160

Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
165 170 175

Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu  
180 185 190

Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Phe Val Gly Ala Ser Asp Val Val Gly  
195 200 205

Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Lys Met Arg  
210 215 220

Glu Glu Asp Val Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
225 230 235 240

Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Ile  
245 250 255

Lys Gln Ile Phe Lys Glu Arg Ile Trp Leu Cys Ile Pro Glu Met Ser  
260 265 270

Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
275 280 285

Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
290 295 300



Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg  
305 310 315 320

Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asp Thr Leu Arg Gly Ile  
325 330 335

Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Met Lys Arg  
340 345 350

Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
355 360 365

Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
370 375 380

Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Asn Ile Val Lys Met  
385 390 395 400

Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Ala Leu Gly Gly Leu Leu His  
405 410 415

Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
420 425 430

Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
435 440 445

Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Gln Cys Phe  
450 455 460

Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
465 470 475 480

Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
485 490 495

Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
500 505 510

Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Val Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
515 520 525

Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
530 535 540

Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
545 550 555 560

Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Lys Asp Gln Ile Asp  
565 570 575

Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
580 585 590

Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
595 600 605

Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
610 615 620

Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
625 630 635 640

Leu Pro Asn Ser Ile Cys Glu Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
645 650 655

Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Gly Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
660 665 670

Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Ile Asp Glu Thr Ser Gly  
675 680 685

His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
690 695 700

Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
705 710 715 720

Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
725 730 735

Leu Gly Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
740 745 750

Glu Glu Ala Arg Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
755 760 765

Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Val Ile Asn  
770 775 780

Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
785 790 795 800

Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser  
805 810 815

Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
820 825 830

Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
835 840 845

Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Leu  
850 855 860

Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Thr Gly Ser Asn Ser Asn Ile Gln Val  
865 870 875 880

Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val Leu Glu Asp Met Arg Ser Leu Ile  
885 890 895

Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
900 905 910

Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
915 920 925

Phe Glu Ile Leu Cys Glu Leu Glu Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Met  
930 935 940

Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Ser  
945 950 955 960

Val Tyr Asp Met Asn Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Ile Leu Arg  
965 970 975

Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Thr Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe  
980 985 990

Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Lys Arg Leu  
995 1000 1005

Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn  
1010 1015 1020

Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Phe Leu Tyr Asn  
1025 1030 1035

Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
1040 1045 1050

Arg Ser Leu Glu Phe Leu His Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val  
1055 1060 1065

Ser Phe Pro Leu His Val Trp Glu Met Pro Ser Phe Ser Phe Leu  
1070 1075 1080

Asp Ile Arg Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly  
1085 1090 1095

Leu His His Leu Thr Gly Leu Leu Ser Leu Gly Ile Gly Pro Phe  
1100 1105 1110

Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly  
1115 1120 1125

Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg  
1130 1135 1140

Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asn  
1145 1150 1155

Leu Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro  
1160 1165 1170

Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Asp  
1175 1180 1185

Arg Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro  
1190 1195 1200

Lys Leu Arg Leu Leu Trp Ile Ser Asp Cys Pro Leu Val Glu Ala  
1205 1210 1215

Leu Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr  
1220 1225 1230

Leu Gln Asp Cys Glu Lys Leu Glu Leu Leu Pro Ser Arg Asp Ala  
1235 1240 1245

Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Gly Ile Lys Gly Cys  
1250 1255 1260

Pro Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys  
1265 1270 1275

Ile Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr  
1280 1285 1290

Ala Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
1295 1300

<210> 189  
<211> 3912  
<212> ДНК  
<213> Solanum berthaultii

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(3912)

<400> 189  
atg aat tat tgt ctt cct tcg agt act cta caa aca act acc aaa cga 48  
Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
1 5 10 15  
  
aga ctt act ttg aga aga ctt tgt tgc aaa cag ctc agg aag aag act 96  
Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30  
  
ttg gtg cag att gca gag gaa gag gaa gca aac aca act atg gcc gat 144  
Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45

gct gta att ggt gct act gtt caa gtt ttg ctt gaa aag ttg att tct 192  
Ala Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser  
50 55 60

ctc act atc gag gag gtc aac agc tca agg gat ttc aac aaa gat ctc 240  
Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80

gaa atg ttg aca caa aat gta tct tta atc caa gct ttc att cat gat 288  
Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95

gtt gaa aca cca caa gag aaa caa cag tct gtc gaa caa tgg ctc aac 336  
Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn  
100 105 110

agg ctt gag aga gtt gct gaa gat gct gaa aat gtg ttt gat cga ttc 384  
Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
115 120 125

aga tat gaa tct ctc aaa aca aaa gtg gtg agg agc cca ttg aaa aag 432  
Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
130 135 140

gtc ggt ggt ttc ttt tct cat act gct ttt aag aga aaa atg tct caa 480  
Val Gly Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
145 150 155 160

aaa atc aac aac atc aat aaa gag ttg acg gct atc aat aag gta gcc 528  
Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
165 170 175

aaa gac ctc ggt cta caa tca ctc atg gta cct tct cgg aaa ata cta 576  
Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu  
180 185 190

cca att cga gaa aca gat tcc tta gta gtt gct tct gat att gtc ggt 624  
Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Leu Val Val Ala Ser Asp Ile Val Gly  
195 200 205

aga gat ttg gat gtt gct gag ata aag gag aag att ttg aag atg aga 672  
Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Lys Met Arg  
210 215 220

gag gag gat att gtt ctg tcc acc att ccc att gta ggt atg gga ggt 720  
Glu Glu Asp Ile Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
225 230 235 240

tta ggg aaa aca act gtg gct aag agg att tac aat gat gaa cac atg 768  
Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Met  
245 250 255

aag caa atc ttt aaa aag aga att tgg ttg tgt cta cct gaa atg tct 816  
Lys Gln Ile Phe Lys Lys Arg Ile Trp Leu Cys Leu Pro Glu Met Ser  
260 265 270

gaa acg aag agc ttt ctt gaa caa atc ctc gaa tcg ttg ata gag agg 864  
 Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
 275 280 285

aaa att gag gtt gaa agg aga gat ata ata gtc aag aag cta caa gat 912  
 Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
 290 295 300

gaa ttg gga gga aaa aaa tat ttg cta gtc ctg gat gat ttg tgg cgt 960  
 Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg  
 305 310 315 320

gtt gac tct aca tcg tgg cat gag ttc gtc aac acc ctg aga gga ata 1008  
 Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asn Thr Leu Arg Gly Ile  
 325 330 335

aat aca tcc aga gga aac tgc att ctt gtg act act cgt atg aag tgg 1056  
 Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Met Lys Trp  
 340 345 350

gtg gca tcc aca gta gca aca gat ctt cat atc ttg ggg aag tta aca 1104  
 Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
 355 360 365

gaa gat cat tgt tgg tct att ttc aaa caa aaa gca ttt gtt gat ggc 1152  
 Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
 370 375 380

agg gtt cca gag gaa tta gcg agc atg ggc aac aag att gtt aaa atg 1200  
 Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met  
 385 390 395 400

tgc caa ggt cta ccg ttg gct gca agt gtg ttg gga ggg ctc tta cac 1248  
 Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Val Leu Gly Gly Leu Leu His  
 405 410 415

aac aaa gaa aaa cat gaa tgg caa gca att ctt gat ggc aac ctc ctt 1296  
 Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
 420 425 430

gtt gca agt gaa gat gat aat gga gaa aat agc ata aag aaa atc cta 1344  
 Val Ala Ser Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
 435 440 445

aaa ctc agc tat gat tat cta cca tct cca cat ctg aaa caa tgc ttt 1392  
 Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Gln Cys Phe  
 450 455 460

gct tac ttt gca atg ttt cca aaa gat tat atg ttt gaa aag gac caa 1440  
 Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
 465 470 475 480

cta atc caa ctc tgg atg gca gaa ggg ttt ctt cgt cca agt caa gag 1488  
 Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
 485 490 495

atc cct gtg atg gaa gac gtt ggg cac agg ttt ttt caa atc ttg ttg 1536  
Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
500 505 510

cag aat tcc ttg cta caa gat gtt gtg tta gat gaa cac aac aat ata 1584  
Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Val Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
515 520 525

aca cac tgt aag atg cac gat ctt gtg cat gat ttg gct gga gat atc 1632  
Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
530 535 540

tta aaa tct aga cta ttt gat ccg aag ggc gac aat gga gaa aaa ctt 1680  
Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
545 550 555 560

tct caa gtt cga tac ttt gga tgt gag tca cca aag gat caa ata gat 1728  
Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Lys Asp Gln Ile Asp  
565 570 575

aag ata tat gag cca gaa cgt ttg tgc aca ctg ttt tgg aga agc aat 1776  
Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
580 585 590

tat aca tct aaa gat atg ctg ttg aac ttt aag ttc ttg aga gtt tta 1824  
Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
595 600 605

gat ttg tcc agt tca gga atc aag gag ttg tca gcc aaa atc ggg aag 1872  
Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
610 615 620

ctg ata tac ttg aga tat ctt gat ctc tcg aac act gag atc aca gcc 1920  
Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
625 630 635 640

ttg ccc aac tcc att tgc gag ctc tat aat ttg caa aca ttt aga gtc 1968  
Leu Pro Asn Ser Ile Cys Glu Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
645 650 655

atc aac tgc ttt tca ctc cag gga ctt cca tat gag atg aga aat atg 2016  
Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Gly Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
660 665 670

ata agt ttg aga cac ata tat tac act tct att gac gaa aca agt ggg 2064  
Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Ile Asp Glu Thr Ser Gly  
675 680 685

cat tgg gga gga tgg tgt ctt cac aat gaa cat ttt cag att cca ctt 2112  
His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
690 695 700

aat atg ggg caa ttg act agt ctt caa acc ctc aag ttt ttc aag gta 2160  
Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
705 710 715 720



ggt tta gag aaa ggt cgt caa ata gaa gaa tta ggt cat ttg aaa aac 2208  
 Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
 725 730 735

cta gga ggt gaa ttg aca atc aat ggt ctc caa ttg gtc tgt gat aaa 2256  
 Leu Gly Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
 740 745 750

gaa gag gct cga aca gca tat tta cac gat aaa cca aac atc tgc aag 2304  
 Glu Glu Ala Arg Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
 755 760 765

ctg gca tat tta tgg tcc cat gat gaa tca gaa ggc tgt gtg atc aat 2352  
 Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Val Ile Asn  
 770 775 780

gat gag cat gtg ttg gat ggt ctt caa ccg cat cct aac ttg aaa acc 2400  
 Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
 785 790 795 800

tta gca gta gtg gac tat tta ggg act aaa ttt cct tca tgg ttc agt 2448  
 Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser  
 805 810 815

gaa gag tcg cta cca aat ttg gtt aag ttg aaa tta agt ggt agc aaa 2496  
 Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
 820 825 830

agg tgc aaa gaa att cca tcc ctt ggc caa ctg aaa ttc ctt cgg cat 2544  
 Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
 835 840 845

ctt gag ctg ata gga ttc cat gag ttg gaa tgc att gga cct gct tta 2592  
 Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Leu  
 850 855 860

tat ggt gtt gag att aga aat acc gga tca aac agc aat atc caa gtg 2640  
 Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Thr Gly Ser Asn Ser Asn Ile Gln Val  
 865 870 875 880

ttc ccg tca ttg aaa gaa cta gta ttg gag gat atg cgt agc ctt att 2688  
 Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val Leu Glu Asp Met Arg Ser Leu Ile  
 885 890 895

gag tgg aag gga gat gaa gtc gga gta aga atg tct ccc ggg ctt gag 2736  
 Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
 900 905 910

aag ttg cgg att aca gac tgt cca ttg tta aaa agt att cca aat caa 2784  
 Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
 915 920 925

ttt gaa atc ctc tgt gaa tta gaa att aga gga gtt gac agt gaa atg 2832  
 Phe Glu Ile Leu Cys Glu Leu Glu Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Met  
 930 935 940

cca ttg ttg aac ttg tgc agc aac ttg aca tct ctc gta aag ctt agt 2880  
Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Ser  
945 950 955 960

gtc tat gat atg aat gag ctc act tgt ctt cca gat gag ata cta cgt 2928  
Val Tyr Asp Met Asn Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Ile Leu Arg  
965 970 975

aac aac gtt tct ctt caa cag ata acg att ttc aac tgt gga gag ttt 2976  
Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Thr Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe  
980 985 990

cgt gaa ttg cca caa agc ttg tac aat ctc cat tct ctt aag aga tta 3024  
Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Lys Arg Leu  
995 1000 1005

gac att tac aac tgc acc aac ttc agt tct ctt cct gtt ccc aat 3069  
Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn  
1010 1015 1020

gga gac aac tat ttg act tcc ctc gaa ttc ttt ttc tta tat aat 3114  
Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Phe Leu Tyr Asn  
1025 1030 1035

tgt aat gga ttg atc agt ata cca att gga atg cta gat caa tgc 3159  
Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
1040 1045 1050

cgg tct cta gag ttt ttg cat gtc agc tgc tgt aac aac ttg gtt 3204  
Arg Ser Leu Glu Phe Leu His Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val  
1055 1060 1065

tca ttc cct tta cat gtg tgg gaa atg cct tca ttt tca ttt ttg 3249  
Ser Phe Pro Leu His Val Trp Glu Met Pro Ser Phe Ser Phe Leu  
1070 1075 1080

gat ata aga gaa tgt ccc aaa ttg att agt gta ccc aaa gtg ggc 3294  
Asp Ile Arg Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly  
1085 1090 1095

ctt cac cat ctc acc ggg tta ttg agt ttg gga att ggt cct ttc 3339  
Leu His His Leu Thr Gly Leu Leu Ser Leu Gly Ile Gly Pro Phe  
1100 1105 1110

tca gag atg gtg gat ttt gat gca ttc caa ttg att ttt aat ggc 3384  
Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly  
1115 1120 1125

att cag cag ttg ttg tcc ctt cgt gat ctg gag gtg tac gga cgt 3429  
Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg  
1130 1135 1140

ggg cac tgg gat tct ctg ccc tat cag ctt atg caa ctc tct aac 3474  
Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asn  
1145 1150 1155

cta aga gag atc aca ata gct gat ttc gga att gag gct ctt cct 3519  
 Leu Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro  
 1160 1165 1170

cct aga ctt gac aac ctt act tct ctt gaa agt ttg acg cta gac 3564  
 Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Asp  
 1175 1180 1185

agg tgc aaa cgg cta caa cat ctg aac ttc tca gat gcc atg ccc 3609  
 Arg Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro  
 1190 1195 1200

aaa tta cgg ctt ctg tgg ata agt gat tgt cca ttg gta gaa gct 3654  
 Lys Leu Arg Leu Leu Trp Ile Ser Asp Cys Pro Leu Val Glu Ala  
 1205 1210 1215

ctg tcg gat ggg ctc ggc aac ctt gtt tct ttg gaa gaa tta tat 3699  
 Leu Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr  
 1220 1225 1230

tta cag gac tgc gaa aaa cta gag ctt cta ccg tcc cga gat gcc 3744  
 Leu Gln Asp Cys Glu Lys Leu Glu Leu Leu Pro Ser Arg Asp Ala  
 1235 1240 1245

atg cga cgc ctc act aaa tta tgg aac atg gga att aaa gga tgc 3789  
 Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Gly Ile Lys Gly Cys  
 1250 1255 1260

cca aag tta gaa gaa agt ttc acc aac tac tcc cag tgg tcc aaa 3834  
 Pro Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys  
 1265 1270 1275

att tcc cat att tca aat att gaa tta ggt ggg tgg aga agg aca 3879  
 Ile Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr  
 1280 1285 1290

gcc ata agt ctc ggt ttc tct ttc act ttc tga 3912  
 Ala Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
 1295 1300

<210> 190

<211> 1303

<212> PRT

<213> Solanum berthaultii

<400> 190

Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
 1 5 10 15

Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
 20 25 30

Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45

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

Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80

Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95

Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn  
100 105 110

Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
115 120 125

Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
130 135 140

Val Gly Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
145 150 155 160

Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
165 170 175

Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu  
180 185 190

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

Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Lys Met Arg  
210 215 220

Glu Glu Asp Ile Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
225 230 235 240

Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Met  
245 250 255

Lys Gln Ile Phe Lys Lys Arg Ile Trp Leu Cys Leu Pro Glu Met Ser  
260 265 270

Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
275 280 285

Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
290 295 300

Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg  
305 310 315 320

Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asn Thr Leu Arg Gly Ile  
325 330 335

Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Met Lys Trp  
340 345 350

Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
355 360 365

Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
370 375 380

Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met  
385 390 395 400

Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Val Leu Gly Gly Leu Leu His  
405 410 415

Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
420 425 430

Val Ala Ser Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
435 440 445

Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Gln Cys Phe  
450 455 460

Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
465 470 475 480

Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
485 490 495

Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
500 505 510

Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Val Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
515 520 525

Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
530 535 540

Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
545 550 555 560

Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Lys Asp Gln Ile Asp  
565 570 575

Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
580 585 590

Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
595 600 605

Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
610 615 620

Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
625 630 635 640

Leu Pro Asn Ser Ile Cys Glu Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
645 650 655

Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Gly Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
660 665 670

Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Ile Asp Glu Thr Ser Gly  
675 680 685

His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
690 695 700

Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
705 710 715 720

Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
725 730 735

Leu Gly Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
740 745 750

Glu Glu Ala Arg Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
755 760 765

Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Val Ile Asn  
770 775 780

Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
785 790 795 800

Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser  
805 810 815

Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
820 825 830

Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
835 840 845

Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Leu  
850 855 860

Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Thr Gly Ser Asn Ser Asn Ile Gln Val  
865 870 875 880

Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val Leu Glu Asp Met Arg Ser Leu Ile  
885 890 895

Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
900 905 910

Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
915 920 925

Phe Glu Ile Leu Cys Glu Leu Glu Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Met  
930 935 940

Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Ser  
945 950 955 960

Val Tyr Asp Met Asn Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Ile Leu Arg  
965 970 975

Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Thr Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe  
980 985 990

Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Lys Arg Leu  
995 1000 1005

Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn  
1010 1015 1020

Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Phe Leu Tyr Asn  
1025 1030 1035

Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
1040 1045 1050

Arg Ser Leu Glu Phe Leu His Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val  
1055 1060 1065

Ser Phe Pro Leu His Val Trp Glu Met Pro Ser Phe Ser Phe Leu  
1070 1075 1080

Asp Ile Arg Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly  
1085 1090 1095

Leu His His Leu Thr Gly Leu Leu Ser Leu Gly Ile Gly Pro Phe  
1100 1105 1110

Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly  
1115 1120 1125

Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg  
1130 1135 1140



Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asn  
1145 1150 1155

Leu Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro  
1160 1165 1170

Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Asp  
1175 1180 1185

Arg Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro  
1190 1195 1200

Lys Leu Arg Leu Leu Trp Ile Ser Asp Cys Pro Leu Val Glu Ala  
1205 1210 1215

Leu Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr  
1220 1225 1230

Leu Gln Asp Cys Glu Lys Leu Glu Leu Leu Pro Ser Arg Asp Ala  
1235 1240 1245

Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Gly Ile Lys Gly Cys  
1250 1255 1260

Pro Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys  
1265 1270 1275

Ile Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr  
1280 1285 1290

Ala Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
1295 1300

<210> 191  
<211> 3912  
<212> ДНК  
<213> Solanum berthaultii

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(3912)

<400> 191  
atg aat tat tgt ctt cct tcg agt act cta caa aca act acc aaa cga 48

Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
1 5 10 15

aga ctt act ttg aga aga ctt tgt tgc aaa cag ctc agg aag aag act 96  
Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30

ttg gtg cag att gca gag gaa gag gaa gca aac aca act atg gcc gat 144  
Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45

gct gta att ggt gct act gtt caa gtt ttg ctt gaa aag ttg att tct 192  
Ala Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser  
50 55 60

ctc act atc gag gag gtc aac agc tca agg gat ttc aac aaa gat ctc 240  
Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80

gaa atg ttg aca caa aat gta tct tta atc caa gct ttc att cat gat 288  
Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95

gtt gaa aca cca caa gag aaa caa cag tct gtc gaa caa tgg ctc aac 336  
Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn  
100 105 110

agg ctt gag aga gtt gct gaa gat gct gaa aat gtg ttt gat cga ttc 384  
Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
115 120 125

aga tat gaa tct ctc aaa aca aaa gtg gtg agg agc cca ttg aaa aag 432  
Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
130 135 140

gtc ggt ggt ttc ttt tct cat act gct ttt aag aga aaa atg tct caa 480  
Val Gly Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
145 150 155 160

aaa atc aac aac atc aat aaa gag ttg acg gct atc aat aag gta gcc 528  
Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
165 170 175

aaa gac ctc ggt cta caa tca ctc atg gta cct tct cgg aaa ata cta 576  
Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu  
180 185 190

cca att cga gaa aca gat tcc tta gta gtt gct tct gat att gtc ggt 624  
Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Leu Val Val Ala Ser Asp Ile Val Gly  
195 200 205

aga gat ttg gat gtt gct gag ata aag gag aag att ttg aag atg aga 672  
Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Lys Met Arg  
210 215 220

gag gag gat att gtt ctg tcc acc att ccc att gta ggt atg gga ggt 720

Glu Glu Asp Ile Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
 225 230 235 240  
  
 tta ggg aaa aca act gtg gct aag agg att tac aat gat gaa cac atg 768  
 Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Met  
 245 250 255  
  
 aag caa atc ttt aaa aag aga att tgg ttg tgt cta cct gaa atg tct 816  
 Lys Gln Ile Phe Lys Lys Arg Ile Trp Leu Cys Leu Pro Glu Met Ser  
 260 265 270  
  
 gaa acg aag agc ttt ctt gaa caa atc ctc gaa tcg ttg ata gag agg 864  
 Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
 275 280 285  
  
 aaa att gag gtt gaa agg aga gat ata ata gtc aag aag cta caa gat 912  
 Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
 290 295 300  
  
 gaa ttg gga gga aaa aaa tat ttg cta ctc ctg gat gat ttg tgg cgt 960  
 Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Leu Leu Asp Asp Leu Trp Arg  
 305 310 315 320  
  
 gtt gac tct aca tcg tgg cat gag ttc gtc aac acc ctg aga gga ata 1008  
 Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asn Thr Leu Arg Gly Ile  
 325 330 335  
  
 aat aca tcc aga gga aac tgc att ctt gtg act act cgt atg aag tgg 1056  
 Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Met Lys Trp  
 340 345 350  
  
 gtg gca tcc aca gta gca aca gat ctt cat atc ttg ggg aag tta aca 1104  
 Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
 355 360 365  
  
 gaa gat cat tgt tgg tct att ttc aaa caa aaa gca ttt gtt gat ggc 1152  
 Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
 370 375 380  
  
 agg gtt cca gag gaa tta gcg agc atg ggc aac aag att gtt aaa atg 1200  
 Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met  
 385 390 395 400  
  
 tgc caa ggt cta ccg ttg gct gca agt gtg ttg gga ggg ctc tta cac 1248  
 Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Val Leu Gly Gly Leu Leu His  
 405 410 415  
  
 aac aaa gaa aaa cat gaa tgg caa gca att ctt gat ggc aac ctc ctt 1296  
 Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
 420 425 430  
  
 gtt gca agt gaa gat gat aat gga gaa aat agc ata aag aaa atc cta 1344  
 Val Ala Ser Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
 435 440 445  
  
 aaa ctc agc tat gat tat cta cca tct cca cat ctg aaa aaa tgc ttt 1392

Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe  
 450 455 460  
  
 gct tac ttt gca atg ttt cca aaa gat tat atg ttt gaa aag gac caa 1440  
 Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
 465 470 475 480  
  
 cta atc caa ctc tgg atg gca gaa ggg ttt ctt cgt cca agt caa gag 1488  
 Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
 485 490 495  
  
 atc cct gtg atg gaa gac gtt ggg cac agg ttt ttt caa atc ttg ttg 1536  
 Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
 500 505 510  
  
 cag aat tcc ttg cta caa gat gat gtg tta gat gaa cac aac aat ata 1584  
 Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Asp Val Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
 515 520 525  
  
 aca cac tgc aag atg cac gat ctt gtg cat gat ttg gct gga gat atc 1632  
 Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
 530 535 540  
  
 tta aaa tct aga cta ttt gat ccg aag ggc gac aat gga gaa aaa ctt 1680  
 Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
 545 550 555 560  
  
 tct caa gtt cga tac ttt gga tgt gag tca cca acg gat caa ata gat 1728  
 Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp  
 565 570 575  
  
 aag ata tat gag cca gaa cgt ttg tgc aca ctg ttt tgg aga agc aat 1776  
 Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
 580 585 590  
  
 tat aca tct aaa gat atg ctg ttg aac ttt aag ttc ttg aga gtt tta 1824  
 Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
 595 600 605  
  
 gat ttg tcc agt tca gga atc aag gag ttg tca gcc aaa atc ggg aag 1872  
 Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
 610 615 620  
  
 ctg ata tac ttg aga tat ctt gat ctc tcg aac act gag atc aca gcc 1920  
 Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
 625 630 635 640  
  
 ttg ccc aac tcc att tgc aag ctc tat aat ttg caa aca ttt aga gtc 1968  
 Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
 645 650 655  
  
 atc aac tgc ttt tca ctc cag gaa ctt cca tat gag atg aga aat atg 2016  
 Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
 660 665 670  
  
 ata agc ttg aga cac ata tat tac act tct gtt gac gaa aca agt ggg 2064

Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser Gly  
675 680 685

cat tgg gga gga tgg tgt ctt cac aat gaa cat ttt cag att cca ctt 2112  
His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
690 695 700

aat atg ggg caa ttg act agt ctt caa acc ctc aag ttt ttc aag gta 2160  
Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
705 710 715 720

ggg tta gag aaa ggt cgt caa ata gaa gaa tta ggt cat ttg aaa aac 2208  
Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
725 730 735

cta aga ggt gaa ttg acg atc aat ggt ctc caa ttg gtc tgt gat aaa 2256  
Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
740 745 750

gaa gag gct caa aca gca tat tta cac gat aaa cca aac atc tgc aag 2304  
Glu Glu Ala Gln Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
755 760 765

ctg gca tat tta tgg tcc cat gat gaa tca gaa ggc tgt gag atc aat 2352  
Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn  
770 775 780

gat gag cat gtg ttg gat ggt ctt caa ccg cat cct aac ttg aaa acc 2400  
Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
785 790 795 800

tta gca gta gtg gac tat tta ggg act aaa ttt cct tca tgg ttc agt 2448  
Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser  
805 810 815

gaa gag tcg cta cca aat ttg gtt aag ttg aaa tta agt ggt agc aaa 2496  
Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
820 825 830

agg tgc aaa gaa att cca tcc ctt ggc caa ctg aaa ttc ctt cgg cat 2544  
Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
835 840 845

ctt gag ctg ata gga ttc cat gag ttg gaa tgc att gga cct gct tta 2592  
Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Leu  
850 855 860

tat ggt gtt gag att aga aat acc gga tca aac agc aat atc caa gtg 2640  
Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Thr Gly Ser Asn Ser Asn Ile Gln Val  
865 870 875 880

ttc ccg tca ttg aaa gaa cta gta ttg gag gat atg cgt agc ctt att 2688  
Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val Leu Glu Asp Met Arg Ser Leu Ile  
885 890 895

gag tgg aag gga gat gaa gtc gga gta aga atg tct acc ggg ctt gag 2736

Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Thr Gly Leu Glu  
900 905 910

aag ttg cgg att aca gac tgt cca ttg tta aaa agt att cca aat caa 2784  
Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
915 920 925

ttt gaa atc ctc tgt gaa tta gaa att aga gga gtt gac agt gaa atg 2832  
Phe Glu Ile Leu Cys Glu Leu Glu Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Met  
930 935 940

cca ttg ttg aac ttg tgc agc aac ttg aca tct ctc gta aag ctt agt 2880  
Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Ser  
945 950 955 960

gtc tat gat atg aat gag ctc act tgt ctt cca gat gag ata cta cgt 2928  
Val Tyr Asp Met Asn Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Ile Leu Arg  
965 970 975

aac aac gtt tct ctt caa cag ata acg att ttc aac tgt gga gag ttt 2976  
Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Thr Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe  
980 985 990

cgt gaa ttg cca caa agc ttg tac aat ctc cat tct ctt aag aga tta 3024  
Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Lys Arg Leu  
995 1000 1005

gac att tac aac tgc acc aac ttc agt tct ctt cct gtt ccc aat 3069  
Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn  
1010 1015 1020

gga gac aac tat ttg act tcc ctc gaa ttc ttt ttc tta tat aat 3114  
Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Phe Leu Tyr Asn  
1025 1030 1035

tgt aat gga ttg atc agt ata cca att gga atg cta gat caa tgc 3159  
Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
1040 1045 1050

cgg tct cta gag ttt ttg cat gtc agc tgc tgt aac aac ttg gtt 3204  
Arg Ser Leu Glu Phe Leu His Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val  
1055 1060 1065

tca ttc cct tta cat gtg tgg gaa atg cct tca ttt tca ttt ttg 3249  
Ser Phe Pro Leu His Val Trp Glu Met Pro Ser Phe Ser Phe Leu  
1070 1075 1080

gat ata aga gaa tgt ccc aaa ttg att agt gta ccc aaa gtg ggc 3294  
Asp Ile Arg Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly  
1085 1090 1095

ctt cac cat ctc acc ggg tta ttg agt ttg gga att ggt cct ttc 3339  
Leu His His Leu Thr Gly Leu Leu Ser Leu Gly Ile Gly Pro Phe  
1100 1105 1110

tca gag atg gtg gat ttt gat gca ttc caa ttg att ttt aat ggc 3384

Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly  
1115 1120 1125

att cag cag ttg ttg tcc ctt cgt gat ctg gag gtg tac gga cgt 3429  
Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg  
1130 1135 1140

ggg cac tgg gat tct ctg ccc tat cag ctt atg caa ctc tct aac 3474  
Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asn  
1145 1150 1155

cta aga gag atc aca ata gct gat ttc gga att gag gct ctt cct 3519  
Leu Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro  
1160 1165 1170

cct aga ctt gac aac ctt act tct ctt gaa agt ttg acg cta gac 3564  
Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Asp  
1175 1180 1185

agg tgc aaa cgg cta caa cat ctg aac ttc tca gat gcc atg ccc 3609  
Arg Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro  
1190 1195 1200

aaa tta cgg ctt ctg tgg ata agt gat tgt cca ttg gta gaa gct 3654  
Lys Leu Arg Leu Leu Trp Ile Ser Asp Cys Pro Leu Val Glu Ala  
1205 1210 1215

ctg tcg gat ggg ctc ggc aac ctt gtt tct ttg gaa gaa tta tat 3699  
Leu Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr  
1220 1225 1230

tta cag gac tgc gaa aaa cta gag ctt cta ccg tcc cga gat gcc 3744  
Leu Gln Asp Cys Glu Lys Leu Glu Leu Leu Pro Ser Arg Asp Ala  
1235 1240 1245

atg cga cgc ctc act aaa tta tgg aac atg gga att aaa gga tgc 3789  
Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Gly Ile Lys Gly Cys  
1250 1255 1260

cca aag tta gaa gaa agt ttc acc aac tac tcc cag tgg tcc aaa 3834  
Pro Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys  
1265 1270 1275

att tcc cat att tca aat att gaa tta ggt ggg tgg aga agg aca 3879  
Ile Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr  
1280 1285 1290

gcc ata agt ctc ggt ttc tct ttc act ttc tga 3912  
Ala Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
1295 1300

<210> 192  
<211> 1303  
<212> PRT  
<213> Solanum berthaultii

<400> 192

Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
1 5 10 15

Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30

Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45

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

Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80

Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95

Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn  
100 105 110

Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
115 120 125

Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
130 135 140

Val Gly Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
145 150 155 160

Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
165 170 175

Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu  
180 185 190

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

Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Lys Met Arg



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

435 440 445

Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe  
450 455 460

Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
465 470 475 480

Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
485 490 495

Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
500 505 510

Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Asp Val Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
515 520 525

Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
530 535 540

Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
545 550 555 560

Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp  
565 570 575

Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
580 585 590

Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
595 600 605

Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
610 615 620

Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
625 630 635 640

Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
645 650 655

Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met

660            665            670  
 Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser Gly  
 675            680            685  
 His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
 690            695            700  
 Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
 705            710            715            720  
 Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
 725            730            735  
 Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
 740            745            750  
 Glu Glu Ala Gln Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
 755            760            765  
 Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn  
 770            775            780  
 Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
 785            790            795            800  
 Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser  
 805            810            815  
 Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
 820            825            830  
 Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
 835            840            845  
 Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Leu  
 850            855            860  
 Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Thr Gly Ser Asn Ser Asn Ile Gln Val  
 865            870            875            880  
 Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val Leu Glu Asp Met Arg Ser Leu Ile

885 890 895

Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Thr Gly Leu Glu  
900 905 910

Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
915 920 925

Phe Glu Ile Leu Cys Glu Leu Glu Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Met  
930 935 940

Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Ser  
945 950 955 960

Val Tyr Asp Met Asn Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Ile Leu Arg  
965 970 975

Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Thr Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe  
980 985 990

Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Lys Arg Leu  
995 1000 1005

Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn  
1010 1015 1020

Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Phe Leu Tyr Asn  
1025 1030 1035

Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
1040 1045 1050

Arg Ser Leu Glu Phe Leu His Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val  
1055 1060 1065

Ser Phe Pro Leu His Val Trp Glu Met Pro Ser Phe Ser Phe Leu  
1070 1075 1080

Asp Ile Arg Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly  
1085 1090 1095

Leu His His Leu Thr Gly Leu Leu Ser Leu Gly Ile Gly Pro Phe

1100 1105 1110

Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly  
1115 1120 1125

Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg  
1130 1135 1140

Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asn  
1145 1150 1155

Leu Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro  
1160 1165 1170

Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Asp  
1175 1180 1185

Arg Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro  
1190 1195 1200

Lys Leu Arg Leu Leu Trp Ile Ser Asp Cys Pro Leu Val Glu Ala  
1205 1210 1215

Leu Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr  
1220 1225 1230

Leu Gln Asp Cys Glu Lys Leu Glu Leu Leu Pro Ser Arg Asp Ala  
1235 1240 1245

Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Gly Ile Lys Gly Cys  
1250 1255 1260

Pro Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys  
1265 1270 1275

Ile Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr  
1280 1285 1290

Ala Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
1295 1300

<210> 193

<211> 3912  
 <212> ДНК  
 <213> Solanum chacoense

<220>  
 <221> CDS  
 <222> (1)..(3912)

<400> 193  
 atg aat tat tgt ctt cct tcg agt act cta caa aca act acc aaa cga 48  
 Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
 1 5 10 15

aga ctt act ttg aga aga ctt tgt tgc aaa cag ctc agg aag aag act 96  
 Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
 20 25 30

ttg gtg cag act gca gag gaa gag gaa gca aac aca aca atg gcc gat 144  
 Leu Val Gln Thr Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
 35 40 45

cct gta att ggt gct act gtt caa gtt ttg ctt gaa aag ttg att tct 192  
 Pro Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser  
 50 55 60

ctc act atc gag gaa gtc aac agc tca agg gat ttc aac aaa gat ctc 240  
 Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
 65 70 75 80

gaa atg ttg aca caa aat gta tct tta atc caa gct ttc att cat gat 288  
 Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
 85 90 95

gtt gaa aca cca caa gag aaa caa cag tct gtg gaa caa tgg ctc aac 336  
 Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn  
 100 105 110

agg ctt gag aga gtt gct gaa gat gct caa aat gtg ttt gat cga ttc 384  
 Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Gln Asn Val Phe Asp Arg Phe  
 115 120 125

ata tat gaa tct ctc aaa aca aaa gtg gtg agg agc cca ttg aaa aag 432  
 Ile Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
 130 135 140

gtc agt ggt ttc ttt tct cat act gct ttt aag aga aaa atg tct caa 480  
 Val Ser Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
 145 150 155 160

aaa atc aac aac atc aat aaa gag ttg acg gct atc aat aag gta gcc 528  
 Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
 165 170 175

aaa gac ctc ggt cta caa tca ctc atg gtt cct tct cgg aaa ata cta 576  
 Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu

180	185	190	
cca att cga gaa aca gat tcc ttt gta gtt gct tct gat att gtc ggt 624			
Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Phe Val Val Ala Ser Asp Ile Val Gly			
195	200	205	
aga gat ttg gat att gct gag ata aag gag aag att ttg aac atg aga 672			
Arg Asp Leu Asp Ile Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Asn Met Arg			
210	215	220	
gag gag gat att gtt ctg tcc acc att ccc ata gta ggt atg gga ggt 720			
Glu Glu Asp Ile Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly			
225	230	235	240
tta ggg aaa aca act gtg gct aag agg att tac aat gat gaa cac atg 768			
Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Met			
245	250	255	
aag caa atc ttt gaa aag aga att tgg ttg tgt cta cct gaa atg tct 816			
Lys Gln Ile Phe Glu Lys Arg Ile Trp Leu Cys Leu Pro Glu Met Ser			
260	265	270	
gaa acg aag agc ttt ctt gaa caa atc ctc gaa tcg ttg ata gag agg 864			
Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg			
275	280	285	
aaa att gag gtt gaa agg aga gat ata ata gtc aag aag cta caa gat 912			
Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp			
290	295	300	
gaa ttg gga gga aaa aaa tat ttg cta gtc ctg gat gat ttg tgg tgt 960			
Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Cys			
305	310	315	320
gtt gac tct aca tcg tgg cat gag ttc att gac acc ttg aga gga ata 1008			
Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Ile Asp Thr Leu Arg Gly Ile			
325	330	335	
aat aca tcc aga gga aac tgc att ctt gtg act act cgt agg aag cag 1056			
Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Arg Lys Gln			
340	345	350	
gtg gca tcc aca gta gca aca gat ctt cat atc ttg ggg aag tta aca 1104			
Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr			
355	360	365	
gaa gat cat tgt tgg tct att ttc aaa caa aaa gca ttt gtt gat ggc 1152			
Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly			
370	375	380	
agg gtt cca gag gaa tta gcg agc atg ggc aac aag att gtt aaa atg 1200			
Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met			
385	390	395	400
tgc caa ggt cta ccg ttg gct gca agt gtg ttg gga ggg ctc tta cac 1248			
Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Val Leu Gly Gly Leu Leu His			

405	410	415	
aac aaa gaa aaa cat gaa tgg caa gca att ctt gat ggc aac ctc ctt 1296			
Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu			
420	425	430	
ggt gca ggt gaa gat gat aat gga gaa aat agc ata aag aaa atc cta 1344			
Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu			
435	440	445	
aaa ctc agc tat gat tat cta cca tct cca cat ctg aaa aaa tgc ttt 1392			
Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe			
450	455	460	
gct tac ttt gca atg ttt cca aaa gat tat atg ttt gaa aag gac caa 1440			
Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln			
465	470	475	480
cta atc caa ctc tgg atg gca gaa ggg ttt ctt cgt cca agt caa gag 1488			
Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu			
485	490	495	
atc cct gtg atg gaa gac gtt ggg cac agg ttt ttt caa atc ttg ttg 1536			
Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu			
500	505	510	
cag aat tcc ttg cta caa gat gtt ctg tta gat gaa cac aac aat ata 1584			
Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Leu Leu Asp Glu His Asn Asn Ile			
515	520	525	
aca cac tgc aag atg cac gat ctt gtg cat gat ttg gct gga gat atc 1632			
Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile			
530	535	540	
tta aaa tct aga cta ttt gat cgg aag ggc gac aat gga gaa aaa ctt 1680			
Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu			
545	550	555	560
tct caa gtt cga tac ttt gga tgt gag tca cca acg gat caa ata gat 1728			
Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp			
565	570	575	
aag ata tat gag cca gaa cgt ttg tgc aca ctg ttt tgg aga agc aat 1776			
Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn			
580	585	590	
tat aca tct aaa gat atg ctg ttg aac ttt aag ttc ttg aga gtt tta 1824			
Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu			
595	600	605	
gat ttg tcc agt tca gga atc aag gag ttg tca gcc aaa atc ggg aag 1872			
Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys			
610	615	620	
ctg ata tac ttg aga tat ctt gat ctc tcg aac act gag atc aca gcc 1920			
Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala			



625	630	635	640	
ttg ccc aac tcc att tgc aag ctc tat aat ttg caa aca ttt aga gtc 1968				
Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val				
645	650	655		
atc aac tgc ttt tca ctc cag gaa ctt cca tat gag atg aga aat atg 2016				
Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met				
660	665	670		
ata agt ttg aga cac ata tat tac act tct att gac gaa aca agt ggg 2064				
Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Ile Asp Glu Thr Ser Gly				
675	680	685		
cat tgg gga gga tgg tgt ctt cac aat gaa cat ttt cag att cca ctt 2112				
His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu				
690	695	700		
aat atg ggg caa ttg act agt ctt caa acc ctc aag ttt ttc aag gta 2160				
Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val				
705	710	715	720	
ggg tta gag aaa ggt cgt caa ata gaa gaa tta ggt cat ttg aaa aac 2208				
Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn				
725	730	735		
cta gga ggt gaa ttg aca atc aat ggt ctc caa ttg gtc tgt gat aaa 2256				
Leu Gly Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys				
740	745	750		
gaa gag gct cga aca gca tat tta cac gat aaa cca aac atc tgc aag 2304				
Glu Glu Ala Arg Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys				
755	760	765		
ctg gca tat tta tgg tcc cat gat gaa tca gaa ggc tgt gag atc aat 2352				
Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn				
770	775	780		
gat gag cat gtg ttg gat ggt ctt caa ccg cat cct aac ttg aaa acc 2400				
Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr				
785	790	795	800	
tta gca gta gtg gac tat tta ggg act aaa ttt cct tca tgg ttc agt 2448				
Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser				
805	810	815		
gaa gag tcg cta cca aat ttg gtt aag ttg aaa tta agt ggt agc aaa 2496				
Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys				
820	825	830		
agg tgc aaa gaa att cca tcc ctt ggc caa ctg aaa ttc ctt cgg cat 2544				
Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His				
835	840	845		
ctt gag ctg ata gga ttc cat gag ttg gaa tgc att gga cct gct tta 2592				
Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Leu				

850	855	860	
tat ggt gtt gag att aga aat acc gga tca aac agc aat atc caa gtg 2640			
Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Thr Gly Ser Asn Ser Asn Ile Gln Val			
865	870	875	880
ttc ccg tca ttg aaa gaa cta gta ttg gag gat atg cat agc ctt att 2688			
Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val Leu Glu Asp Met His Ser Leu Ile			
885	890	895	
gag tgg aag gga gat gaa gtc gga gta aga atg tct ccc ggg ctt gag 2736			
Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu			
900	905	910	
aag ttg cgg att aca gac tgt cca ttg tta aaa agt att ccg aat caa 2784			
Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln			
915	920	925	
ttt gaa atc ctc cgt gaa tta gaa att aga gga gtt gac agt gaa atg 2832			
Phe Glu Ile Leu Arg Glu Leu Glu Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Met			
930	935	940	
cca ttg ttg aac ttg tgc agc aac ttg aca tct ctc gta aag ctt agt 2880			
Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Ser			
945	950	955	960
gtc tat gat atg aat gag ctc act tgt ctt cca gat gag ata cta cgt 2928			
Val Tyr Asp Met Asn Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Ile Leu Arg			
965	970	975	
aac aac gtt tct ctt caa cag ata acg att ttc aac tgt gga gag ttt 2976			
Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Thr Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe			
980	985	990	
cgt gaa ttg cca caa agc ttg tac aat ctc cat tct ctt aag aga tta 3024			
Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Lys Arg Leu			
995	1000	1005	
gac att tac aac tgc acc aac ttc agt tct ctt cct gtt ccc aat 3069			
Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn			
1010	1015	1020	
gga gac aac tat ttg act tcc ctc gaa ttc ttt tac tta tat aat 3114			
Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Tyr Leu Tyr Asn			
1025	1030	1035	
tgt aat gga ttg atc agt ata cca att gga atg cta gat caa tgc 3159			
Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys			
1040	1045	1050	
cgg tct cta gag ttt ttg cat gtc agt tgc tgt aac aac ttg gtt 3204			
Arg Ser Leu Glu Phe Leu His Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val			
1055	1060	1065	
tca ttc cct tta cat gtg tgg gaa atg cct tca ttt tca ttt ttg 3249			
Ser Phe Pro Leu His Val Trp Glu Met Pro Ser Phe Ser Phe Leu			

1070	1075	1080	
gat ata aga gaa tgt ccc aaa ttg att agt gta ccc aaa gtg ggc 3294			
Asp Ile Arg Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly			
1085	1090	1095	
ctt cac cat ctc acc ggg tta ttg agt ttg gca att ggt cct ttc 3339			
Leu His His Leu Thr Gly Leu Leu Ser Leu Ala Ile Gly Pro Phe			
1100	1105	1110	
tca gag atg gtg gat ttt gat gca ttc caa ttg att ttt aat ggc 3384			
Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly			
1115	1120	1125	
att cag cag ttg ttg tcc ctt cgt gat ctg gcg gtg tac gga cgt 3429			
Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Ala Val Tyr Gly Arg			
1130	1135	1140	
ggg cac tgg gat tct ctg ccc tat cag ctt atg caa ctc tct aac 3474			
Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asn			
1145	1150	1155	
cta aga gag atc aca ata gct gat ttc gga att gag gct ctt cct 3519			
Leu Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro			
1160	1165	1170	
cct aga ctt gac aac ctt act tct ctt gaa agt ttg acg cta gag 3564			
Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Glu			
1175	1180	1185	
agg tgc aaa cgg cta caa cat ctg aac ttc tca gat gcc atg ccc 3609			
Arg Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro			
1190	1195	1200	
aaa tta cgg ctt ctg tgg ata agt gat tgt cca ttg gta gaa gct 3654			
Lys Leu Arg Leu Leu Trp Ile Ser Asp Cys Pro Leu Val Glu Ala			
1205	1210	1215	
ctg tcg gat ggg ctc ggc aac ctt gtt tct ttg gaa gaa tta tat 3699			
Leu Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr			
1220	1225	1230	
tta cag gac tgc gaa aaa cta gag ctt cta ccg tcc cga gat gcc 3744			
Leu Gln Asp Cys Glu Lys Leu Glu Leu Leu Pro Ser Arg Asp Ala			
1235	1240	1245	
atg cga cgc ctc act aaa tta tgg aac atg gga att aaa gga tgc 3789			
Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Gly Ile Lys Gly Cys			
1250	1255	1260	
cca aag tta gaa gaa agt ttc acc aac tac tcc cag tgg tcc aaa 3834			
Pro Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys			
1265	1270	1275	
att tcc cat att tca aat att gaa tta ggt ggg tgg aga agg aca 3879			
Ile Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr			

```

1280      1285      1290
gcc ata agt ctc ggt ttc tct ttc act ttc tga      3912
Ala Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe
1295      1300

<210> 194
<211> 1303
<212> PRT
<213> Solanum chacoense

<400> 194

Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg
1      5      10      15

Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr
20      25      30

Leu Val Gln Thr Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp
35      40      45

Pro Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser
50      55      60

Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu
65      70      75      80

Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp
85      90      95

Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn
100     105     110

Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Gln Asn Val Phe Asp Arg Phe
115     120     125

Ile Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys
130     135     140

Val Ser Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln
145     150     155     160

Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala
165     170     175

```

Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu  
180 185 190

Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Phe Val Val Ala Ser Asp Ile Val Gly  
195 200 205

Arg Asp Leu Asp Ile Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Asn Met Arg  
210 215 220

Glu Glu Asp Ile Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
225 230 235 240

Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Met  
245 250 255

Lys Gln Ile Phe Glu Lys Arg Ile Trp Leu Cys Leu Pro Glu Met Ser  
260 265 270

Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
275 280 285

Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
290 295 300

Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Cys  
305 310 315 320

Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Ile Asp Thr Leu Arg Gly Ile  
325 330 335

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

Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
355 360 365

Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
370 375 380

Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met  
385 390 395 400

Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Val Leu Gly Gly Leu Leu His  
405 410 415

Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
420 425 430

Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
435 440 445

Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe  
450 455 460

Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
465 470 475 480

Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
485 490 495

Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
500 505 510

Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Leu Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
515 520 525

Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
530 535 540

Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
545 550 555 560

Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp  
565 570 575

Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
580 585 590

Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
595 600 605

Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
610 615 620

Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
625 630 635 640

Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
645 650 655

Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
660 665 670

Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Ile Asp Glu Thr Ser Gly  
675 680 685

His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
690 695 700

Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
705 710 715 720

Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
725 730 735

Leu Gly Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
740 745 750

Glu Glu Ala Arg Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
755 760 765

Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn  
770 775 780

Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
785 790 795 800

Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser  
805 810 815

Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
820 825 830

Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
835 840 845

Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Leu  
850 855 860

Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Thr Gly Ser Asn Ser Asn Ile Gln Val  
865 870 875 880

Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val Leu Glu Asp Met His Ser Leu Ile  
885 890 895

Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
900 905 910

Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
915 920 925

Phe Glu Ile Leu Arg Glu Leu Glu Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Met  
930 935 940

Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Ser  
945 950 955 960

Val Tyr Asp Met Asn Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Ile Leu Arg  
965 970 975

Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Thr Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe  
980 985 990

Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Lys Arg Leu  
995 1000 1005

Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn  
1010 1015 1020

Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Tyr Leu Tyr Asn  
1025 1030 1035

Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
1040 1045 1050

Arg Ser Leu Glu Phe Leu His Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val  
1055 1060 1065



Ser Phe Pro Leu His Val Trp Glu Met Pro Ser Phe Ser Phe Leu  
1070 1075 1080

Asp Ile Arg Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly  
1085 1090 1095

Leu His His Leu Thr Gly Leu Leu Ser Leu Ala Ile Gly Pro Phe  
1100 1105 1110

Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly  
1115 1120 1125

Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Ala Val Tyr Gly Arg  
1130 1135 1140

Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asn  
1145 1150 1155

Leu Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro  
1160 1165 1170

Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Glu  
1175 1180 1185

Arg Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro  
1190 1195 1200

Lys Leu Arg Leu Leu Trp Ile Ser Asp Cys Pro Leu Val Glu Ala  
1205 1210 1215

Leu Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr  
1220 1225 1230

Leu Gln Asp Cys Glu Lys Leu Glu Leu Leu Pro Ser Arg Asp Ala  
1235 1240 1245

Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Gly Ile Lys Gly Cys  
1250 1255 1260

Pro Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys  
1265 1270 1275

Ile Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr  
1280 1285 1290

Ala Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
1295 1300

<210> 195  
<211> 3912  
<212> ДНК  
<213> Solanum chacoense

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(3912)

<400> 195  
atg aat tat tgt ctt cct tcg agt act cta caa aca act acc aaa cga 48  
Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
1 5 10 15  
aga ctt act ttg aga aga ctt tgt tgc ata cag ctc agg aag aag act 96  
Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Ile Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30  
ttg gtg cag att gca gag gaa gag gaa gca aac aca aca atg gcc gat 144  
Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45  
cct gta att ggt gct act gtt caa gtt ttg ctt gaa aag ttg att tct 192  
Pro Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser  
50 55 60  
ctc act atc gag gag gtc aac agc tca agg gat ttc aac aaa gat ctc 240  
Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80  
gaa atg ttg aca caa aat gta tca tta atc caa gct ttc att cat gat 288  
Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95  
gtt gaa aca cca caa gag aaa caa cag tct gtc gaa caa tgg ctc aac 336  
Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn  
100 105 110  
agg ctt gag aga gtt gct gaa gat gct gaa aat gtg ttt gat cga ttc 384  
Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
115 120 125  
aga tat gaa tct ctc aaa aca aaa gtg gtg agg agc cca ttg aaa aag 432  
Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
130 135 140

gtc ggt ggt ttc ttt tct cat act gct ttt aag aga aaa atg tct caa 480  
Val Gly Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
145 150 155 160

aaa atc aac aac atc aat aaa gag ttg acg gct atc aat aag gta gcc 528  
Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
165 170 175

aaa gac ctc ggt cta caa tca ctc atg gta cct tct cgg aaa ata cta 576  
Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu  
180 185 190

cca att cga gaa aca gat tcc tta gta gtt gct tct gat att gtc ggt 624  
Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Leu Val Val Ala Ser Asp Ile Val Gly  
195 200 205

aga gat ttg gat gtt gct gag ata aag gag aag att ttg aag atg aga 672  
Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Lys Met Arg  
210 215 220

gag gag gat att gtt ctg tcc acc att ccc att gta ggt atg gga ggt 720  
Glu Glu Asp Ile Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
225 230 235 240

tta ggg aaa aca act gtg gct aag agg att tac aat gat gaa cac atg 768  
Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Met  
245 250 255

aag caa atc ttt aaa aag aga att tgg ttg tgt cta cct gaa atg tct 816  
Lys Gln Ile Phe Lys Lys Arg Ile Trp Leu Cys Leu Pro Glu Met Ser  
260 265 270

gaa acg aag agc ttt ctt gaa caa atc ctc gaa tca ttg ata gag agg 864  
Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
275 280 285

aaa att gag gtt gaa agg aga gat ata ata gtc aag aag cta caa gat 912  
Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
290 295 300

gaa ttg gga gga aaa aaa tat ttg cta gtc ctg gat gat ttg tgg cgt 960  
Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg  
305 310 315 320

gtt gac tct aca tcg tgg cat gag ttc gtc gac acc ctg aga aga ata 1008  
Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asp Thr Leu Arg Arg Ile  
325 330 335

aat aca tcc aga gga aac tgc att ctt gtg act act cgt agg aag cag 1056  
Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Arg Lys Gln  
340 345 350

gtg gca tcc aca gta gca aca gat ctt cat atc ttg ggg aag tta aca 1104  
Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
355 360 365

gaa gat cat tgt tgg tct att ttc aaa caa aaa gca ttt gtt gat ggc 1152  
Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
370 375 380

agg gtt cca gag gaa tta gcg agc atg ggc aac aag att gtt aaa atg 1200  
Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met  
385 390 395 400

tgc caa ggt cta ccg ttg gct gca agt gca ttg gga ggg ctc tta cac 1248  
Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Ala Leu Gly Gly Leu Leu His  
405 410 415

aac aaa gaa aaa cat gaa tgg caa gca att ctt gat ggc aac ctc ctt 1296  
Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
420 425 430

gtt act ggt gaa gat gat aat gga gaa aat agc ata aag aaa atc cta 1344  
Val Thr Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
435 440 445

aaa ctc agc tat gat tat cta cca tct cca cat ctg aaa aaa tgt ttt 1392  
Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe  
450 455 460

gct tac ttt gca atg ttt cca aaa gat tat atg ttt gaa aag gac caa 1440  
Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
465 470 475 480

cta atc caa ctc tgg atg gca gaa ggg ttt ctt cgt cca agt caa gag 1488  
Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
485 490 495

atc cct gtg atg gaa gac gtt ggg cac agg ttt ttt caa atc ttg ttg 1536  
Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
500 505 510

cag aat tcc ttg cta caa gat gtt gtg tta gat gaa cac aac aat ata 1584  
Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Val Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
515 520 525

aca cac tgt aag atg cac gat ctt gtg cat gat ttg gct gga gat atc 1632  
Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
530 535 540

tta aaa tct aga cta ttt gat ccg aag ggc gac aat gga gaa aaa ctt 1680  
Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
545 550 555 560

tct caa gtt cga tac ttt gga tgt gag tca cca acg gat caa ata gat 1728  
Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp  
565 570 575

aag ata tat gag cca gaa cgt ttg tgc aca ctg ttt tgg aga agc aat 1776  
Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
580 585 590

tat aca tct aaa gat atg ctg ttg aaa tat aag ttc ttg aga gtt tta 1824  
Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Lys Tyr Lys Phe Leu Arg Val Leu  
595 600 605

gat ttg tcc agt tca gga atc aag gag ttg tca acc aaa atc ggg aag 1872  
Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Thr Lys Ile Gly Lys  
610 615 620

ctg ata tac ttg aga tat ctt gat ctc tcg aac act gag atc aca gcc 1920  
Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
625 630 635 640

ttg ccc aac tcc att tgc gag ctc tat aat ttg caa aca ttt aga gtc 1968  
Leu Pro Asn Ser Ile Cys Glu Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
645 650 655

atc aac tgc ttt tca ctc cag gaa ctt cca tat gag atg aga aat atg 2016  
Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
660 665 670

ata agt ttg aga cac ata tat tac act tct gtt gac gaa aca agt ggg 2064  
Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser Gly  
675 680 685

cat tgg gga gga tgg tgt ctt cac aat gaa cat ttt cag att cca ctt 2112  
His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
690 695 700

aat atg ggg caa ttg act agt ctt caa acc ctc aag ttt ttc aag gta 2160  
Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
705 710 715 720

ggt tta gag aaa ggt cgt caa ata gaa gaa tta ggt cat ttg aaa aac 2208  
Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
725 730 735

cta aga ggt gaa ttg acg atc aat ggt ctc caa ttg gtc tgt gat aaa 2256  
Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
740 745 750

gaa gag gct cga aca gca tat tta cac gat aaa cca aac atc tgc aag 2304  
Glu Glu Ala Arg Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
755 760 765

ctg gca tat tta tgg tcc cac gat gaa tca gaa ggc tgt gag atc aat 2352  
Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn  
770 775 780

gat gag cat gtg ttg gat ggt ctt caa ccg cat cct aac ttg aaa acc 2400  
Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
785 790 795 800

ata gca gta gtg gac tat tta ggg act aaa ttt cct tca tgg ttc cgt 2448  
Ile Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Arg  
805 810 815

gaa gag tcg cta cca aat ttg gtc aag ttg aaa tta agt gga agc aaa 2496  
Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
820 825 830

agg tgc aaa gaa att cca tcc ctt ggc caa ctg aaa ttc ctt cgg cat 2544  
Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
835 840 845

ctt gag ctg ata gga ttc cat gag ttg gaa tgc att gga cct gct ttt 2592  
Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Phe  
850 855 860

tat ggt gtt gag att aga aat att gga tca aac agc att att caa gtg 2640  
Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln Val  
865 870 875 880

ttc ccg tca ttg aaa gaa cta gta ttg gag gat atg cgt agc ctt att 2688  
Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val Leu Glu Asp Met Arg Ser Leu Ile  
885 890 895

gag tgg aag gga gat gaa gtt gga gta aga atg tct ccc ggg ctt gag 2736  
Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
900 905 910

aag ttg cgg att aca gac tgt cca ttg tta aaa agt att ccg aat caa 2784  
Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
915 920 925

ttt gaa atc ctc cgt gaa tta gaa att aga gga gtt gac agt gaa atg 2832  
Phe Glu Ile Leu Arg Glu Leu Glu Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Met  
930 935 940

cca ttg ttg aac ttg tgc agc aac ttg aca tct ctc gtg aat ctt agt 2880  
Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Asn Leu Ser  
945 950 955 960

gtc tat gat atg aaa gag ctc act tgt ctt cca gat gag ata cta cgt 2928  
Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Ile Leu Arg  
965 970 975

aac aac att tct ctt caa cag ata acg att ttc gaa tgt gga gag ttt 2976  
Asn Asn Ile Ser Leu Gln Gln Ile Thr Ile Phe Glu Cys Gly Glu Phe  
980 985 990

cgt gaa ttg cca caa agc ttg tac aat ctc cat tct ctt tat aga tta 3024  
Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Tyr Arg Leu  
995 1000 1005

gac att tac aac tgc acc aat ttc agt tct ctt cct gtt ccc aag 3069  
Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Lys  
1010 1015 1020

gga gac aac tat ttg act tcc ctc ata ttc ttt ttc tta cat aat 3114  
Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Ile Phe Phe Phe Leu His Asn  
1025 1030 1035

tgt aat gga ttg atc agt ata cca att gga atg cta gat caa tgc 3159  
 Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
 1040 1045 1050

cgg tct cta gag tat ttg cat gtc agc tgc tgt aac aac ttg gtt 3204  
 Arg Ser Leu Glu Tyr Leu His Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val  
 1055 1060 1065

tca ttc cct tta cat gtg tgg gaa att cct tca ttt tca gtt ttg 3249  
 Ser Phe Pro Leu His Val Trp Glu Ile Pro Ser Phe Ser Val Leu  
 1070 1075 1080

gaa ata aca gaa tgt ccc aaa ttg att agt gta ccc gaa gtg ggc 3294  
 Glu Ile Thr Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Glu Val Gly  
 1085 1090 1095

ctt cac cat ctc acc ggg tta ttg aga ttg gga att ggt cct ttc 3339  
 Leu His His Leu Thr Gly Leu Leu Arg Leu Gly Ile Gly Pro Phe  
 1100 1105 1110

tca gag atg gtg gat ttt gat gca ttc caa ttg att ttt aat ggc 3384  
 Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly  
 1115 1120 1125

att cag aag ttg ttg tct ctt cgt gat ctg gag gtg tac gga cgt 3429  
 Ile Gln Lys Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg  
 1130 1135 1140

ggg cac tgg gat tct ctg ccc tat cag ctt atg caa ctc tct aac 3474  
 Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asn  
 1145 1150 1155

cta aga aag atc aca ata gct gat ttc gga att gag gct ctt cct 3519  
 Leu Arg Lys Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro  
 1160 1165 1170

cct aga ctt gac aac ctt act tct ctt gaa agt ttg acg cta gag 3564  
 Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Glu  
 1175 1180 1185

agg tgc aaa cgg cta caa cat ctg aac ttc tca gat gcc atg ccc 3609  
 Arg Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro  
 1190 1195 1200

aaa tta cgg cat ctg tgg ata agt gat tgt cca ttg tta gaa gcc 3654  
 Lys Leu Arg His Leu Trp Ile Ser Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala  
 1205 1210 1215

ctg tcg gat ggg ctc ggc agc att gtt tct ttg gaa gaa tta tat 3699  
 Leu Ser Asp Gly Leu Gly Ser Ile Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr  
 1220 1225 1230

tta cag gac tgc gaa aaa cta gag cat cta ccg tcc cga gat gcc 3744  
 Leu Gln Asp Cys Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser Arg Asp Ala  
 1235 1240 1245

atg cga cgc ctc act aaa tta tgg aac atg aga att aaa gga tgc 3789  
Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Arg Ile Lys Gly Cys  
1250 1255 1260

cca aag tta gaa gaa agt ttc acc aac tac tcc cag tgg tcc aaa 3834  
Pro Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys  
1265 1270 1275

att tcc cat att tca aat att gaa tta ggt ggg tgg aga agg aca 3879  
Ile Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr  
1280 1285 1290

acc ata agt ctc ggt ttc tct ttc act ttc tga 3912  
Thr Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
1295 1300

<210> 196  
<211> 1303  
<212> PRT  
<213> Solanum chacoense

<400> 196

Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
1 5 10 15

Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Ile Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30

Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45

Pro Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser  
50 55 60

Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80

Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95

Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn  
100 105 110

Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
115 120 125



Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
130 135 140

Val Gly Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
145 150 155 160

Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
165 170 175

Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu  
180 185 190

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

Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Lys Met Arg  
210 215 220

Glu Glu Asp Ile Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
225 230 235 240

Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Met  
245 250 255

Lys Gln Ile Phe Lys Lys Arg Ile Trp Leu Cys Leu Pro Glu Met Ser  
260 265 270

Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
275 280 285

Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
290 295 300

Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg  
305 310 315 320

Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asp Thr Leu Arg Arg Ile  
325 330 335

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

Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
355 360 365

Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
370 375 380

Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met  
385 390 395 400

Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Ala Leu Gly Gly Leu Leu His  
405 410 415

Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
420 425 430

Val Thr Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
435 440 445

Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe  
450 455 460

Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
465 470 475 480

Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
485 490 495

Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
500 505 510

Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Val Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
515 520 525

Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
530 535 540

Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
545 550 555 560

Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp  
565 570 575

Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
580 585 590

Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Lys Tyr Lys Phe Leu Arg Val Leu  
595 600 605

Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Thr Lys Ile Gly Lys  
610 615 620

Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
625 630 635 640

Leu Pro Asn Ser Ile Cys Glu Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
645 650 655

Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
660 665 670

Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser Gly  
675 680 685

His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
690 695 700

Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
705 710 715 720

Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
725 730 735

Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
740 745 750

Glu Glu Ala Arg Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
755 760 765

Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn  
770 775 780

Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
785 790 795 800

Ile Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Arg  
805 810 815

Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
820 825 830

Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
835 840 845

Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Phe  
850 855 860

Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln Val  
865 870 875 880

Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val Leu Glu Asp Met Arg Ser Leu Ile  
885 890 895

Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
900 905 910

Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
915 920 925

Phe Glu Ile Leu Arg Glu Leu Glu Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Met  
930 935 940

Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Asn Leu Ser  
945 950 955 960

Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Ile Leu Arg  
965 970 975

Asn Asn Ile Ser Leu Gln Gln Ile Thr Ile Phe Glu Cys Gly Glu Phe  
980 985 990

Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Tyr Arg Leu  
995 1000 1005

Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Lys  
1010 1015 1020

Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Ile Phe Phe Phe Leu His Asn  
1025 1030 1035

Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
1040 1045 1050

Arg Ser Leu Glu Tyr Leu His Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val  
1055 1060 1065

Ser Phe Pro Leu His Val Trp Glu Ile Pro Ser Phe Ser Val Leu  
1070 1075 1080

Glu Ile Thr Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Glu Val Gly  
1085 1090 1095

Leu His His Leu Thr Gly Leu Leu Arg Leu Gly Ile Gly Pro Phe  
1100 1105 1110

Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly  
1115 1120 1125

Ile Gln Lys Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg  
1130 1135 1140

Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asn  
1145 1150 1155

Leu Arg Lys Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro  
1160 1165 1170

Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Glu  
1175 1180 1185

Arg Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro  
1190 1195 1200

Lys Leu Arg His Leu Trp Ile Ser Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala  
1205 1210 1215

Leu Ser Asp Gly Leu Gly Ser Ile Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr  
1220 1225 1230

Leu Gln Asp Cys Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser Arg Asp Ala  
1235 1240 1245

Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Arg Ile Lys Gly Cys  
1250 1255 1260

Pro Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys  
1265 1270 1275

Ile Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr  
1280 1285 1290

Thr Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
1295 1300

<210> 197  
<211> 3912  
<212> ДНК  
<213> Solanum sucrense

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(3912)

<400> 197  
atg aat tat tgt ctt cct tcg agt act cta caa aca act acc aaa cga 48  
Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
1 5 10 15

aga ctt act ttg aga aga ctt tgt tgc aaa cag ctc agg aag aag act 96  
Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30

ttg gtg cag act gca gag gaa gag gaa gca aac aca act atg gcc gat 144  
Leu Val Gln Thr Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45

cct gta att ggt gct act gtt caa gtt ttg ctt gaa aag ttg att tct 192  
Pro Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser  
50 55 60

ctc act atc gag gag gtc aac agc tca agg gat ttc aac aaa gat ctc 240  
Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80

gaa atg ttg aca caa aat gta tct tta atc caa gct ttc att cat gat 288  
Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95

ggt gaa aca cca caa gag aaa caa cag tct gtc gaa caa tgg ctc aac 336  
Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn  
100 105 110

agg ctt gag aga gtt gct gaa gat gct gaa aat gtg ttt gat cga ttc 384  
Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
115 120 125

aga tat gaa tct ctc aaa aca aaa gtg gtg agg agc cca ttg aaa aag 432  
Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
130 135 140

gtc ggt ggt ttc ttt tct cat act gct ttt aag aga aaa atg tct caa 480  
Val Gly Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
145 150 155 160

aaa atc aac aac atc aat aaa gag ttg acg gct atc aat aag gta gcc 528  
Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
165 170 175

aaa gac ctc ggt cta caa tca ctc atg gta cct tct cgg aaa ata cta 576  
Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu  
180 185 190

cca att cga gaa aca gat tcc tta gtg gtt gct tct gat att gtc ggt 624  
Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Leu Val Val Ala Ser Asp Ile Val Gly  
195 200 205

aga gat ttg gat gtt gct gag ata aag gag aag att ttg aac atg aga 672  
Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Asn Met Arg  
210 215 220

gag gag gat att gtt ctg tcc acc att ccc att gta ggt atg gga ggt 720  
Glu Glu Asp Ile Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
225 230 235 240

tta ggg aaa aca act gtg gct aag agg att tac aat gat gaa cac atg 768  
Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Met  
245 250 255

aag caa atc ttt aaa aag aga att tgg ttg tgt cta cct gaa atg tct 816  
Lys Gln Ile Phe Lys Lys Arg Ile Trp Leu Cys Leu Pro Glu Met Ser  
260 265 270

gaa acg aag agc ttt ctt gaa caa atc ctc gaa tcg ttg ata gag agg 864  
Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
275 280 285

aaa att gag gtt gaa agg aga gat ata ata gtc aag aag cta caa gat 912  
Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
290 295 300

gaa ttg gga gga aaa aaa tat ttg cta gtc ctg gat gat ttg tgg cgt 960  
Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg  
305 310 315 320

gtt gac tct aca tcg tgg cat gag ttc gtc gac acc ctg aga gga ata 1008  
Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asp Thr Leu Arg Gly Ile  
325 330 335

aat aca tcc aga gga aac tgc att ctt gtg act act cgt agg aag cag 1056  
Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Arg Lys Gln  
340 345 350

gtg gca tcc aca gta gca aca gat ctt cat atc ttg ggg aag tta aca 1104  
Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
355 360 365

gaa gat cat tgt tgg tct att ttc aaa caa aaa gca ttt gtt gat ggc 1152  
Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
370 375 380

agg gtt cca gag gaa tta gcg agc atg ggc aac aag att gtt aaa atg 1200  
Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met  
385 390 395 400

tgc caa ggt cta ccg ttg gct gca agt gca ttg gga ggg ctc tta cac 1248  
Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Ala Leu Gly Gly Leu Leu His  
405 410 415

aac aaa gaa aaa cat gaa tgg caa gca att ctt gat ggc aac ctc ctt 1296  
Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
420 425 430

gtt gct ggt gaa gat gat aat gga gaa aat agc ata aag aaa atc cta 1344  
Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
435 440 445

aaa ctc agc tat gat tat cta cca tct cca cat ctg aaa aaa tgt ttt 1392  
Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe  
450 455 460

gct tac ttt gca atg ttt cca aaa gat tat atg ttt gaa aag gac caa 1440  
Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
465 470 475 480

cta atc caa ctc tgg atg gca gaa ggg ttt ctt cgt cca agt caa gag 1488  
Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
485 490 495

atc cct gtg atg gaa gac gtt ggg cac agg ttt ttt caa atc ttg ttg 1536  
Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
500 505 510

cag aat tcc ttg cta caa gat gtt gtg tta gat gaa cac aac tat ata 1584  
Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Val Leu Asp Glu His Asn Tyr Ile  
515 520 525

aca cac tgt aag atg cac gat ctt gtg cat gat ttg gct gga gat atc 1632  
Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
530 535 540



tta aaa tct aga cta ttt gat ccg aag ggc gac aat gga gaa aaa ctt 1680  
 Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
 545 550 555 560

tct caa gtt cga tac ttt gga tgt gag tca cca acg gat caa ata gat 1728  
 Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp  
 565 570 575

aag ata tat gag cca gaa cgt ttg tgc aca ctg ttt tgg aga agc aat 1776  
 Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
 580 585 590

tat aca tct aaa gat atg ctg ttg aaa tat aag ttc ttg aga gtt tta 1824  
 Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Lys Tyr Lys Phe Leu Arg Val Leu  
 595 600 605

gat ttg tcc agt tca gga atc aag gag ttg tca acc aaa atc ggg aag 1872  
 Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Thr Lys Ile Gly Lys  
 610 615 620

ctg ata tac ttg aga tat ctt gat ctc tcg aac act gag atc aca gcc 1920  
 Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
 625 630 635 640

ttg ccc aac tcc att tgc gag ctc tat aat ttg caa aca ttt aga gtc 1968  
 Leu Pro Asn Ser Ile Cys Glu Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
 645 650 655

atc aac tgc ttt tca ctc cag gaa ctt cca tat gag atg aga aat atg 2016  
 Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
 660 665 670

ata agt ttg aga cac ata tat tac act tct gtt gac aaa aga act ctg 2064  
 Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Lys Arg Thr Leu  
 675 680 685

cat tgg gga gga tgg tgt ctt cac aat gaa cat ttt cag att cca ctt 2112  
 His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
 690 695 700

aat atg ggg caa ttg act agt ctt caa acc ctc aag ttt ttc aag gta 2160  
 Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
 705 710 715 720

ggg tta gag aaa ggt cgt caa ata gaa gaa tta ggt cat ttg aaa aac 2208  
 Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
 725 730 735

cta aga ggt gaa ttg acg atc aat ggt ctc caa ttg gtc tgt gat aaa 2256  
 Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
 740 745 750

gaa gag gct cga aca gca tat tta cac gat aaa cca aac atc tgc aag 2304  
 Glu Glu Ala Arg Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
 755 760 765

ctg gca tat tta tgg tcc cac gat gaa tca gaa ggc tgt gag atc aat 2352  
 Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn  
 770 775 780

gat gag cat gtg ttg gat ggt ctt caa ccg cat cct aac ttg aaa acc 2400  
 Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
 785 790 795 800

tta gca gta gtg gac tat tta ggg act aaa ttt cct tca tgg ttc cgt 2448  
 Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Arg  
 805 810 815

gaa gag tcg cta cca aat ttg gtc aag ttg aaa tta agt gga agc aaa 2496  
 Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
 820 825 830

agg tgc aaa gaa att cca tcc ctt ggc caa ctg aaa ttc ctt cgg cat 2544  
 Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
 835 840 845

ctt gag ctg ata gga ttc cat gag ttg gaa tgc att gga cct gct ttt 2592  
 Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Phe  
 850 855 860

tat ggt gtt gag att aga aat att gga tca aac agc att att caa gtg 2640  
 Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln Val  
 865 870 875 880

ttc ccg tca ttg aaa gaa cta gta ttg gag gat atg cgt agc ctt att 2688  
 Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val Leu Glu Asp Met Arg Ser Leu Ile  
 885 890 895

gag tgg aag gga gat gaa gtt gga gta aga atg tct ccc ggg ctt gag 2736  
 Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
 900 905 910

aag ttg cgg att aca gac tgt cca ttg tta aaa agt att ccg aat caa 2784  
 Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
 915 920 925

ttt gaa atc ctc cgt gaa tta gaa att aga gga gtt gac agt gaa atg 2832  
 Phe Glu Ile Leu Arg Glu Leu Glu Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Met  
 930 935 940

cca ttg ttg aac ttg tgc agc aac ttg aca tct ctc gtg aat ctt agt 2880  
 Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Asn Leu Ser  
 945 950 955 960

gtc tat gat atg aaa gag ctc act tgt ctt cca gat gag ata cta tgt 2928  
 Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Ile Leu Cys  
 965 970 975

aac aac att tct ctt caa cag ata acg att ttc gaa tgt gga gag ttt 2976  
 Asn Asn Ile Ser Leu Gln Gln Ile Thr Ile Phe Glu Cys Gly Glu Phe  
 980 985 990

cgt gaa ttg cca caa agc ttg tac aat ctc cat tct ctt tat aga tta 3024  
Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Tyr Arg Leu  
995 1000 1005

gac att tac aac tgc acc aat ttc agt tct ctt cct gtt ccc aag 3069  
Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Lys  
1010 1015 1020

gga gac aac tat ttg act tcc ctc ata ttc ttt ttc tta cat aat 3114  
Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Ile Phe Phe Phe Leu His Asn  
1025 1030 1035

tgt aat gga ttg atc agt ata cca att gga atg cta gat caa tgc 3159  
Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
1040 1045 1050

cgg tct cta gag tat ttg cat gtc agc tgc tgt aac aac ttg gtt 3204  
Arg Ser Leu Glu Tyr Leu His Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val  
1055 1060 1065

tca ttc cct tta cat gtg tgg gaa att cct tca ttt tca gtt ttg 3249  
Ser Phe Pro Leu His Val Trp Glu Ile Pro Ser Phe Ser Val Leu  
1070 1075 1080

gaa ata aca gaa tgt ccc aaa ttg att agt gta ccc gaa gtg ggc 3294  
Glu Ile Thr Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Glu Val Gly  
1085 1090 1095

ctt cac cat ctc acc ggg tta ttg aga ttg gga att ggt cct ttc 3339  
Leu His His Leu Thr Gly Leu Leu Arg Leu Gly Ile Gly Pro Phe  
1100 1105 1110

tca gag atg gtg gat ttt gat gca ttc caa ttg att ttt aat ggc 3384  
Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly  
1115 1120 1125

att cag aag ttg ttg tct ctt cgt gat ctg gag gtg tac gga cgt 3429  
Ile Gln Lys Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg  
1130 1135 1140

ggg cac tgg gat tct ctg ccc tat cag att atg caa ctc tct aac 3474  
Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Ile Met Gln Leu Ser Asn  
1145 1150 1155

cta aga aag atc aca ata gct gat ttc gga att gag gct ctt cct 3519  
Leu Arg Lys Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro  
1160 1165 1170

cct aga ctt gac aac ctt act tct ctt gaa agt ttg acg cta gag 3564  
Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Glu  
1175 1180 1185

agg tgc aaa cgg cta caa cat ctg aac ttc tca gat gcc atg ccc 3609  
Arg Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro  
1190 1195 1200

aaa tta cgg cat ctg tgg ata agt gat tgt cca ttg tta gaa gcc 3654  
Lys Leu Arg His Leu Trp Ile Ser Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala  
1205 1210 1215

ctg tcg gat ggg ctc ggc aac att gtt tct ttg gaa gaa tta tat 3699  
Leu Ser Asp Gly Leu Gly Asn Ile Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr  
1220 1225 1230

tta cag gac tgc gaa aaa cta gag cat cta ccg tcc cga gat gcc 3744  
Leu Gln Asp Cys Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser Arg Asp Ala  
1235 1240 1245

atg cga cgc ctc act aaa tta tgg aac atg aga att aaa gga tgc 3789  
Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Arg Ile Lys Gly Cys  
1250 1255 1260

cca aag tta gaa gaa agt ttc acc aac tac tcc cag tgg tcc aaa 3834  
Pro Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys  
1265 1270 1275

att tcc cat att tca aat att gaa tta ggt ggg tgg aga agg aca 3879  
Ile Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr  
1280 1285 1290

acc ata agt ctc ggt ttc tct ttc act ttc tga 3912  
Thr Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
1295 1300

<210> 198  
<211> 1303  
<212> PRT  
<213> Solanum sucrense

<400> 198

Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
1 5 10 15

Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30

Leu Val Gln Thr Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45

Pro Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser  
50 55 60

Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80

Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95

Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn  
100 105 110

Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
115 120 125

Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
130 135 140

Val Gly Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
145 150 155 160

Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
165 170 175

Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu  
180 185 190

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

Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Asn Met Arg  
210 215 220

Glu Glu Asp Ile Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
225 230 235 240

Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Met  
245 250 255

Lys Gln Ile Phe Lys Lys Arg Ile Trp Leu Cys Leu Pro Glu Met Ser  
260 265 270

Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
275 280 285

Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
290 295 300

Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg  
305 310 315 320

Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asp Thr Leu Arg Gly Ile  
325 330 335

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

Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
355 360 365

Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
370 375 380

Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met  
385 390 395 400

Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Ala Leu Gly Gly Leu Leu His  
405 410 415

Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
420 425 430

Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
435 440 445

Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe  
450 455 460

Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
465 470 475 480

Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
485 490 495

Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
500 505 510

Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Val Leu Asp Glu His Asn Tyr Ile  
515 520 525

Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
530 535 540

Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
545 550 555 560

Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp  
565 570 575

Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
580 585 590

Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Lys Tyr Lys Phe Leu Arg Val Leu  
595 600 605

Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Thr Lys Ile Gly Lys  
610 615 620

Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
625 630 635 640

Leu Pro Asn Ser Ile Cys Glu Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
645 650 655

Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
660 665 670

Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Lys Arg Thr Leu  
675 680 685

His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
690 695 700

Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
705 710 715 720

Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
725 730 735

Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
740 745 750

Glu Glu Ala Arg Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
755 760 765

Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn  
770 775 780

Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
785 790 795 800

Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Arg  
805 810 815

Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
820 825 830

Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
835 840 845

Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Phe  
850 855 860

Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln Val  
865 870 875 880

Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val Leu Glu Asp Met Arg Ser Leu Ile  
885 890 895

Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
900 905 910

Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
915 920 925

Phe Glu Ile Leu Arg Glu Leu Glu Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Met  
930 935 940

Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Asn Leu Ser  
945 950 955 960

Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Ile Leu Cys  
965 970 975



Asn Asn Ile Ser Leu Gln Gln Ile Thr Ile Phe Glu Cys Gly Glu Phe  
980 985 990

Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Tyr Arg Leu  
995 1000 1005

Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Lys  
1010 1015 1020

Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Ile Phe Phe Phe Leu His Asn  
1025 1030 1035

Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
1040 1045 1050

Arg Ser Leu Glu Tyr Leu His Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val  
1055 1060 1065

Ser Phe Pro Leu His Val Trp Glu Ile Pro Ser Phe Ser Val Leu  
1070 1075 1080

Glu Ile Thr Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Glu Val Gly  
1085 1090 1095

Leu His His Leu Thr Gly Leu Leu Arg Leu Gly Ile Gly Pro Phe  
1100 1105 1110

Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly  
1115 1120 1125

Ile Gln Lys Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg  
1130 1135 1140

Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Ile Met Gln Leu Ser Asn  
1145 1150 1155

Leu Arg Lys Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro  
1160 1165 1170

Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Glu  
1175 1180 1185

Arg Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro  
1190 1195 1200

Lys Leu Arg His Leu Trp Ile Ser Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala  
1205 1210 1215

Leu Ser Asp Gly Leu Gly Asn Ile Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr  
1220 1225 1230

Leu Gln Asp Cys Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser Arg Asp Ala  
1235 1240 1245

Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Arg Ile Lys Gly Cys  
1250 1255 1260

Pro Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys  
1265 1270 1275

Ile Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr  
1280 1285 1290

Thr Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
1295 1300

<210> 199  
<211> 3915  
<212> ДНК  
<213> Solanum tarijense

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(3915)

<400> 199  
atg aat tat tgt ctt cct tcg agt act cta caa aca act ccc aaa aga 48  
Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Pro Lys Arg  
1 5 10 15

aaa ctt act ttg aga aga ctt tgg tgc aaa cag ctc agg aag aag act 96  
Lys Leu Thr Leu Arg Arg Leu Trp Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30

ttg gtg cag act gca gag gaa gag gaa gca aac aca act atg gcc gat 144  
Leu Val Gln Thr Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45

cct gta att ggt gct act gtt caa gtt ttg ctt gaa aag ttg att tct 192

Pro Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser  
50 55 60

ctc act atc gag gac gtc aac agc tca agg gat ttc aac aaa gat ctc 240  
Leu Thr Ile Glu Asp Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80

gaa atg ttg aca caa aat gta tcc tta atc caa gct ttc att cat gat 288  
Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95

gtt aaa aca cca caa gtt gag aaa caa cag tct ttc gaa caa tgg ctc 336  
Val Lys Thr Pro Gln Val Glu Lys Gln Gln Ser Phe Glu Gln Trp Leu  
100 105 110

aac agg ctt gag aga gtt gct gaa gat gct caa aat gtg ttt gat cga 384  
Asn Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Gln Asn Val Phe Asp Arg  
115 120 125

ttc aga tat gaa tct ctc aaa aca aaa gtg gtg agg agc cca ttg aaa 432  
Phe Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys  
130 135 140

aag gtc agt ggt ttc ttt tct cat tct gct ttt aag aga aaa atg tct 480  
Lys Val Ser Gly Phe Phe Ser His Ser Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser  
145 150 155 160

caa aat atc aac aac ata aat aaa gag ttg acg gct atc aat aag gta 528  
Gln Asn Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val  
165 170 175

gcc aaa gac ctc ggt cta caa tca ctc atg gta cct tct cgg aaa ata 576  
Ala Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile  
180 185 190

cta cca att cga gaa aca gat tcc ttc gta ggt gct tct gat gtt gtt 624  
Leu Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Phe Val Gly Ala Ser Asp Val Val  
195 200 205

ggt aga gat ttg gat gtt gct gag ata aag gag aag att ttg aag atg 672  
Gly Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Lys Met  
210 215 220

aga gag gag gat gtt gtt ctg tcc acc att ccc ata gta ggt atg gga 720  
Arg Glu Glu Asp Val Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly  
225 230 235 240

ggt tta ggg aaa aca act gtg gct aag agg att tac aat gat gaa cac 768  
Gly Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His  
245 250 255

atc aag caa atc ttt aaa gag aga att tgg ttg tgt ata cct gaa atg 816  
Ile Lys Gln Ile Phe Lys Glu Arg Ile Trp Leu Cys Ile Pro Glu Met  
260 265 270

tct gaa acg aag agc ttt ctt gaa caa atc ctc gaa tcg ttg ata gag 864

Ser Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu  
275 280 285

agg aaa att gag gtt gaa agg aga gat ata ata gtc aag aag cta caa 912  
Arg Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln  
290 295 300

gat gaa ttg gga gga aaa aaa tat ttg cta gtc ctg gat gat ttg tgg 960  
Asp Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp  
305 310 315 320

cgt gtt gac tct aca tcg tgg cat gag ttc gtc gac acc ctg aga gga 1008  
Arg Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asp Thr Leu Arg Gly  
325 330 335

ata aat aca tcc aga gga aac tgc att ctt gtg act act cgt agg aag 1056  
Ile Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Arg Lys  
340 345 350

cag gtg gca tcc aca gta gca aca gat ctt cat atc ttg ggg aag tta 1104  
Gln Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu  
355 360 365

aca gaa gat cat tgt tgg tct att ttc aaa caa aaa gca ttt gtt gat 1152  
Thr Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp  
370 375 380

ggc agg gtt cca gag gaa tta gcg agc atg ggc aac aag att gtt aaa 1200  
Gly Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys  
385 390 395 400

atg tgc caa ggt cta ccg ttg gct gca agt gtg ttg gga ggg ctc tta 1248  
Met Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Val Leu Gly Gly Leu Leu  
405 410 415

cac aac aaa gaa aaa cat gaa tgg caa gca att ctt gat ggc aac ctc 1296  
His Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu  
420 425 430

ctt gtt gct ggt gaa gat gat aat gga gaa aat agc ata aag aaa atc 1344  
Leu Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile  
435 440 445

cta aaa ctc agc tat gat tat cta cca tct cca cat ctg aaa aaa tgt 1392  
Leu Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys  
450 455 460

ttt gct tac ttt gca atg ttt cca aaa gat tat atg ttt gaa aag gac 1440  
Phe Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp  
465 470 475 480

caa cta atc caa ctc tgg atg gca gaa ggg ttt ctt cgt cca agt caa 1488  
Gln Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln  
485 490 495

gag atc cct gtg atg gaa gac gtt ggg cac agg ttt ttt caa atc ttg 1536

Glu Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu  
500 505 510

ttg cag aat tcc ttg cta caa gat gtt gtg tta gat gaa cac aac aat 1584  
Leu Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Val Leu Asp Glu His Asn Asn  
515 520 525

ata aca cac tgt aag atg cac gat ctt gtg cat gat ttg gct gga gat 1632  
Ile Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp  
530 535 540

atc tta aaa tct aga cta ttt gat ccg aag ggc gac aat gga gaa aaa 1680  
Ile Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys  
545 550 555 560

ctt tct caa gtt cga tac ttt gga tgt gag tca cca acg gat caa ata 1728  
Leu Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile  
565 570 575

gat aag ata tat gag cca gaa cgt ttg tgc aca ctg ttt tgg aga agc 1776  
Asp Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser  
580 585 590

aat tat aca tct aaa gat atg ctg ttg aaa tat aag ttc ttg aga gtt 1824  
Asn Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Lys Tyr Lys Phe Leu Arg Val  
595 600 605

tta gat ttg tcc agt tca gga atc aag gag ttg tca acc aaa atc ggg 1872  
Leu Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Thr Lys Ile Gly  
610 615 620

aag ctg ata tac ttg aga tat ctt gat ctc tcg aac act gaa atc aca 1920  
Lys Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr  
625 630 635 640

gcc ttg ccc aac tcc att tgc gag ctc tat aat ttg caa aca ttt aga 1968  
Ala Leu Pro Asn Ser Ile Cys Glu Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg  
645 650 655

gtc atc aac tgc ttt tca ctc cag gaa ctt cca tat gag atg aga aat 2016  
Val Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn  
660 665 670

atg ata agt ttg aga cac ata tat tac act tct gtt gac gaa aca agt 2064  
Met Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser  
675 680 685

ggg cat tgg gga gga tgg tgt ctt cac aat gaa cat ttt cag att cca 2112  
Gly His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro  
690 695 700

ctt aat atg ggg caa ttg act agt ctt caa acc ctc aag ttt ttc aag 2160  
Leu Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys  
705 710 715 720

gta ggt tta gag aaa ggt cgt caa ata gaa gaa tta ggt cat ttg aaa 2208

Val Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys  
725 730 735

aac cta aga ggt gaa ttg acg atc aat ggt ctc caa ttg gtc tgt gat 2256  
Asn Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp  
740 745 750

aaa gaa gag gct tga aca gca tat tta cac gat aaa cca aac atc tgc 2304  
Lys Glu Glu Ala Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys  
755 760 765

aag ctg gca tat tta tgg tcc cac gat gaa tca gaa ggc tgt gag atc 2352  
Lys Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile  
770 775 780

aat gat gag cat gtg ttg gat ggt ctt caa ccg cat cct aac ttg aaa 2400  
Asn Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys  
785 790 795

acc ata gca gta gtg gac tat tta ggg act aaa ttt cct tca tgg ttc 2448  
Thr Ile Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe  
800 805 810 815

cgt gaa gag tcg cta cca aat ttg gtc aag ttg aaa tta agt gga agc 2496  
Arg Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser  
820 825 830

aaa agg tgc aaa gaa att cca tcc ctt ggc caa ctg aaa ttc ctt cgg 2544  
Lys Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg  
835 840 845

cat ctt gag ctg ata gga ttc cat gag ttg gaa tgc att gga cct gct 2592  
His Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala  
850 855 860

ttt tat ggt gtt gag att aga aat att gga tca aac agc att att caa 2640  
Phe Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln  
865 870 875

gtg ttc ccg tca ttg aaa gaa cta gta ttg gag gat atg cgt agc ctt 2688  
Val Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val Leu Glu Asp Met Arg Ser Leu  
880 885 890 895

att gag tgg aag gga gat gaa gtt gga gta aga atg tct ccc ggg ctt 2736  
Ile Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu  
900 905 910

gag aag ttg cgg att aca gac tgt cca ttg tta aaa agt att ccg aat 2784  
Glu Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn  
915 920 925

caa ttt gaa atc ctc cgt gaa tta gaa att aga gga gtt gac agt gaa 2832  
Gln Phe Glu Ile Leu Arg Glu Leu Glu Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu  
930 935 940

atg cca ttg ttg aac ttg tgc agc aac ttg aca tct ctc gtg aat ctt 2880

Met Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Asn Leu  
945 950 955

agt gtc tat gat atg aaa gag ctc act tgt ctt cca gat gag ata cta 2928  
Ser Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Ile Leu  
960 965 970 975

cgt aac aac att tct ctt caa cag ata acg att ttc gaa tgt gga gag 2976  
Arg Asn Asn Ile Ser Leu Gln Gln Ile Thr Ile Phe Glu Cys Gly Glu  
980 985 990

ttt cgt gaa ttg cca caa agc ttg tac aat ctc cat tct ctt tat aga 3024  
Phe Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Tyr Arg  
995 1000 1005

tta gac att tac aac tgc acc aat ttc agt tct ctt cct gtt ccc 3069  
Leu Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro  
1010 1015 1020

aag gga gac aac tat ttg act tcc ctc ata ttc ttt ttc tta cat 3114  
Lys Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Ile Phe Phe Phe Leu His  
1025 1030 1035

aat tgt aat gga ttg atc agt ata cca att gga atg cta gat caa 3159  
Asn Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln  
1040 1045 1050

tgc cgg tct cta gag tat ttg cat gtc agc tgc tgt aac aac ttg 3204  
Cys Arg Ser Leu Glu Tyr Leu His Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu  
1055 1060 1065

gtt tca ttc cct tta cat gtg tgg gat att cct tca ttt tca gtt 3249  
Val Ser Phe Pro Leu His Val Trp Asp Ile Pro Ser Phe Ser Val  
1070 1075 1080

ttg gaa ata aca gaa tgt ccc aaa ttg att agt gta ccc gaa gtg 3294  
Leu Glu Ile Thr Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Glu Val  
1085 1090 1095

ggc ctt cac cat ctc acc ggg tta ttg aga ttg gga att ggt cct 3339  
Gly Leu His His Leu Thr Gly Leu Leu Arg Leu Gly Ile Gly Pro  
1100 1105 1110

ttc tca gag atg gtg gat ttt gat gca ttc caa ttg att ttt aat 3384  
Phe Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn  
1115 1120 1125

ggc att cag aag ttg ttg tct ctt cgt gat ctg gag gtg tac gga 3429  
Gly Ile Gln Lys Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly  
1130 1135 1140

cgt ggg cac tgg gat tct ctg ccc tat cag ctt atg caa ctc tct 3474  
Arg Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser  
1145 1150 1155

aac cta aga aag atc aca ata gct gat ttc gga att gag gct ctt 3519

Asn Leu Arg Lys Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu  
 1160 1165 1170

cct cct aga ctt gac aac ctt act tct ctt gaa agt ttg acg cta 3564  
 Pro Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu  
 1175 1180 1185

gag agg tgc aaa cgg cta caa cat ctg aac ttc tca gat gcc atg 3609  
 Glu Arg Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met  
 1190 1195 1200

ccc aaa tta cgg cat ctg tgg ata agt gat tgt cca ttg tta gaa 3654  
 Pro Lys Leu Arg His Leu Trp Ile Ser Asp Cys Pro Leu Leu Glu  
 1205 1210 1215

gcc ctg tgc gat ggg ctc ggc aac att gtt tct ttg gaa gaa tta 3699  
 Ala Leu Ser Asp Gly Leu Gly Asn Ile Val Ser Leu Glu Glu Leu  
 1220 1225 1230

tat tta cag gac tgc gaa aaa cta gag cat cta ccg tcc cga gat 3744  
 Tyr Leu Gln Asp Cys Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser Arg Asp  
 1235 1240 1245

gcc atg cga cgc ctc act aaa tta tgg aac atg aga att aaa gga 3789  
 Ala Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Arg Ile Lys Gly  
 1250 1255 1260

tgc cca aag tta gaa gaa agt ttc acc aac tac tcc cag tgg tcc 3834  
 Cys Pro Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser  
 1265 1270 1275

aaa att tcc cat att tca aat att gaa tta ggt ggg tgg aga agg 3879  
 Lys Ile Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg  
 1280 1285 1290

aca acc ata agt ctc ggt ttc tct ttc act ttc tga 3915  
 Thr Thr Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
 1295 1300

<210> 200  
 <211> 756  
 <212> PRT  
 <213> Solanum tarijense

<400> 200

Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Pro Lys Arg  
 1 5 10 15

Lys Leu Thr Leu Arg Arg Leu Trp Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
 20 25 30

Leu Val Gln Thr Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp



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

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

	485	490	495
Glu Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu			
	500	505	510
Leu Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Val Leu Asp Glu His Asn Asn			
	515	520	525
Ile Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp			
	530	535	540
Ile Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys			
	545	550	555
			560
Leu Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile			
	565	570	575
Asp Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser			
	580	585	590
Asn Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Lys Tyr Lys Phe Leu Arg Val			
	595	600	605
Leu Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Thr Lys Ile Gly			
	610	615	620
Lys Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr			
	625	630	635
			640
Ala Leu Pro Asn Ser Ile Cys Glu Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg			
	645	650	655
Val Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn			
	660	665	670
Met Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser			
	675	680	685
Gly His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro			
	690	695	700
Leu Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys			

705 710 715 720

Val Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys  
725 730 735

Asn Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp  
740 745 750

Lys Glu Glu Ala  
755

<210> 201  
<211> 547  
<212> PRT  
<213> Solanum tarijense

<400> 201

Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys Leu Ala Tyr Leu  
1 5 10 15

Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn Asp Glu His Val  
20 25 30

Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr Ile Ala Val Val  
35 40 45

Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Arg Glu Glu Ser Leu  
50 55 60

Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys Arg Cys Lys Glu  
65 70 75 80

Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His Leu Glu Leu Ile  
85 90 95

Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Phe Tyr Gly Val Glu  
100 105 110

Ile Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln Val Phe Pro Ser Leu  
115 120 125

Lys Glu Leu Val Leu Glu Asp Met Arg Ser Leu Ile Glu Trp Lys Gly  
130 135 140

Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu Lys Leu Arg Ile  
145 150 155 160

Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln Phe Glu Ile Leu  
165 170 175

Arg Glu Leu Glu Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Met Pro Leu Leu Asn  
180 185 190

Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Asn Leu Ser Val Tyr Asp Met  
195 200 205

Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Ile Leu Arg Asn Asn Ile Ser  
210 215 220

Leu Gln Gln Ile Thr Ile Phe Glu Cys Gly Glu Phe Arg Glu Leu Pro  
225 230 235 240

Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Tyr Arg Leu Asp Ile Tyr Asn  
245 250 255

Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Lys Gly Asp Asn Tyr Leu  
260 265 270

Thr Ser Leu Ile Phe Phe Phe Leu His Asn Cys Asn Gly Leu Ile Ser  
275 280 285

Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys Arg Ser Leu Glu Tyr Leu His  
290 295 300

Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val Ser Phe Pro Leu His Val Trp Asp  
305 310 315 320

Ile Pro Ser Phe Ser Val Leu Glu Ile Thr Glu Cys Pro Lys Leu Ile  
325 330 335

Ser Val Pro Glu Val Gly Leu His His Leu Thr Gly Leu Leu Arg Leu  
340 345 350

Gly Ile Gly Pro Phe Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu  
355 360 365

Ile Phe Asn Gly Ile Gln Lys Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val  
370 375 380

Tyr Gly Arg Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu  
385 390 395 400

Ser Asn Leu Arg Lys Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu  
405 410 415

Pro Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Glu  
420 425 430

Arg Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro Lys  
435 440 445

Leu Arg His Leu Trp Ile Ser Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala Leu Ser  
450 455 460

Asp Gly Leu Gly Asn Ile Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr Leu Gln Asp  
465 470 475 480

Cys Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser Arg Asp Ala Met Arg Arg Leu  
485 490 495

Thr Lys Leu Trp Asn Met Arg Ile Lys Gly Cys Pro Lys Leu Glu Glu  
500 505 510

Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys Ile Ser His Ile Ser Asn  
515 520 525

Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr Thr Ile Ser Leu Gly Phe Ser  
530 535 540

Phe Thr Phe  
545

<210> 202  
<211> 3912  
<212> ДНК  
<213> Solanum berthaultii

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(3912)

<400> 202

atg aat tat tgt ctt cct tcg agt act cta caa aca act acc aaa cga 48  
Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
1 5 10 15

aga ctt act ttg aga aga ctt tgt tgc aaa cag ctc agg aag aag act 96  
Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30

ttg gtg cag att gca gag gaa gag gaa gca aac aca act atg gcc gat 144  
Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45

gct gta att ggt gct act gtt caa gtt ttg ctt gaa aag ttg att tct 192  
Ala Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser  
50 55 60

ctc act atc gag gag gtc aac agc tca agg gat ttc aac aaa gat ctc 240  
Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80

gaa atg ttg aca caa aat gta tct tta atc caa gct ttc att cat gat 288  
Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95

gtt gaa aca cca caa gag aaa caa cag tct gtc gaa caa tgg ctc aac 336  
Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn  
100 105 110

agg ctt gag aga gtt gct gaa gat gct gaa aat gtg ttt gat cga ttc 384  
Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
115 120 125

aga tat gaa tct ctc aaa aca aaa gtg gtg agg agc cca ttg aaa aag 432  
Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
130 135 140

gtc agt ggt ttc ttt tct cat act gct ttt aag aga aaa atg tct caa 480  
Val Ser Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
145 150 155 160

aaa atc aac aac atc aat aaa gag ttg acg gct atc aat aag gta gcc 528  
Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
165 170 175

aaa gac ctc ggt cta caa tca ctc atg gta cct tct cgg aaa ata cta 576  
Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu  
180 185 190

cca att cga gaa aca gat tcc tta gta gtt gct tct gat att gtc ggt 624  
Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Leu Val Val Ala Ser Asp Ile Val Gly  
195 200 205

aga gat ttg gat gtt gct gag ata aag gag aag att ttg aag atg aga 672  
 Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Lys Met Arg  
 210 215 220

gag gag gat att gtt ctg tcc acc att ccc att gta ggt atg gga ggt 720  
 Glu Glu Asp Ile Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
 225 230 235 240

tta ggg aaa aca act gtg gct aag agg att tac aat gat gaa cac atg 768  
 Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Met  
 245 250 255

aag caa atc ttt aaa aag aga att tgg ttg tgt cta cct gaa atg tct 816  
 Lys Gln Ile Phe Lys Lys Arg Ile Trp Leu Cys Leu Pro Glu Met Ser  
 260 265 270

gaa acg aag agc ttt ctt gaa caa atc ctc gaa tcg ttg ata gag agg 864  
 Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
 275 280 285

aaa att gag gtt gaa agg aga gat ata ata gtc aag aag cta caa gat 912  
 Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
 290 295 300

gaa ttg gga gga aaa aaa tat ttg cta gtc ctg gat gat ttg tgg agt 960  
 Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Ser  
 305 310 315 320

gtt gac tct aca ttg tgg cat gag ttc gtc gac acc ctg aga gga ata 1008  
 Val Asp Ser Thr Leu Trp His Glu Phe Val Asp Thr Leu Arg Gly Ile  
 325 330 335

aat aca tcc aga gga aac tgc att ctt gtg act act cgt agg aag cag 1056  
 Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Arg Lys Gln  
 340 345 350

gtg gca tcc aca gta gca aca gat ctt cat atc ttg ggg aag tta aca 1104  
 Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
 355 360 365

gaa gat cat tgt tgg tct att ttc aaa caa aaa gca ttt gtt gat ggc 1152  
 Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
 370 375 380

agg gtt cca gag gaa tta gcg agc atg ggc aac aag att gtt aaa atg 1200  
 Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met  
 385 390 395 400

tgc caa ggt cta ccg ttg gct gca agt gcg ttg gga ggg ctc tta cac 1248  
 Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Ala Leu Gly Gly Leu Leu His  
 405 410 415

aac aaa gaa aaa cat gaa tgg caa gca att ctt gat ggc aac ctc ctt 1296  
 Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
 420 425 430



gtt gca ggt gaa gat gat aat gga gaa aat agc ata aag aaa atc cta 1344  
Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
435 440 445

aaa ctc agc tat gat tat cta cca tct cca cat ctg aaa aaa tgc ttt 1392  
Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe  
450 455 460

gct tac ttt gca atg ttt cca aaa gat tat atg ttt gaa aag gac caa 1440  
Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
465 470 475 480

cta atc caa ctc tgg atg gca gaa gga ttt ctt cgt cca agt caa gag 1488  
Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
485 490 495

atc cct gtg atg gaa gac gtt ggg cac agg ttt ttt caa atc ttg ttg 1536  
Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
500 505 510

cag aat tcc ttg cta caa gat gtt gtg tta gat gaa cac aac aat ata 1584  
Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Val Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
515 520 525

aca cac tgt aag atg cac gat ctt gtg cat gat ttg gct gga cat atc 1632  
Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly His Ile  
530 535 540

tta aaa tct aga cta ttt gat ccg aag ggc gac gat gga gaa aaa ctt 1680  
Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asp Gly Glu Lys Leu  
545 550 555 560

tct caa gtt cga tac ttt gga tgt gag tca cca acg gat caa ata gat 1728  
Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp  
565 570 575

aag ata tgt gag cca gaa cgt ttg tgc aca ctg ttt tgg aga agc aat 1776  
Lys Ile Cys Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
580 585 590

tat aca tct gaa gat atg ctg ttg aac ttt aag ttc ttg aga gtt tta 1824  
Tyr Thr Ser Glu Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
595 600 605

gat ttg tcc agt tca gga atc aag gag ttg tca gcc aaa atc ggg aag 1872  
Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
610 615 620

ctg ata tac ttg aga tac ctt gat ctc tcg aac act gag atc aca gcc 1920  
Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
625 630 635 640

ttg ccc aac tcc att tgc gag ctc tat aat ttg caa aca ttt aga gtc 1968  
Leu Pro Asn Ser Ile Cys Glu Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
645 650 655

atc aac tgc ttt tca ctc cag aaa ctt cca tat gag atg gga aat atg 2016  
Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Lys Leu Pro Tyr Glu Met Gly Asn Met  
660 665 670

gta agt ttg aga cac ata tat tac act tct gtt gac aaa aga aat gag 2064  
Val Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Lys Arg Asn Glu  
675 680 685

cat tgg gga gga tgg tgt att ctc aat gaa cgt ttt cag atg tca ctt 2112  
His Trp Gly Gly Trp Cys Ile Leu Asn Glu Arg Phe Gln Met Ser Leu  
690 695 700

aag atg cga caa ttg act tgt ctt caa acc ctc aag ttt ttc aag ata 2160  
Lys Met Arg Gln Leu Thr Cys Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Ile  
705 710 715 720

ggt tta aag aaa ggt cgt caa ata gaa gaa tta ggt cat ttg aaa aac 2208  
Gly Leu Lys Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
725 730 735

cta aga ggt gaa ttg acg atc aat ggt ctc caa ttg gtc tgt gat aaa 2256  
Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
740 745 750

gaa gag gct cga aca gct tat tta cac gat aaa cca aac atc tgc aag 2304  
Glu Glu Ala Arg Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
755 760 765

ctg gca ttt tta tgg tcc cat gat gaa tca gaa ggc tct gag atc aat 2352  
Leu Ala Phe Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Ser Glu Ile Asn  
770 775 780

gat gag cat gtg ttg gat ggt ctt caa ccg cat cct aac ttg aaa acc 2400  
Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
785 790 795 800

tta gca gta gtg gac tat tta ggg act aaa ttt cct tca tgg ttc cat 2448  
Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe His  
805 810 815

gaa gag tcg cta cca aat ttg gtc aag ttg aaa tta agt ggt agc aaa 2496  
Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
820 825 830

agg tgc aaa gaa att cca tcc ctt ggc caa ctg aaa ttc ctt cgg cat 2544  
Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
835 840 845

ctt gag ctg ata gga ttc cat gag ttg gaa tgc att gga cct gct ttt 2592  
Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Phe  
850 855 860

tat ggt gtt gag att aga aat att gga tca aac aac att att caa gtg 2640  
Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Ile Gly Ser Asn Asn Ile Ile Gln Val  
865 870 875 880

ttc ccg tca ttg aaa gaa cta gta ttg gag gat atg cgt agc ctt att 2688  
Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val Leu Glu Asp Met Arg Ser Leu Ile  
885 890 895

gag tgg aag gga gat gaa gtt gga gta aga atg tct ccc ggg ctt gag 2736  
Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
900 905 910

aag ttg cgg att aca gac tgt cca ttg tta aaa agt att ccg aat caa 2784  
Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
915 920 925

ttt gaa atc ctc cgt gaa tta gaa att aga gga gtt gac agt gaa atg 2832  
Phe Glu Ile Leu Arg Glu Leu Glu Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Met  
930 935 940

cca ttg ttg aac ttg tgc agc aac ttg aca tct ctc gtg aat ctt agt 2880  
Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Asn Leu Ser  
945 950 955 960

gtc tat gat atg aaa gag ctc act tgt ctt cca gat gag ata cta cgt 2928  
Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Ile Leu Arg  
965 970 975

aac aac att tct ctt caa cag ata acg att ttc aac tgc gga gag ttt 2976  
Asn Asn Ile Ser Leu Gln Gln Ile Thr Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe  
980 985 990

cgt gaa ttg cca caa agc ttg tac aat ctc cat tct ctt tat aga tta 3024  
Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Tyr Arg Leu  
995 1000 1005

gac att tac aac tgc acc aat ttc agt tct ctt cct gtt ccc aag 3069  
Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Lys  
1010 1015 1020

gga gac aac tat ttg act tcc ctc ata ttc ttt ttc tta cat aat 3114  
Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Ile Phe Phe Phe Leu His Asn  
1025 1030 1035

tgt aat gga ttg atc agt ata cca att gga atg cta gat caa tgc 3159  
Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
1040 1045 1050

cgg tct cta gag tat ttg cat gtc agc tgc tgt aac aac ttg gtt 3204  
Arg Ser Leu Glu Tyr Leu His Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val  
1055 1060 1065

tca ttc cct tta cat gtg tgg gaa att cct tca ttt tca gtt ttg 3249  
Ser Phe Pro Leu His Val Trp Glu Ile Pro Ser Phe Ser Val Leu  
1070 1075 1080

gaa ata aca gaa tgt ccc aaa ttg att agt gta ccc gaa gtg ggc 3294  
Glu Ile Thr Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Glu Val Gly  
1085 1090 1095

ctt cac cat ctc acc ggg tta ttg aga ttg gga att ggt cct ttc 3339  
 Leu His His Leu Thr Gly Leu Leu Arg Leu Gly Ile Gly Pro Phe  
 1100 1105 1110

tca gag atg gtg gat ttt gat gca ttc caa ttg att ttt aat ggc 3384  
 Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly  
 1115 1120 1125

att cag aag ttg ttg tct ctt cgt gat ctg gag gtg tac gga cgt 3429  
 Ile Gln Lys Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg  
 1130 1135 1140

ggg cac tgg gat tct ctg ccc tat cag ctt atg caa ctc tct aac 3474  
 Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asn  
 1145 1150 1155

cta aga aag atc aca ata gct gat ttc gga att gag gct ctt cct 3519  
 Leu Arg Lys Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro  
 1160 1165 1170

cct aga ctt gac aac ctt act tct ctt gaa agt ttg acg cta gag 3564  
 Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Glu  
 1175 1180 1185

agg tgc aaa cgg cta caa cat ctg aac ttc tca gat gcc atg ccc 3609  
 Arg Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro  
 1190 1195 1200

aaa tta cgg ctt ctg tgg ata agt gat tgt cca ttg tta gaa gcc 3654  
 Lys Leu Arg Leu Leu Trp Ile Ser Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala  
 1205 1210 1215

ctg tcg gat ggg ctc ggc aac att gtt tct ttg gaa gaa tta tat 3699  
 Leu Ser Asp Gly Leu Gly Asn Ile Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr  
 1220 1225 1230

tta cag gac tgc gaa aaa cta gag cat cta ccg tcc cga gat gcc 3744  
 Leu Gln Asp Cys Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser Arg Asp Ala  
 1235 1240 1245

atg cga cgc ctc act aaa tta tgg aac atg aga att aaa gga tgc 3789  
 Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Arg Ile Lys Gly Cys  
 1250 1255 1260

cca aag tta gaa gaa agt ttc atc aac tac tcc cag tgg tcc aaa 3834  
 Pro Lys Leu Glu Glu Ser Phe Ile Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys  
 1265 1270 1275

att tcc cat att tca aat att gaa tta ggt ggg tgg aga agg aca 3879  
 Ile Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr  
 1280 1285 1290

gcc ata agt ctc ggt ttc tct ttc act ttc tga 3912  
 Ala Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
 1295 1300

<210> 203  
 <211> 1303  
 <212> PRT  
 <213> Solanum berthaultii

<400> 203

Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
 1 5 10 15

Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
 20 25 30

Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
 35 40 45

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

Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
 65 70 75 80

Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
 85 90 95

Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn  
 100 105 110

Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
 115 120 125

Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
 130 135 140

Val Ser Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
 145 150 155 160

Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
 165 170 175

Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu  
 180 185 190

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

Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Lys Met Arg  
210 215 220

Glu Glu Asp Ile Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
225 230 235 240

Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Met  
245 250 255

Lys Gln Ile Phe Lys Lys Arg Ile Trp Leu Cys Leu Pro Glu Met Ser  
260 265 270

Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
275 280 285

Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
290 295 300

Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Ser  
305 310 315 320

Val Asp Ser Thr Leu Trp His Glu Phe Val Asp Thr Leu Arg Gly Ile  
325 330 335

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

Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
355 360 365

Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
370 375 380

Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met  
385 390 395 400

Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Ala Leu Gly Gly Leu Leu His  
405 410 415

Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
420 425 430

Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
435 440 445

Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe  
450 455 460

Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
465 470 475 480

Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
485 490 495

Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
500 505 510

Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Val Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
515 520 525

Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly His Ile  
530 535 540

Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asp Gly Glu Lys Leu  
545 550 555 560

Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp  
565 570 575

Lys Ile Cys Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
580 585 590

Tyr Thr Ser Glu Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
595 600 605

Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
610 615 620

Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
625 630 635 640

Leu Pro Asn Ser Ile Cys Glu Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
645 650 655

Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Lys Leu Pro Tyr Glu Met Gly Asn Met  
660 665 670

Val Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Lys Arg Asn Glu  
675 680 685

His Trp Gly Gly Trp Cys Ile Leu Asn Glu Arg Phe Gln Met Ser Leu  
690 695 700

Lys Met Arg Gln Leu Thr Cys Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Ile  
705 710 715 720

Gly Leu Lys Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
725 730 735

Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
740 745 750

Glu Glu Ala Arg Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
755 760 765

Leu Ala Phe Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Ser Glu Ile Asn  
770 775 780

Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
785 790 795 800

Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe His  
805 810 815

Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
820 825 830

Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
835 840 845

Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Phe  
850 855 860



Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Ile Gly Ser Asn Asn Ile Ile Gln Val  
865 870 875 880

Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val Leu Glu Asp Met Arg Ser Leu Ile  
885 890 895

Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
900 905 910

Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
915 920 925

Phe Glu Ile Leu Arg Glu Leu Glu Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Met  
930 935 940

Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Asn Leu Ser  
945 950 955 960

Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Ile Leu Arg  
965 970 975

Asn Asn Ile Ser Leu Gln Gln Ile Thr Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe  
980 985 990

Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Tyr Arg Leu  
995 1000 1005

Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Lys  
1010 1015 1020

Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Ile Phe Phe Phe Leu His Asn  
1025 1030 1035

Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
1040 1045 1050

Arg Ser Leu Glu Tyr Leu His Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val  
1055 1060 1065

Ser Phe Pro Leu His Val Trp Glu Ile Pro Ser Phe Ser Val Leu  
1070 1075 1080

Glu Ile	Thr Glu Cys Pro Lys	Leu Ile Ser Val Pro	Glu Val Gly
1085	1090	1095	
Leu His	His Leu Thr Gly Leu	Leu Arg Leu Gly Ile	Gly Pro Phe
1100	1105	1110	
Ser Glu	Met Val Asp Phe Asp	Ala Phe Gln Leu Ile	Phe Asn Gly
1115	1120	1125	
Ile Gln	Lys Leu Leu Ser Leu	Arg Asp Leu Glu Val	Tyr Gly Arg
1130	1135	1140	
Gly His	Trp Asp Ser Leu Pro	Tyr Gln Leu Met Gln	Leu Ser Asn
1145	1150	1155	
Leu Arg	Lys Ile Thr Ile Ala	Asp Phe Gly Ile Glu	Ala Leu Pro
1160	1165	1170	
Pro Arg	Leu Asp Asn Leu Thr	Ser Leu Glu Ser Leu	Thr Leu Glu
1175	1180	1185	
Arg Cys	Lys Arg Leu Gln His	Leu Asn Phe Ser Asp	Ala Met Pro
1190	1195	1200	
Lys Leu	Arg Leu Leu Trp Ile	Ser Asp Cys Pro Leu	Leu Glu Ala
1205	1210	1215	
Leu Ser	Asp Gly Leu Gly Asn	Ile Val Ser Leu Glu	Glu Leu Tyr
1220	1225	1230	
Leu Gln	Asp Cys Glu Lys Leu	Glu His Leu Pro Ser	Arg Asp Ala
1235	1240	1245	
Met Arg	Arg Leu Thr Lys Leu	Trp Asn Met Arg Ile	Lys Gly Cys
1250	1255	1260	
Pro Lys	Leu Glu Glu Ser Phe	Ile Asn Tyr Ser Gln	Trp Ser Lys
1265	1270	1275	
Ile Ser	His Ile Ser Asn Ile	Glu Leu Gly Gly Trp	Arg Arg Thr
1280	1285	1290	

Ala Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
1295 1300

<210> 204  
<211> 3909  
<212> ДНК  
<213> Solanum chacoense

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(3909)

<400> 204  
atg aat tat tgt ctt cct tcg agt act cta caa aca act acc aaa cga 48  
Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
1 5 10 15  
aga ctt act ttg aga aga ctt tgt tgc aaa cag ctc agg aag aag act 96  
Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30  
ttg gtg cag att gca gag gaa gag gaa gca aac aca act atg gcc gat 144  
Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45  
gct gta att ggt gct act gtt caa gtt ttg ctt gaa aag ttg att tct 192  
Ala Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser  
50 55 60  
ctc act atc gag gag gtc aac agc tca agg gat ttc aac aaa gat ctc 240  
Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80  
gaa atg ttg aca caa aat gta tct tta atc caa gct ttc att cat gat 288  
Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95  
gtt gaa aca cca caa gag aaa caa cag tct gtg gaa caa tgg ctc aac 336  
Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn  
100 105 110  
agg ctt gag aga gtt gct gaa gat gct gaa aat gtg ttt gat cga ttc 384  
Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
115 120 125  
aga tat gaa tct ctc aaa aca aaa gtg gtg agg agc cca ttg aaa aag 432  
Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
130 135 140  
gtc agt ggt ttc ttt tct cat act gct ttt aag aga aaa atg tct caa 480  
Val Ser Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
145 150 155 160

aaa atc aac aac ata aat aaa gag ttg acg gct atc aat aag gta gcc 528  
 Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
 165 170 175

aaa gac ctc ggt cta caa tca ctc atg gta cct tct tgg aaa ata cta 576  
 Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Trp Lys Ile Leu  
 180 185 190

cca att cga gaa aca gat tcc ttc gta ggt gct tct gat gtt gtt ggt 624  
 Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Phe Val Gly Ala Ser Asp Val Val Gly  
 195 200 205

aga gat ttg gat gtt gct gag ata aag gag aag att ttg aac atg aga 672  
 Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Asn Met Arg  
 210 215 220

gag gag gat gtt gtt ctg tcc acc att ccc ata gta ggt atg gga ggt 720  
 Glu Glu Asp Val Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
 225 230 235 240

cta ggg aaa aca act gtg gct aag agg att tac aat gat gaa cac atc 768  
 Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Ile  
 245 250 255

aag caa atc ttt aaa gag aga att tgg ttg tgt ata cct gaa atg tct 816  
 Lys Gln Ile Phe Lys Glu Arg Ile Trp Leu Cys Ile Pro Glu Met Ser  
 260 265 270

gaa acg aag agc ttt ctt caa caa atc ctc gaa tcg ttg ata gag agg 864  
 Glu Thr Lys Ser Phe Leu Gln Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
 275 280 285

aaa att gag gtt gaa agg aga gat ata ata gtc aag aag cta caa gat 912  
 Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
 290 295 300

gaa ttg gga gga aaa aaa tat ttg cta gtc ctg gat gat ttg tgg cgt 960  
 Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg  
 305 310 315 320

gtt gac tct aca tcg tgg cat gag ttc gtc gac acc ctg aga gga ata 1008  
 Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asp Thr Leu Arg Gly Ile  
 325 330 335

aat aca tcc aga gga aac tgc att ctt gtg act act cgt agg aag cag 1056  
 Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Arg Lys Gln  
 340 345 350

gtg gca tcc aca gta gca aca gat ctt cat atc ttg ggg aag tta aca 1104  
 Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
 355 360 365

gaa gat cat tgt tgg tct att ttc aaa caa aaa gca ttt gtt gat ggc 1152  
 Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
 370 375 380

agg gtt cca gag gaa tta gcg agc atg ggc aac aag att gtt aaa atg 1200  
 Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met  
 385 390 395 400

tgc caa ggt cta ccg ttg gct gca agt gtg ttg gga ggg ctc tta cac 1248  
 Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Val Leu Gly Gly Leu Leu His  
 405 410 415

aac aaa gaa aaa cat gaa tgg caa gca att ctt gat ggc aac ctc ctt 1296  
 Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
 420 425 430

gtt gca ggt gaa gat gat aat gga gaa aat agc ata aag aaa atc cta 1344  
 Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
 435 440 445

aaa ctc agc tat gat tat cta cca tct cca cat ctg aaa aaa tgc ttt 1392  
 Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe  
 450 455 460

gct tac ttt gca atg ttt cca aaa gat tat atg ttt gaa aag gac caa 1440  
 Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
 465 470 475 480

cta atc caa ctc tgg atg gca gaa ggg ttt ctt cgt cca agt caa gag 1488  
 Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
 485 490 495

atc cct gtg atg gaa gac gtt ggg cac agg ttt ttt caa atc ttg ttg 1536  
 Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
 500 505 510

cag aat tcc ttg cta caa gat gtt ctg tta gat gaa cac aac aat ata 1584  
 Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Leu Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
 515 520 525

aca cac tgc aag atg cac gat ctt gtg cat gat ttg gct gga gat atc 1632  
 Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
 530 535 540

tta aaa tct aga cta ttt gat ccg aag ggc aac aat gga gaa aaa ctt 1680  
 Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asn Asn Gly Glu Lys Leu  
 545 550 555 560

tct caa gtt cga tac ttt gga tgt gag tca cca acg gat caa ata gat 1728  
 Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp  
 565 570 575

aag ata tat gag cca gaa cgt ttg tgc aca ctg ttt tgg aga agc aat 1776  
 Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
 580 585 590

tat aca tct aaa gat atg ctg ttg aac ttt aag ttc ttg aga gtt tta 1824  
 Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
 595 600 605

gat ttg tcc agt tca gga atc aag gag ttg tca gcc aaa atc ggg aag 1872  
 Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
 610 615 620

ctg ata tac ttg aga tat ctt gat ctc tcg aac act gag atc aca gcc 1920  
 Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
 625 630 635 640

ttg ccc aac tcc att tgc aag ctc tat aat ttg caa aca ttt aga gtc 1968  
 Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
 645 650 655

atc aac tgc ttt tca ctc cag gaa ctt cca tat gag atg aga aat atg 2016  
 Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
 660 665 670

ata agt ttg aga cac ata tat tac act tct gtt gac gaa aca agt ggg 2064  
 Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser Gly  
 675 680 685

cat tgg gga gga tgg tgt ctt cac aat gaa cat ttt cag att cca ctt 2112  
 His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
 690 695 700

aat atg ggg caa ttg act agt ctt caa acc ctc aag ttt ttc aag gta 2160  
 Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
 705 710 715 720

ggg tta gag aaa ggt cgt caa ata gaa gaa tta ggt cat ttg aaa aac 2208  
 Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
 725 730 735

cta aga ggt gaa ttg acg atc aat ggt ctc caa ttg gtc tgt gat aaa 2256  
 Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
 740 745 750

gaa gag gct caa aca gca tat tta cac gat aaa cca aac atc tgc aag 2304  
 Glu Glu Ala Gln Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
 755 760 765

ctg gca tat tta tgg tcc cat gat gaa tca gaa ggc tgt gag atc aat 2352  
 Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn  
 770 775 780

gat gag cat gtg ttg gat ggt ctt caa ccg cat cct aac ttg aaa acc 2400  
 Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
 785 790 795 800

tta gca gta gtg gac tat tta ggg act aaa ttt cct tca tgg ttc agt 2448  
 Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser  
 805 810 815

gaa gag tcg cta cca aat ttg gtc gag ttg aaa tta agt ggt agc aaa 2496  
 Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Glu Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
 820 825 830

agg tgc aaa gaa att cca tcc ctt ggc caa ctg aaa ttc ctt cgg cat 2544  
Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
835 840 845

ctt gag ctg gta gga ttc cat gag ttg gaa tgc att gga cct gct ttt 2592  
Leu Glu Leu Val Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Phe  
850 855 860

tat ggt gtt gag atg aga aat att gga tca aac agc att atc caa gtg 2640  
Tyr Gly Val Glu Met Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln Val  
865 870 875 880

ttc ccg tca ttg aaa aaa cta gta ttg aag gat atg cgt agc ctt att 2688  
Phe Pro Ser Leu Lys Lys Leu Val Leu Lys Asp Met Arg Ser Leu Ile  
885 890 895

gag tgg aag gga gat gaa gtt gga gta aga atg tct ccc ggt ctt gag 2736  
Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
900 905 910

aag ttg cgg att aca gac tgt cca ttg tta aaa agt att ccg aat caa 2784  
Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
915 920 925

ttt gaa atc ctc cgt caa tta aaa att aca gga gtt gac agt gaa atg 2832  
Phe Glu Ile Leu Arg Gln Leu Lys Ile Thr Gly Val Asp Ser Glu Met  
930 935 940

cca ttg ttg aac ttg tgc agc aac ttg aca tct ctc gta aag ctt aga 2880  
Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Arg  
945 950 955 960

gtc tat gat atg aaa gag ctc act tgt ctt cca gat gag atg cta cgt 2928  
Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Met Leu Arg  
965 970 975

aac aac gtt tct ctt caa cag ata ata att ttc aac tgc gga gag ttt 2976  
Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Ile Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe  
980 985 990

cgt gaa ttg cca caa agc ttg tac aat ctc cat tct ctt agg aga tta 3024  
Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Arg Arg Leu  
995 1000 1005

gac att tac aac tgc acc aat ttc agt tct ctt cct gtt ccc aat 3069  
Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn  
1010 1015 1020

gga ggc aac tat ttg act tcc ctc gaa ttc ttt tgc tta tat aat 3114  
Gly Gly Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Cys Leu Tyr Asn  
1025 1030 1035

tgt aat gga ttg atc agt ata cca att gga atg cta gat caa tgc 3159  
Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
1040 1045 1050

cgg cta gtg ttt ttg aat gtc agc tgc tgt aac aac ttg gtt tca 3204  
 Arg Leu Val Phe Leu Asn Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val Ser  
 1055 1060 1065

ttc cct gta cat gtg tgg gaa atg cct tca ctt tca tat ttg gtt 3249  
 Phe Pro Val His Val Trp Glu Met Pro Ser Leu Ser Tyr Leu Val  
 1070 1075 1080

ata tca gaa tgt ccc aaa ttg att agt gta ccc aaa gtg ggc ctt 3294  
 Ile Ser Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly Leu  
 1085 1090 1095

cac cat ctc acc ggg tta gtg aga ttg gga att ggt cct ttc tca 3339  
 His His Leu Thr Gly Leu Val Arg Leu Gly Ile Gly Pro Phe Ser  
 1100 1105 1110

gag atg gtg gat ttt gat gca ttc caa ttg att ttt aat ggc att 3384  
 Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly Ile  
 1115 1120 1125

cag cag ttg ttg tcc ctt cgt gat ctg gag gtg tac gga cgt ggg 3429  
 Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg Gly  
 1130 1135 1140

cac tgg gat tct ctg ccc tat cag ctt atg caa ctc tct gac cta 3474  
 His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asp Leu  
 1145 1150 1155

aga gag atc aca ata gct gat ttc gga att gag gct ctt cct cct 3519  
 Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro Pro  
 1160 1165 1170

act ctt gac aac ctt act tct ctt gaa agt ttg acg cta gtg agg 3564  
 Thr Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Val Arg  
 1175 1180 1185

tgc aaa cag cta caa cat ctg aac ttc tca gat gcc atg ccc aaa 3609  
 Cys Lys Gln Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro Lys  
 1190 1195 1200

tta cgg ctc ctg tgg ata cgt gat tgt cca ttg tta gaa gct ctg 3654  
 Leu Arg Leu Leu Trp Ile Arg Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala Leu  
 1205 1210 1215

tcg gat ggg ctc ggc aac ctt gtt tct ttg gaa gaa tta tat tta 3699  
 Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr Leu  
 1220 1225 1230

cat gac tgc gaa aaa cta gag cat cta ccg tcc cga gat gcc atg 3744  
 His Asp Cys Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser Arg Asp Ala Met  
 1235 1240 1245

cga cgc ctc act aaa tta tgg aac atg aga att aaa gga tgc cca 3789  
 Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Arg Ile Lys Gly Cys Pro  
 1250 1255 1260



aag tta gaa gaa agt ttc acc aac tac tcc cag tgg tcc aaa att 3834  
Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys Ile  
1265 1270 1275

tcc cat att tca aat att gaa tta ggt ggg tgg aga agg aca gcc 3879  
Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr Ala  
1280 1285 1290

ata agt ctc ggt ttc tct ttc act ttc tga 3909  
Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
1295 1300

<210> 205  
<211> 1302  
<212> PRT  
<213> Solanum chacoense

<400> 205

Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
1 5 10 15

Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30

Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45

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

Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80

Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95

Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn  
100 105 110

Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
115 120 125

Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
130 135 140

Val Ser Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
145 150 155 160

Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
165 170 175

Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Trp Lys Ile Leu  
180 185 190

Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Phe Val Gly Ala Ser Asp Val Val Gly  
195 200 205

Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Asn Met Arg  
210 215 220

Glu Glu Asp Val Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
225 230 235 240

Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Ile  
245 250 255

Lys Gln Ile Phe Lys Glu Arg Ile Trp Leu Cys Ile Pro Glu Met Ser  
260 265 270

Glu Thr Lys Ser Phe Leu Gln Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
275 280 285

Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
290 295 300

Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg  
305 310 315 320

Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asp Thr Leu Arg Gly Ile  
325 330 335

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

Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
355 360 365

Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
370 375 380

Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met  
385 390 395 400

Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Val Leu Gly Gly Leu Leu His  
405 410 415

Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
420 425 430

Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
435 440 445

Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe  
450 455 460

Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Glr  
465 470 475 480

Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
485 490 495

Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
500 505 510

Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Leu Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
515 520 525

Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
530 535 540

Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asn Asn Gly Glu Lys Leu  
545 550 555 560

Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp  
565 570 575

Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
580 585 590

Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
595 600 605

Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
610 615 620

Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
625 630 635 640

Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
645 650 655

Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
660 665 670

Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser Gly  
675 680 685

His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
690 695 700

Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
705 710 715 720

Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
725 730 735

Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
740 745 750

Glu Glu Ala Gln Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
755 760 765

Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn  
770 775 780

Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
785 790 795 800

Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser  
805 810 815

Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Glu Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
820 825 830

Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
835 840 845

Leu Glu Leu Val Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Phe  
850 855 860

Tyr Gly Val Glu Met Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln Val  
865 870 875 880

Phe Pro Ser Leu Lys Lys Leu Val Leu Lys Asp Met Arg Ser Leu Ile  
885 890 895

Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
900 905 910

Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
915 920 925

Phe Glu Ile Leu Arg Gln Leu Lys Ile Thr Gly Val Asp Ser Glu Met  
930 935 940

Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Arg  
945 950 955 960

Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Met Leu Arg  
965 970 975

Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Ile Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe  
980 985 990

Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Arg Arg Leu  
995 1000 1005

Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn  
1010 1015 1020

Gly Gly Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Cys Leu Tyr Asn  
1025 1030 1035

Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
1040 1045 1050

Arg Leu Val Phe Leu Asn Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val Ser  
1055 1060 1065

Phe Pro Val His Val Trp Glu Met Pro Ser Leu Ser Tyr Leu Val  
1070 1075 1080

Ile Ser Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly Leu  
1085 1090 1095

His His Leu Thr Gly Leu Val Arg Leu Gly Ile Gly Pro Phe Ser  
1100 1105 1110

Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly Ile  
1115 1120 1125

Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg Gly  
1130 1135 1140

His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asp Leu  
1145 1150 1155

Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro Pro  
1160 1165 1170

Thr Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Val Arg  
1175 1180 1185

Cys Lys Gln Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro Lys  
1190 1195 1200

Leu Arg Leu Leu Trp Ile Arg Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala Leu  
1205 1210 1215

Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr Leu  
1220 1225 1230

His Asp Cys Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser Arg Asp Ala Met  
1235 1240 1245

Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Arg Ile Lys Gly Cys Pro  
1250 1255 1260

Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys Ile  
1265 1270 1275

Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr Ala  
1280 1285 1290

Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
1295 1300

<210> 206  
<211> 3909  
<212> ДНК  
<213> Solanum berthaultii

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(3909)

<400> 206  
atg aat tat tgt ctt cct tcg agt act cta caa aca act acc aaa cga 48  
Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
1 5 10 15  
aga ctt act ttg aga aga ctt tgt tgc aaa cag ctc agg aag aag act 96  
Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30  
ttg gtg cag att gca gag gaa gag gaa gca aac aca act atg gcc gat 144  
Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45  
gct gta att ggt gct act gtt caa gtt ttg ctt gaa aag ttg att tct 192  
Ala Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser  
50 55 60  
ctc act atc gag gag gtc aac agc tca agg gat ttc aac aaa gat ctc 240  
Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80  
gaa atg ttg aca caa aat gta tct tta atc caa gct ttc att cat gat 288  
Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95  
gtt gaa aca cca caa gag aaa caa cag tct gtg gaa caa tgg ctc aac 336  
Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn  
100 105 110  
agg ctt gag aga gtt gct gaa gat gct gaa aat gtg ttt gat cga ttc 384

Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
115 120 125

aga tat gaa tct ctc aaa aca aaa gtg gtg agg agc cca ttg aaa aag 432  
Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
130 135 140

gtc agt ggt ttc ttt tct cat act gct ttt aag aga aaa atg tct caa 480  
Val Ser Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
145 150 155 160

aaa atc aac aac ata aat aaa gag ttg acg gct atc aat aag gta gcc 528  
Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
165 170 175

aaa gac ctc ggt cta caa tca ctc atg gta cct tct tgg aaa ata cta 576  
Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Trp Lys Ile Leu  
180 185 190

cga att cga gaa aca gat tcc ttc gta ggt gct tct gat gtt gtt ggt 624  
Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Phe Val Gly Ala Ser Asp Val Val Gly  
195 200 205

aga gat ttg gat gtt gct gag ata aag gag aag att ttg aac atg aga 672  
Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Asn Met Arg  
210 215 220

gag gag gat gtt gtt ctg tcc acc att ccc ata gta ggt atg gga ggt 720  
Glu Glu Asp Val Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
225 230 235 240

tta ggg aaa aca act gtg gct aag agg att tac aat gat gaa cac atc 768  
Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Ile  
245 250 255

aag caa atc ttt aaa gag aga att tgg ttg tgt ata cct gaa atg tct 816  
Lys Gln Ile Phe Lys Glu Arg Ile Trp Leu Cys Ile Pro Glu Met Ser  
260 265 270

gaa acg aag agc ttt ctt caa caa atc ctc gaa tcg ttg ata gag agg 864  
Glu Thr Lys Ser Phe Leu Gln Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
275 280 285

aaa att gag gtt gaa agg aga gat ata ata gtc aag aag cta caa gat 912  
Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
290 295 300

gaa ttg gga gga aaa aaa tat ttg cta gtc ctg gat gat ttg tgg cgt 960  
Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg  
305 310 315 320

gtt gac tct aca tcg tgg cat gag ttc gtc gac acc ctg aga gga ata 1008  
Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asp Thr Leu Arg Gly Ile  
325 330 335

aat aca tcc aga gga aac tgc att ctt gtg act act cgt agg aag cag 1056



Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Arg Lys Gln  
 340 345 350  
 gtg gca tcc aca gta gca aca gat ctt cat atc ttg ggg aag tta aca 1104  
 Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
 355 360 365  
 gaa gat cat tgt tgg tct att ttc aaa caa aaa gca ttt gtt gat ggc 1152  
 Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
 370 375 380  
 agg gtt cca gag gaa tta gcg agc atg ggc aac aag att gtt aaa atg 1200  
 Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met  
 385 390 395 400  
 tgc caa ggt cta ccg ttg gct gca agt gtg ttg gga ggg ctc tta cac 1248  
 Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Val Leu Gly Gly Leu Leu His  
 405 410 415  
 aac aaa gaa aaa cat gaa tgg caa gca att ctt gat ggc aac ctc ctt 1296  
 Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
 420 425 430  
 gtt gca ggt gaa gat gat aat gga gaa aat agc ata aag aaa atc cta 1344  
 Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
 435 440 445  
 aaa ctc agc tat gat tat cta cca tct cca cat ctg aaa aaa tgc ttt 1392  
 Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe  
 450 455 460  
 gct tac ttt gca atg ttt cca aaa gat tat atg ttt gaa aag gac caa 1440  
 Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
 465 470 475 480  
 cta atc caa ctc tgg atg gca gaa ggg ttt ctt cgt cca agt caa gag 1488  
 Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Gly  
 485 490 495  
 atc cct gtg atg gaa gac gtt ggg cac agg ttt ttt caa atc ttg ttg 1536  
 Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
 500 505 510  
 cag aat tcc ttg cta caa gat gtt ctg tta gat gaa cac aac aat ata 1584  
 Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Leu Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
 515 520 525  
 aca cac tgc aag atg cac gat ctt gtg cat gat ttg gct gga gat atc 1632  
 Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
 530 535 540  
 tta aaa tct aga cta ttt gat ccg aag ggc aac aat gga gaa aaa ctt 1680  
 Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asn Asn Gly Glu Lys Leu  
 545 550 555 560  
 tct caa gtt cga tac ttt gga tgt gag tca cca acg gat caa ata gat 1728

Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp  
565 570 575

aag ata tat gag cca gaa cgt ttg tgc aca ctg ttt tgg aga agc aat 1776  
Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
580 585 590

tat aca tct aaa gat atg ctg ttg aac ttt aag ttc ttg aga gtt tta 1824  
Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
595 600 605

gat ttg tcc agt tca gga atc aag gag ttg tca gcc aaa atc ggg aag 1872  
Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
610 615 620

ctg ata tac ttg aga tat ctt gat ctc tcg aac act gag atc aca gcc 1920  
Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
625 630 635 640

ttg ccc aac tcc att tgc aag ctc tat aat ttg caa aca ttt aga gtc 1968  
Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
645 650 655

atc aac tgc ttt tca ctc cag gaa ctt cca tat gag atg aga aat atg 2016  
Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
660 665 670

ata agt ttg aga cac ata tat tac act tct gtt gac gaa aca agt ggg 2064  
Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser Gly  
675 680 685

cat tgg gga gga tgg tgt ctt cac aat gaa cat ttt cag att cca ctt 2112  
His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
690 695 700

aat atg ggg caa ttg act agt ctt caa acc ctc aag ttt ttc aag gta 2160  
Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
705 710 715 720

ggt tta gag aaa ggt cgt caa ata gaa gaa tta ggt cat ttg aaa aac 2208  
Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
725 730 735

cta aga ggt gaa ttg acg atc aat ggt ctc caa ttg gtc tgt gat aaa 2256  
Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
740 745 750

gaa gag gct caa aca gca tat tta cac gat aaa cca aac atc tgc aag 2304  
Glu Glu Ala Gln Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
755 760 765

ctg gca tat tta tgg tcc cat gat gaa tca gaa ggc tgt gag atc aat 2352  
Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn  
770 775 780

gat gag cat gtg ttg gat ggt ctt caa ccg cat cct aac ttg aaa acc 2400

Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr 2448  
 785 790 795 800  
 tta gca gta gtg gac tat tta ggg act aaa ttt cct tca tgg ttc agt 2448  
 Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser  
 805 810 815  
 gaa gag tcg cta cca aat ttg gtc gag ttg aaa tta agt ggt agc aaa 2496  
 Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Glu Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
 820 825 830  
 agg tgc aaa gaa att cca tcc ctt ggc caa ctg aaa ttc ctt cgg cat 2544  
 Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
 835 840 845  
 ctt gag ctg gta gga ttc cat gag ttg gaa tgc att gga cct gct ttt 2592  
 Leu Glu Leu Val Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Phe  
 850 855 860  
 tat ggt gtt gag atg aga aat att gga tca aac agc att atc caa gtg 2640  
 Tyr Gly Val Glu Met Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln Val  
 865 870 875 880  
 ttc ccg tca ttg aaa aaa cta gta ttg aag gat atg cgt agc ctt att 2688  
 Phe Pro Ser Leu Lys Lys Leu Val Leu Lys Asp Met Arg Ser Leu Ile  
 885 890 895  
 gag tgg aag gga gat gaa gtt gga gta aga atg tct ccc ggt ctt gag 2736  
 Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
 900 905 910  
 aag ttg cgg att aca gac tgt cca ttg tta aaa agt att ccg aat caa 2784  
 Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
 915 920 925  
 ttt gaa atc ctc cgt caa tta aaa att aca gga gtt gac agt gaa atg 2832  
 Phe Glu Ile Leu Arg Gln Leu Lys Ile Thr Gly Val Asp Ser Glu Met  
 930 935 940  
 cca ttg ttg aac ttg tgc agc aac ttg aca tct ctc gta aag ctt aga 2880  
 Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Arg  
 945 950 955 960  
 gtc tat gat atg aaa gag ctc act tgt ctt cca gat gag atg cta cgt 2928  
 Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Met Leu Arg  
 965 970 975  
 aac aac gtt tct ctt caa cag ata ata att ttc aac tgc gga gag ttt 2976  
 Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Ile Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe  
 980 985 990  
 cgt gaa ttg cca caa agc ttg tac aat ctc cat tct ctt agg aga tta 3024  
 Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Arg Arg Leu  
 995 1000 1005  
 gac att tac aac tgc acc aat ttc agt tct ctt cct gtt ccc aat 3069

Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn  
 1010 1015 1020  
  
 gga ggc aac tat ttg act tcc ctc gaa ttc ttt tgc tta tat aat 3114  
 Gly Gly Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Cys Leu Tyr Asn  
 1025 1030 1035  
  
 tgt aat gga ttg atc agt ata cca att gga atg cta gat caa tgc 3159  
 Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
 1040 1045 1050  
  
 cgg cta gtg ttt ttg aat gtc agc tgc tgt aac aac ttg gtt tca 3204  
 Arg Leu Val Phe Leu Asn Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val Ser  
 1055 1060 1065  
  
 ttc cct gta cat gtg tgg gaa atg cct tca ctt tca tat ttg gtt 3249  
 Phe Pro Val His Val Trp Glu Met Pro Ser Leu Ser Tyr Leu Val  
 1070 1075 1080  
  
 ata tca gaa tgt ccc aaa ttg att agt gta ccc aaa gtg ggc ctt 3294  
 Ile Ser Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly Leu  
 1085 1090 1095  
  
 cac cat ctc acc ggg tta gtg aga ttg gga att ggt cct ttc tca 3339  
 His His Leu Thr Gly Leu Val Arg Leu Gly Ile Gly Pro Phe Ser  
 1100 1105 1110  
  
 gag atg gtg gat ttt gat gca ttc caa ttg att ttt aat ggc att 3384  
 Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly Ile  
 1115 1120 1125  
  
 cag cag ttg ttg tcc ctt cgt gat ctg gag gtg tac gga cgt ggg 3429  
 Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg Gly  
 1130 1135 1140  
  
 cac tgg gat tct ctg ccc tat cag ctt atg caa ctc tct gac cta 3474  
 His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asp Leu  
 1145 1150 1155  
  
 aga gag atc aca ata gct gat ttc gga att gag gct ctt cct cct 3519  
 Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro Pro  
 1160 1165 1170  
  
 act ctt gac aac ctt act tct ctt gaa agt ttg acg cta gtg agg 3564  
 Thr Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Val Arg  
 1175 1180 1185  
  
 tgc aaa cag cta caa cat ctg aac ttc tca gat gcc atg ccc aaa 3609  
 Cys Lys Gln Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro Lys  
 1190 1195 1200  
  
 tta cgg ctc ctg tgg ata cgt gat tgt cca ttg tta gaa gct ctg 3654  
 Leu Arg Leu Leu Trp Ile Arg Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala Leu  
 1205 1210 1215  
  
 tcg gat ggg ctc ggc aac ctt gtt tct ttg gaa gaa tta tat tta 3699

Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr Leu  
1220 1225 1230

cat gac tgc gaa aaa cta gag cat cta ccg tcc cga gat gcc atg 3744  
His Asp Cys Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser Arg Asp Ala Met  
1235 1240 1245

cga cgc ctc act aaa tta tgg aac atg aga att aaa gga tgc cca 3789  
Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Arg Ile Lys Gly Cys Pro  
1250 1255 1260

aag tta gaa gaa agt ttc acc aac tac tcc cag tgg tcc aaa att 3834  
Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys Ile  
1265 1270 1275

tcc cat att tca aat att gaa tta ggt ggg tgg aga agg aca gcc 3879  
Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr Ala  
1280 1285 1290

ata agt ctc ggt ttc tct ttc act ttc tga 3909  
Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
1295 1300

<210> 207  
<211> 1302  
<212> PRT  
<213> Solanum berthaultii

<400> 207

Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
1 5 10 15

Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30

Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45

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

Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80

Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95

Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn

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

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

545            550            555            560  
 Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp  
                  565                   570                   575  
 Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
                  580                   585                   590  
 Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
                  595                   600                   605  
 Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
                  610                   615                   620  
 Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
 625                   630                   635                   640  
 Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
                  645                   650                   655  
 Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
                  660                   665                   670  
 Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser Gly  
                  675                   680                   685  
 His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
                  690                   695                   700  
 Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
 705                   710                   715                   720  
 Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
                  725                   730                   735  
 Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
                  740                   745                   750  
 Glu Glu Ala Gln Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
                  755                   760                   765  
 Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn



770	775	780	
Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr			
785	790	795	800
Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser			
805	810	815	
Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Glu Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys			
820	825	830	
Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His			
835	840	845	
Leu Glu Leu Val Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Phe			
850	855	860	
Tyr Gly Val Glu Met Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln Val			
865	870	875	880
Phe Pro Ser Leu Lys Lys Leu Val Leu Lys Asp Met Arg Ser Leu Ile			
885	890	895	
Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu			
900	905	910	
Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln			
915	920	925	
Phe Glu Ile Leu Arg Gln Leu Lys Ile Thr Gly Val Asp Ser Glu Met			
930	935	940	
Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Arg			
945	950	955	960
Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Met Leu Arg			
965	970	975	
Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Ile Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe			
980	985	990	
Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Arg Arg Leu			

995	1000	1005
Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn	Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn	
1010	1015	1020
Gly Gly Asn Tyr Leu Thr Ser	Leu Glu Phe Phe Cys Leu Tyr Asn	
1025	1030	1035
Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile	Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys	
1040	1045	1050
Arg Leu Val Phe Leu Asn Val	Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val Ser	
1055	1060	1065
Phe Pro Val His Val Trp Glu	Met Pro Ser Leu Ser Tyr Leu Val	
1070	1075	1080
Ile Ser Glu Cys Pro Lys Leu	Ile Ser Val Pro Lys Val Gly Leu	
1085	1090	1095
His His Leu Thr Gly Leu Val	Arg Leu Gly Ile Gly Pro Phe Ser	
1100	1105	1110
Glu Met Val Asp Phe Asp Ala	Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly Ile	
1115	1120	1125
Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg	Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg Gly	
1130	1135	1140
His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr	Gln Leu Met Gln Leu Ser Asp Leu	
1145	1150	1155
Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp	Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro Pro	
1160	1165	1170
Thr Leu Asp Asn Leu Thr Ser	Leu Glu Ser Leu Thr Leu Val Arg	
1175	1180	1185
Cys Lys Gln Leu Gln His Leu	Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro Lys	
1190	1195	1200
Leu Arg Leu Leu Trp Ile Arg	Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala Leu	

```

1205      1210      1215

Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr Leu
1220      1225      1230

His Asp Cys Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser Arg Asp Ala Met
1235      1240      1245

Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Arg Ile Lys Gly Cys Pro
1250      1255      1260

Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys Ile
1265      1270      1275

Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr Ala
1280      1285      1290

Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe
1295      1300

<210> 208
<211> 3909
<212> ДНК
<213> Solanum berthaultii

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(3909)

<400> 208
atg aat tat tgt ctt cct tcg agt act cta caa aca act acc aaa cga 48
Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg
1 5 10 15

aga ctt act ttg aga aga ctt tgt tgc aaa cag ctc agg aag aag act 96
Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr
20 25 30

ttg gtg cag att gca gag gaa gag gaa gca aac aca act atg gcc gat 144
Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp
35 40 45

gct gta att ggt gct act gtt caa gtt ttg ctt gaa aag ttg att tct 192
Ala Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser
50 55 60

ctc act atc gag gag gtc aac agc tca agg gat ttc aac aaa gat ctc 240
Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu

```

65	70	75	80	
gaa atg ttg aca caa aat gta tct tta atc caa gct ttc att cat gat 288				
Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp				
85	90	95		
ggt gaa aca cca caa gag aaa caa cag tct gtg gaa caa tgg ctc aac 336				
Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn				
100	105	110		
agg ctt gag aga gtt gct gaa gat gct gaa aat gtg ttt gat cga ttc 384				
Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe				
115	120	125		
aga tat gaa tct ctc aaa aca aaa gtg gtg agg agc cca ttg aaa aag 432				
Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys				
130	135	140		
gtc agt ggt ttc ttt tct cat act gct ttt aag aga aaa atg tct caa 480				
Val Ser Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln				
145	150	155	160	
aaa atc aac aac ata aat aaa gag ttg acg gct atc aat aag gta gcc 528				
Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala				
165	170	175		
aaa gac ctc ggt cta caa tca ctc atg gta cct tct tgg aaa ata cta 576				
Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Trp Lys Ile Leu				
180	185	190		
cca att cga gaa aca gat tcc ttc gta ggt gct tct gat gtt gtt ggt 624				
Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Phe Val Gly Ala Ser Asp Val Val Gly				
195	200	205		
aga gat ttg gat gtt gct gag ata aag gag aag att ttg aac atg aga 672				
Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Asn Met Arg				
210	215	220		
gag gag gat gtt gtt ctg tcc acc att ccc ata gta ggt atg gga ggt 720				
Glu Glu Asp Val Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly				
225	230	235	240	
tta ggg aaa aca act gtg gct aag agg att tac aat gat gaa cac atc 768				
Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Ile				
245	250	255		
aag caa atc ttt aaa gag aga att tgg ttg tgt ata cct gaa atg tct 816				
Lys Gln Ile Phe Lys Glu Arg Ile Trp Leu Cys Ile Pro Glu Met Ser				
260	265	270		
gaa acg aag agc ttt ctt caa caa atc ctc gaa tcg ttg ata gag agg 864				
Glu Thr Lys Ser Phe Leu Gln Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg				
275	280	285		
aaa att gag gtt gaa agg aga gat ata ata gtc aag aag cta caa gat 912				
Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp				

```

290          295          300
gaa ttg gga gga aaa aaa tat ttg cta gtc ctg gat gat ttg tgg cgt   960
Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg
305          310          315          320

ggt gac tct aca tcg tgg cat gag ttc gtc gac acc ctg aga gga ata   1008
Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asp Thr Leu Arg Gly Ile
325          330          335

aat aca tcc aga gga aac tgc att ctt gtg act act cgt agg aag cag   1056
Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Arg Lys Gln
340          345          350

gtg gca tcc aca gta gca aca gat ctt cat atc ttg ggg aag tta aca   1104
Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr
355          360          365

gaa gat cat tgt tgg tct att ttc aaa caa aaa gca ttt gtt gat ggc   1152
Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly
370          375          380

agg gtt cca gag gaa tta gcg agc atg ggc aac aag att gtt aaa atg   1200
Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met
385          390          395          400

tgc caa ggt cta ccg ttg gct gca agt gtg ttg gga ggg ctc tta cac   1248
Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Val Leu Gly Gly Leu Leu His
405          410          415

aac aaa gaa aaa cat gaa tgg caa gca att ctt gat ggc aac ctc ctt   1296
Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu
420          425          430

gtt gca ggt gaa gat gat aat gga gaa aat agc ata aag aaa atc cta   1344
Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu
435          440          445

aaa ctc agc tat gat tat cta cca tct cca cat ctg aaa aaa tgc ttt   1392
Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe
450          455          460

gct tac ttt gca atg ttt cca aaa gat tat atg ttt gaa aag gac caa   1440
Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln
465          470          475          480

cta atc caa ctc tgg atg gca gaa ggg ttt ctt cgt cca agt caa gag   1488
Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu
485          490          495

atc cct gtg atg gaa gac gtt ggg cac agg ttt ttt caa atc ttg ttg   1536
Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu
500          505          510

cag aat tcc ttg cta caa gat gtt ctg tta gat gaa cac aac aat ata   1584
Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Leu Leu Asp Glu His Asn Asn Ile

```

```

515      520      525
aca cac tgc aag atg cac gat ctt gtg cat gat ttg gct gga gat atc 1632
Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile
530      535      540

tta aaa tct aga cta ttt gat ccg aag ggc aac aat gga gaa aaa ctt 1680
Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asn Asn Gly Glu Lys Leu
545      550      555      560

tct caa gtt cga tac ttt gga tgt gag tca cca acg gat caa ata gat 1728
Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp
565      570      575

aag ata tat gag cca gaa cgt ttg tgc aca ctg ttt tgg aga agc aat 1776
Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn
580      585      590

tat aca tct aaa gat atg ctg ttg aac ttt aag ttc ttg aga gtt tta 1824
Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu
595      600      605

gat ttg tcc agt tca gga atc aag gag ttg tca gcc aaa atc ggg aag 1872
Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys
610      615      620

ctg ata tac ttg aga tat ctt gat ctc tcg aac act gag atc aca gcc 1920
Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala
625      630      635      640

ttg ccc aac tcc att tgc aag ctc tat aat ttg caa aca ttt aga gtc 1968
Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val
645      650      655

atc aac tgc ttt tca ctc cag gaa ctt cca tat gag atg aga aat atg 2016
Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met
660      665      670

ata agt ttg aga cac ata tat tac act tct gtt gac gaa aca agt ggg 2064
Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser Gly
675      680      685

cat tgg gga gga tgg tgt ctt cac aat gaa cat ttt cag att cca ctt 2112
His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu
690      695      700

aat atg ggg caa ttg act agt ctt caa acc ctc aag ttt ttc aag gta 2160
Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val
705      710      715      720

ggt tta gag aaa ggt cgt caa ata gaa gaa tta ggt cat ttg aaa aac 2208
Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn
725      730      735

cta rga ggt gaa ttg acr atc aat ggt ctc caa ttg gtc tgt gat aaa 2256
Leu Xaa Gly Glu Leu Xaa Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys

```

740	745	750	
gaa gag gct cra aca gca tat tta cac gat aaa cca aac atc tgc aag 2304			
Glu Glu Ala Xaa Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys			
755	760	765	
ctg gca tat tta tgg tcc cat gat gaa tca gaa ggc tgt gag atc aat 2352			
Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn			
770	775	780	
gat gag cat gtg ttg gat ggt ctt caa ccg cat cct aac ttg aaa acc 2400			
Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr			
785	790	795	800
tta gca gta gtg gac tat tta ggg act aaa ttt cct tca tgg ttc agt 2448			
Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser			
805	810	815	
gaa gag tcg cta cca aat ttg gtc gag ttg aaa tta agt ggt agc aaa 2496			
Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Glu Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys			
820	825	830	
agg tgc aaa gaa att cca tcc ctt ggc caa ctg aaa ttc ctt cgg cat 2544			
Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His			
835	840	845	
ctt gag ctg gta gga ttc cat gag ttg gaa tgc att gga cct gct ttt 2592			
Leu Glu Leu Val Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Phe			
850	855	860	
tat ggt gtt gag atg aga aat att gga tca aac agc att atc caa gtg 2640			
Tyr Gly Val Glu Met Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln Val			
865	870	875	880
ttc ccg tca ttg aaa aaa cta gta ttg aag gat atg cgt agc ctt att 2688			
Phe Pro Ser Leu Lys Lys Leu Val Leu Lys Asp Met Arg Ser Leu Ile			
885	890	895	
gag tgg aag gga gat gaa gtt gga gta aga atg tct ccc ggt ctt gag 2736			
Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu			
900	905	910	
aag ttg cgg att aca gac tgt cca ttg tta aaa agt att ccg aat caa 2784			
Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln			
915	920	925	
ttt gaa atc ctc cgt caa tta aaa att aca gga gtt gac agt gaa atg 2832			
Phe Glu Ile Leu Arg Gln Leu Lys Ile Thr Gly Val Asp Ser Glu Met			
930	935	940	
cca ttg ttg aac ttg tgc agc aac ttg aca tct ctc gta aag ctt aga 2880			
Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Arg			
945	950	955	960
gtc tat gat atg aaa gag ctc act tgt ctt cca gat gag atg cta cgt 2928			
Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Met Leu Arg			

965	970	975	
aac aac gtt tct ctt caa cag ata ata att ttc aac tgc gga gag ttt			2976
Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Ile Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe			
980	985	990	
cgt gaa ttg cca caa agc ttg tac aat ctc cat tct ctt agg aga tta			3024
Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Arg Arg Leu			
995	1000	1005	
gac att tac aac tgc acc aat ttc agt tct ctt cct gtt ccc aat			3069
Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn			
1010	1015	1020	
gga ggc aac tat ttg act tcc ctc gaa ttc ttt tgc tta tat aat			3114
Gly Gly Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Cys Leu Tyr Asn			
1025	1030	1035	
tgt aat gga ttg atc agt ata cca att gga atg cta gat caa tgc			3159
Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys			
1040	1045	1050	
cgg cta gtg ttt ttg aat gtc agc tgc tgt aac aac ttg gtt tca			3204
Arg Leu Val Phe Leu Asn Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val Ser			
1055	1060	1065	
ttc cct gta cat gtg tgg gaa atg cct tca ctt tca tat ttg gtt			3249
Phe Pro Val His Val Trp Glu Met Pro Ser Leu Ser Tyr Leu Val			
1070	1075	1080	
ata tca gaa tgt ccc aaa ttg att agt gta ccc aaa gtg ggc ctt			3294
Ile Ser Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly Leu			
1085	1090	1095	
cac cat ctc acc ggg tta gtg aga ttg gga att ggt cct ttc tca			3339
His His Leu Thr Gly Leu Val Arg Leu Gly Ile Gly Pro Phe Ser			
1100	1105	1110	
gag atg gtg gat ttt gat gca ttc caa ttg att ttt aat ggc att			3384
Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly Ile			
1115	1120	1125	
cag cag ttg ttg tcc ctt cgt gat ctg gag gtg tac gga cgt ggg			3429
Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg Gly			
1130	1135	1140	
cac tgg gat tct ctg ccc tat cag ctt atg caa ctc tct gac cta			3474
His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asp Leu			
1145	1150	1155	
aga gag atc aca ata gct gat ttc gga att gag gct ctt cct cct			3519
Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro Pro			
1160	1165	1170	
act ctt gac aac ctt act tct ctt gaa agt ttg acg cta gtg agg			3564
Thr Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Val Arg			



```

1175      1180      1185
tgc aaa  cag cta caa cat ctg  aac ttc tca gat gcc  atg ccc aaa   3609
Cys Lys  Gln Leu Gln His Leu  Asn Phe Ser Asp Ala  Met Pro Lys
1190      1195      1200

tta cgg  ctc ctg tgg ata cgt  gat tgt cca ttg tta  gaa gct ctg   3654
Leu Arg  Leu Leu Trp Ile Arg  Asp Cys Pro Leu Leu  Glu Ala Leu
1205      1210      1215

tcg gat  ggg ctc ggc aac ctt  gtt tct ttg gaa gaa  tta tat tta   3699
Ser Asp  Gly Leu Gly Asn Leu  Val Ser Leu Glu Glu  Leu Tyr Leu
1220      1225      1230

cat gac  tgc gaa aaa cta gag  cat cta ccg tcc cga  gat gcc atg   3744
His Asp  Cys Glu Lys Leu Glu  His Leu Pro Ser Arg  Asp Ala Met
1235      1240      1245

cga cgc  ctc act aaa tta tgg  aac atg aga att aaa  gga tgc cca   3789
Arg Arg  Leu Thr Lys Leu Trp  Asn Met Arg Ile Lys  Gly Cys Pro
1250      1255      1260

aag tta  gaa gaa agt ttc acc  aac tac tcc cag tgg  tcc aaa att   3834
Lys Leu  Glu Glu Ser Phe Thr  Asn Tyr Ser Gln Trp  Ser Lys Ile
1265      1270      1275

tcc cat  att tca aat att gaa  tta ggt ggg tgg aga  agg aca gcc   3879
Ser His  Ile Ser Asn Ile Glu  Leu Gly Gly Trp Arg  Arg Thr Ala
1280      1285      1290

ata agt  ctc ggt ttc tct ttc  act ttc tga                3909
Ile Ser  Leu Gly Phe Ser Phe  Thr Phe
1295      1300

```

<210> 209  
 <211> 1302  
 <212> PRT  
 <213> Solanum berthaultii

<220>  
 <221> зміш\_категорія  
 <222> (738)..(738)  
 <223> 'Хаа' у позиції 738 означає Gly, або Arg.

<220>  
 <221> зміш\_категорія  
 <222> (742)..(742)  
 <223> 'Хаа' у позиції 742 означає Thr.

<220>  
 <221> зміш\_категорія  
 <222> (756)..(756)  
 <223> 'Хаа' у позиції 756 означає Arg, або Gln.

<400> 209

Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
1 5 10 15

Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30

Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45

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

Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80

Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95

Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn  
100 105 110

Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
115 120 125

Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
130 135 140

Val Ser Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
145 150 155 160

Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
165 170 175

Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Trp Lys Ile Leu  
180 185 190

Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Phe Val Gly Ala Ser Asp Val Val Gly  
195 200 205

Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Asn Met Arg  
210 215 220

Glu Glu Asp Val Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
225 230 235 240

Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Ile  
245 250 255

Lys Gln Ile Phe Lys Glu Arg Ile Trp Leu Cys Ile Pro Glu Met Ser  
260 265 270

Glu Thr Lys Ser Phe Leu Gln Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
275 280 285

Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
290 295 300

Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg  
305 310 315 320

Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asp Thr Leu Arg Gly Ile  
325 330 335

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

Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
355 360 365

Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
370 375 380

Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met  
385 390 395 400

Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Val Leu Gly Gly Leu Leu His  
405 410 415

Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
420 425 430

Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
435 440 445

Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe  
450 455 460

Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
465 470 475 480

Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
485 490 495

Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
500 505 510

Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Leu Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
515 520 525

Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
530 535 540

Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asn Asn Gly Glu Lys Leu  
545 550 555 560

Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp  
565 570 575

Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
580 585 590

Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
595 600 605

Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
610 615 620

Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
625 630 635 640

Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
645 650 655

Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
660 665 670

Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser Gly  
675 680 685

His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
690 695 700

Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
705 710 715 720

Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
725 730 735

Leu Xaa Gly Glu Leu Xaa Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
740 745 750

Glu Glu Ala Xaa Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
755 760 765

Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn  
770 775 780

Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
785 790 795 800

Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser  
805 810 815

Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Glu Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
820 825 830

Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
835 840 845

Leu Glu Leu Val Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Phe  
850 855 860

Tyr Gly Val Glu Met Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln Val  
865 870 875 880

Phe Pro Ser Leu Lys Lys Leu Val Leu Lys Asp Met Arg Ser Leu Ile  
885 890 895

Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
900 905 910

Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
915 920 925

Phe Glu Ile Leu Arg Gln Leu Lys Ile Thr Gly Val Asp Ser Glu Met  
930 935 940

Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Arg  
945 950 955 960

Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Met Leu Arg  
965 970 975

Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Ile Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe  
980 985 990

Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Arg Arg Leu  
995 1000 1005

Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn  
1010 1015 1020

Gly Gly Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Cys Leu Tyr Asn  
1025 1030 1035

Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
1040 1045 1050

Arg Leu Val Phe Leu Asn Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val Ser  
1055 1060 1065

Phe Pro Val His Val Trp Glu Met Pro Ser Leu Ser Tyr Leu Val  
1070 1075 1080

Ile Ser Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly Leu  
1085 1090 1095

His His Leu Thr Gly Leu Val Arg Leu Gly Ile Gly Pro Phe Ser  
1100 1105 1110

Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly Ile  
1115 1120 1125

Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg Gly  
1130 1135 1140

His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asp Leu  
1145 1150 1155

Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro Pro  
1160 1165 1170

Thr Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Val Arg  
1175 1180 1185

Cys Lys Gln Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro Lys  
1190 1195 1200

Leu Arg Leu Leu Trp Ile Arg Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala Leu  
1205 1210 1215

Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr Leu  
1220 1225 1230

His Asp Cys Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser Arg Asp Ala Met  
1235 1240 1245

Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Arg Ile Lys Gly Cys Pro  
1250 1255 1260

Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys Ile  
1265 1270 1275

Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr Ala  
1280 1285 1290

Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
1295 1300

<210> 210

<211> 3912

<212> ДНК

<213> Solanum tarijense

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(3912)

<400> 210

atg aat tat tgt ctt cct tcg agt act cta caa aca act ccc aaa aga 48  
Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Pro Lys Arg  
1 5 10 15

aaa ctt act ttg aga aga ctt tgg tgc aaa cag ctc agg aag aag act 96  
Lys Leu Thr Leu Arg Arg Leu Trp Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30

ttg gtg cag act gca gag gaa gag gaa gca aac aca act atg gcc gat 144  
Leu Val Gln Thr Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45

cct gta att ggt gct act gtt caa gtt ttg ctt gaa aag ttg att tct 192  
Pro Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser  
50 55 60

ctc act atc gag gac gtc aac agc tca agg gat ttc aac aaa gat ctc 240  
Leu Thr Ile Glu Asp Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80

gaa atg ttg aca caa aat gta tcc tta atc caa gct ttc att cat gat 288  
Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95

gtt aaa aca cca caa gtt gag aaa caa cag tct ttc gaa caa tgg ctc 336  
Val Lys Thr Pro Gln Val Glu Lys Gln Gln Ser Phe Glu Gln Trp Leu  
100 105 110

aac agg ctt gag aga gtt gct gaa gat gct caa aat gtg ttt gat cga 384  
Asn Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Gln Asn Val Phe Asp Arg  
115 120 125

ttc aga tat gaa tct ctc aaa aca aaa gtg gtg agg agc cca ttg aaa 432  
Phe Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys  
130 135 140

aag gtc agt ggt ttc ttt tct cat tct gct ttt aag aga aaa atg tct 480  
Lys Val Ser Gly Phe Phe Ser His Ser Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser  
145 150 155 160

caa aat atc aac aac ata aat aaa gag ttg acg gct atc aat aag gta 528  
Gln Asn Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val  
165 170 175

gcc aaa gac ctc ggt cta caa tca ctc atg gta cct tct cgg aaa ata 576  
Ala Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile  
180 185 190



cta cca att cga gaa aca gat tcc ttc gta ggt gct tct gat gtt gtt 624  
 Leu Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Phe Val Gly Ala Ser Asp Val Val  
 195 200 205

ggt aga gat ttg gat gtt gct gag ata aag gag aag att ttg aag atg 672  
 Gly Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Lys Met  
 210 215 220

aga gag gag gat gtt gtt ctg tcc acc att ccc ata gta ggt atg gga 720  
 Arg Glu Glu Asp Val Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly  
 225 230 235 240

ggt tta ggg aaa aca act gtg gct aag agg att tac aat gat gaa cac 768  
 Gly Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His  
 245 250 255

atc aag caa atc ttt aaa gag aga att tgg ttg tgt ata cct gaa atg 816  
 Ile Lys Gln Ile Phe Lys Glu Arg Ile Trp Leu Cys Ile Pro Glu Met  
 260 265 270

tct gaa acg aag agc ttt ctt gaa caa atc ctc gaa tcg ttg ata gag 864  
 Ser Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu  
 275 280 285

agg aaa att gag gtt gaa agg aga gat ata ata gtc aag aag cta caa 912  
 Arg Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln  
 290 295 300

gat gaa ttg gga gga aaa aaa tat ttg cta gtc ctg gat gat ttg tgg 960  
 Asp Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp  
 305 310 315 320

cgt gtt gac tct aca tcg tgg cat gag ttc gtc gac acc ctg aga gga 1008  
 Arg Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asp Thr Leu Arg Gly  
 325 330 335

ata aat aca tcc aga gga aac tgc att ctt gtg act act cgt agg aag 1056  
 Ile Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Arg Lys  
 340 345 350

cag gtg gca tcc aca gta gca aca gat ctt cat atc ttg ggg aag tta 1104  
 Gln Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu  
 355 360 365

aca gaa gat cat tgt tgg tct att ttc aaa caa aaa gca ttt gtt gat 1152  
 Thr Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp  
 370 375 380

ggc agg gtt cca gag gaa tta gcg agc atg ggc aac aag att gtt aaa 1200  
 Gly Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys  
 385 390 395 400

atg tgc caa ggt cta ccg ttg gct gca agt gtg ttg gga ggg ctc tta 1248  
 Met Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Val Leu Gly Gly Leu Leu  
 405 410 415

cac aac aaa gaa aaa cat gaa tgg caa gca att ctt gat ggc aac ctc 1296  
 His Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu  
 420 425 430

ctt gtt gca ggt gaa gat gat aat gga gaa aat agc ata aag aaa atc 1344  
 Leu Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile  
 435 440 445

cta aaa ctc agc tat gat tat cta cca tct cca cat ctg aaa aaa tgc 1392  
 Leu Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys  
 450 455 460

ttt gct tac ttt gca atg ttt cca aaa gat tat atg ttt gaa aag gac 1440  
 Phe Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp  
 465 470 475 480

caa cta atc caa ctc tgg atg gca gaa ggg ttt ctt cgt cca agt caa 1488  
 Gln Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln  
 485 490 495

gag atc cct gtg atg gaa gac gtt ggg cac agg ttt ttt caa atc ttg 1536  
 Glu Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu  
 500 505 510

ttg cag aat tcc ttg cta caa gat gtt ctg tta gat gaa cac aac aat 1584  
 Leu Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Leu Leu Asp Glu His Asn Asn  
 515 520 525

ata aca cac tgc aag atg cac gat ctt gtg cat gat ttg gct gga gat 1632  
 Ile Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp  
 530 535 540

atc tta aaa tct aga cta ttt gat ccg aag ggc gac aat gga gaa aaa 1680  
 Ile Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys  
 545 550 555 560

ctt tct caa gtt cga tac ttt gga tgt gag tca cca acg gat caa ata 1728  
 Leu Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile  
 565 570 575

gat aag ata tat gag cca gaa cgt ttg tgc aca ctg ttt tgg aga agc 1776  
 Asp Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser  
 580 585 590

aat tat aca tct aaa gat atg ctg ttg aac ttt aag ttc ttg aga gtt 1824  
 Asn Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val  
 595 600 605

tta gat ttg tcc agt tca gga atc aag gag ttg tca gcc aaa atc ggg 1872  
 Leu Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly  
 610 615 620

aag ctg ata tac ttg aga tat ctt gat ctc tcg aac act gag atc aca 1920  
 Lys Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr  
 625 630 635 640

gcc ttg ccc aac tcc att tgc aag ctc tat aat ttg caa aca ttt aga 1968  
Ala Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg  
645 650 655

gtc atc aac tgc ttt tca ctc cag gaa ctt cca tat gag atg aga aat 2016  
Val Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn  
660 665 670

atg ata agt ttg aga cac ata tat tac act tct gtt gac gaa aca agt 2064  
Met Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser  
675 680 685

ggg cat tgg gga gga tgg tgt ctt cac aat gaa cat ttt cag att cca 2112  
Gly His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro  
690 695 700

ctt aat atg ggg caa ttg act agt ctt caa acc ctc aag ttt ttc aag 2160  
Leu Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys  
705 710 715 720

gta ggt tta gag aaa ggt cgt caa ata gaa gaa tta ggt cac ttg aaa 2208  
Val Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys  
725 730 735

aac cta aga ggt gaa ttg acg atc aat ggt ctc caa ttg gtc tgt gat 2256  
Asn Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp  
740 745 750

aaa gaa gag gct caa aca gca tat tta cac gat aaa cca aac atc tgc 2304  
Lys Glu Glu Ala Gln Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys  
755 760 765

aag ctg gca tat tta tgg tcc cat gat gaa tca gaa ggc tgt gag atc 2352  
Lys Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile  
770 775 780

aat gat gag cat gtg ttg gat ggt ctt caa ccg cat cct aac ttg aaa 2400  
Asn Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys  
785 790 795 800

acc tta gca gta gtg gac tat tta ggg act aaa ttt cct tca tgg ttc 2448  
Thr Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe  
805 810 815

agt gaa gag tcg cta cca aat ttg gtc aag ttg aaa tta agt ggt agc 2496  
Ser Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser  
820 825 830

aaa agg tgc aaa gaa att cca tcc ctt ggc caa ctg aaa ttc ctt cgg 2544  
Lys Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg  
835 840 845

cat ctt gag ctg ata gga ttc cat gag ttg gaa tgc att gga cct gct 2592  
His Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala  
850 855 860

ttt tat ggt gtt gag atg aga aat att gga tca aac agc att atc caa 2640  
Phe Tyr Gly Val Glu Met Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln  
865 870 875 880

gtg ttc ccg tca ttg aaa aaa cta gta ttg aag gat atg cgt agc ctt 2688  
Val Phe Pro Ser Leu Lys Lys Leu Val Leu Lys Asp Met Arg Ser Leu  
885 890 895

att gag tgg aag gga gat gaa gtt gga gta aga atg tct ccc ggt ctt 2736  
Ile Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu  
900 905 910

gag aag ttg cgg att aca gac tgt cca ttg tta aaa agt att ccg aat 2784  
Glu Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn  
915 920 925

caa ttt gaa atc ctc cgt caa tta aaa att aca gga gtt gac agt gaa 2832  
Gln Phe Glu Ile Leu Arg Gln Leu Lys Ile Thr Gly Val Asp Ser Glu  
930 935 940

atg cca ttg ttg aac ttg tgc agc aac ttg aca tct ctc gta aag ctt 2880  
Met Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu  
945 950 955 960

aga gtc tat gat atg aaa gag ctc act tgt ctt cca gat gag atg cta 2928  
Arg Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Met Leu  
965 970 975

cgt aac aac gtt tct ctt caa cag ata ata att ttc aac tgc gga gag 2976  
Arg Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Ile Ile Phe Asn Cys Gly Glu  
980 985 990

ttt cgt gaa ttg cca caa agc ttg tac aat ctc cat tct ctt agg aga 3024  
Phe Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Arg Arg  
995 1000 1005

tta gac att tac aac tgc acc aat ttc agt tct ctt cct gtt ccc 3069  
Leu Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro  
1010 1015 1020

aat gga gac aac tat ttg act tcc ctc gaa ttc ttt tgc tta cat 3114  
Asn Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Cys Leu His  
1025 1030 1035

aat tgt aat gga ttg atc agt ata cca gtt gga atg cta gat caa 3159  
Asn Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Val Gly Met Leu Asp Gln  
1040 1045 1050

tgc cgg cta gtg ttt ttg aat gtc agc tgc tgt aac aac ttg gtt 3204  
Cys Arg Leu Val Phe Leu Asn Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val  
1055 1060 1065

tca ttc cct gta cat gtg tgg gaa atg cct tca ctt tca tat ttg 3249  
Ser Phe Pro Val His Val Trp Glu Met Pro Ser Leu Ser Tyr Leu  
1070 1075 1080

gtt ata tca gaa tgt ccc aaa ttg att agt gta ccc aaa gtg ggc 3294  
Val Ile Ser Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly  
1085 1090 1095

ctt cac cat ctc acc ggg tta gtg aga ttg gga att ggt cct ttc 3339  
Leu His His Leu Thr Gly Leu Val Arg Leu Gly Ile Gly Pro Phe  
1100 1105 1110

tca gag atg gtg gat ttt gat gca ttc caa ttg att ttt aat ggc 3384  
Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly  
1115 1120 1125

att cag cag ttg ttg tcc ctt cgt gat ctg gag gtg tac gga cgt 3429  
Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg  
1130 1135 1140

ggg cac tgg gat tct ctg ccc tat cag ctt atg caa ctc tct gac 3474  
Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asp  
1145 1150 1155

cta aga gag atc aca ata gct gat ttc gga att gag gct ctt cct 3519  
Leu Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro  
1160 1165 1170

cct act ctt gac aac ctt act tct ctt gaa agt ttg acg cta gtg 3564  
Pro Thr Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Val  
1175 1180 1185

agg tgc aaa cag cta caa cat ctg aac ttc tca gat gcc atg ccc 3609  
Arg Cys Lys Gln Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro  
1190 1195 1200

aaa tta cgg ctc ctg tgg ata cgt gat tgt cca ttg tta gaa gct 3654  
Lys Leu Arg Leu Leu Trp Ile Arg Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala  
1205 1210 1215

ctg tcg gat ggg ctc ggc aac ctt gtt tct ttg gaa gaa tta tat 3699  
Leu Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr  
1220 1225 1230

tta cat gac tgc gaa aaa cta gag cat cta ccg tcc cga gat gcc 3744  
Leu His Asp Cys Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser Arg Asp Ala  
1235 1240 1245

atg cga cgc ctc act aaa tta tgg aac atg aga att aaa gga tgc 3789  
Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Arg Ile Lys Gly Cys  
1250 1255 1260

cca aag tta gaa gaa agt ttc acc aac tac tcc cag tgg tcc aaa 3834  
Pro Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys  
1265 1270 1275

att tcc cat att tca aat att gaa tta ggt ggg tgg aga agg aca 3879  
Ile Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr  
1280 1285 1290

gcc ata agt ctc ggt ttc tct ttc act ttc tga 3912  
Ala Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
1295 1300

<210> 211  
<211> 1303  
<212> PRT  
<213> Solanum tarijense

<400> 211

Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Pro Lys Arg  
1 5 10 15

Lys Leu Thr Leu Arg Arg Leu Trp Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30

Leu Val Gln Thr Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45

Pro Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser  
50 55 60

Leu Thr Ile Glu Asp Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80

Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95

Val Lys Thr Pro Gln Val Glu Lys Gln Gln Ser Phe Glu Gln Trp Leu  
100 105 110

Asn Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Gln Asn Val Phe Asp Arg  
115 120 125

Phe Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys  
130 135 140

Lys Val Ser Gly Phe Phe Ser His Ser Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser  
145 150 155 160

Gln Asn Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val  
165 170 175

Ala Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile  
180 185 190

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

Gly Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Lys Met  
210 215 220

Arg Glu Glu Asp Val Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly  
225 230 235 240

Gly Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His  
245 250 255

Ile Lys Gln Ile Phe Lys Glu Arg Ile Trp Leu Cys Ile Pro Glu Met  
260 265 270

Ser Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu  
275 280 285

Arg Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln  
290 295 300

Asp Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp  
305 310 315 320

Arg Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asp Thr Leu Arg Gly  
325 330 335

Ile Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Arg Lys  
340 345 350

Gln Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu  
355 360 365

Thr Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp  
370 375 380

Gly Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys  
385 390 395 400

Met Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Val Leu Gly Gly Leu Leu  
405 410 415

His Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu  
420 425 430

Leu Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile  
435 440 445

Leu Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys  
450 455 460

Phe Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp  
465 470 475 480

Gln Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln  
485 490 495

Glu Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu  
500 505 510

Leu Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Leu Leu Asp Glu His Asn Asn  
515 520 525

Ile Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp  
530 535 540

Ile Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys  
545 550 555 560

Leu Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile  
565 570 575

Asp Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser  
580 585 590

Asn Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val  
595 600 605

Leu Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly  
610 615 620



Lys Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr  
625 630 635 640

Ala Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg  
645 650 655

Val Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn  
660 665 670

Met Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser  
675 680 685

Gly His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro  
690 695 700

Leu Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys  
705 710 715 720

Val Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys  
725 730 735

Asn Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp  
740 745 750

Lys Glu Glu Ala Gln Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys  
755 760 765

Lys Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile  
770 775 780

Asn Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys  
785 790 795 800

Thr Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe  
805 810 815

Ser Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser  
820 825 830

Lys Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg  
835 840 845

His Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala  
850 855 860

Phe Tyr Gly Val Glu Met Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln  
865 870 875 880

Val Phe Pro Ser Leu Lys Lys Leu Val Leu Lys Asp Met Arg Ser Leu  
885 890 895

Ile Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu  
900 905 910

Glu Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn  
915 920 925

Gln Phe Glu Ile Leu Arg Gln Leu Lys Ile Thr Gly Val Asp Ser Glu  
930 935 940

Met Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu  
945 950 955 960

Arg Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Met Leu  
965 970 975

Arg Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Ile Ile Phe Asn Cys Gly Glu  
980 985 990

Phe Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Arg Arg  
995 1000 1005

Leu Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro  
1010 1015 1020

Asn Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Cys Leu His  
1025 1030 1035

Asn Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Val Gly Met Leu Asp Gln  
1040 1045 1050

Cys Arg Leu Val Phe Leu Asn Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val  
1055 1060 1065

Ser Phe Pro Val His Val Trp Glu Met Pro Ser Leu Ser Tyr Leu  
1070 1075 1080

Val Ile Ser Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly  
1085 1090 1095

Leu His His Leu Thr Gly Leu Val Arg Leu Gly Ile Gly Pro Phe  
1100 1105 1110

Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly  
1115 1120 1125

Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg  
1130 1135 1140

Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asp  
1145 1150 1155

Leu Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro  
1160 1165 1170

Pro Thr Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Val  
1175 1180 1185

Arg Cys Lys Gln Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro  
1190 1195 1200

Lys Leu Arg Leu Leu Trp Ile Arg Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala  
1205 1210 1215

Leu Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr  
1220 1225 1230

Leu His Asp Cys Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser Arg Asp Ala  
1235 1240 1245

Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Arg Ile Lys Gly Cys  
1250 1255 1260

Pro Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys  
1265 1270 1275

Ile Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr  
1280 1285 1290

Ala Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
1295 1300

<210> 212  
<211> 3909  
<212> ДНК  
<213> Solanum tarijense

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(3909)

<400> 212  
atg aat tat tgt ctt cct tcg agt act cta caa aca act acc aaa cga 48  
Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
1 5 10 15  
  
aga ctt act ttg aga aga ctt tgt tgc aaa cag ctc agg aag aag act 96  
Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30  
  
ttg gtg cag act gca gag gaa gag gaa gca aac aca act atg gcc gat 144  
Leu Val Gln Thr Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45  
  
gct gta att ggt gct act gtt caa gtt ttg ctt gaa aag ttg att tct 192  
Ala Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser  
50 55 60  
  
ctc act atc gag gac gtc aac agc tca agg gat ttc aac aaa gat ctc 240  
Leu Thr Ile Glu Asp Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80  
  
gaa atg ttg aca caa aat gta tct tta atc caa gct ttc att cat gat 288  
Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95  
  
gtt gaa aca cca caa gag aaa caa cag tct gtc gaa caa tgg ctc aac 336  
Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn  
100 105 110  
  
agg ctt gag aga gtt gct gaa gat gct gaa aat gtg ttt gat cga ttc 384  
Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
115 120 125  
  
aga tat gaa tct ctc aaa aca aaa gtg gtg agg agc cca ttg aaa aag 432  
Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
130 135 140  
  
gtc agt ggt ttc ttt tct cat act gct ttt aag aga aaa atg tct caa 480

Val Ser Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
145 150 155 160

aaa atc aac aac atc aat aaa gag ttg acg gct atc aat aag gta gcc 528  
Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
165 170 175

aaa gac ctc ggt cta caa tca ctc atg gta cct tct cgg aaa ata cta 576  
Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu  
180 185 190

cga att cga gaa aca gat tcc ttc gta ggt gct tct gat gtt gtt ggt 624  
Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Phe Val Gly Ala Ser Asp Val Val Gly  
195 200 205

aga gat ttg gat gtt gct gag ata aag gag aag att ttg aag atg aga 672  
Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Lys Met Arg  
210 215 220

gag gag gat gtt gtt ctg tcc acc att ccc ata gta ggt atg gga ggt 720  
Glu Glu Asp Val Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
225 230 235 240

tta ggg aaa aca act gtg gct aag agg att tac aat gat gaa cac atg 768  
Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Met  
245 250 255

aag caa atc ttt aaa aag aga att tgg ttg tgt cta cct gaa atg tct 816  
Lys Gln Ile Phe Lys Lys Arg Ile Trp Leu Cys Leu Pro Glu Met Ser  
260 265 270

gaa acg aag agc ttt ctt gaa caa atc ctc gaa tca ttg ata gag agg 864  
Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
275 280 285

aaa att gag gtt gaa agg aga gat ata ata gtc aag aag cta caa gat 912  
Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
290 295 300

gaa ttg gga gga aaa aaa tat ttg cta gtc ctg gat gat ttg tgg cgt 960  
Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg  
305 310 315 320

gtt gac tct aca tcg tgg cat gag ttc gtc gac acc ctg aga gga ata 1008  
Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asp Thr Leu Arg Gly Ile  
325 330 335

aat aca tcc aga gga aac tgc att ctt gtg act act cgt agg aag cag 1056  
Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Arg Lys Gln  
340 345 350

gtg gca tcc aca gta gca aca gat ctt cat atc ttg ggg aag tta aca 1104  
Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
355 360 365

gaa gat cat tgt tgg tct att ttc aaa caa aaa gca ttt gtt gat ggc 1152

Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
370 375 380

agg gtt cca gag gaa tta gcg agc atg ggc aac aag att gtt aaa atg 1200  
Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met  
385 390 395 400

tgc caa ggt cta ccg ttg gct gca agt gtg ttg gga ggg ctc tta cac 1248  
Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Val Leu Gly Gly Leu Leu His  
405 410 415

aac aaa gaa aaa cat gaa tgg caa gca att ctt gat ggc aac ctc ctt 1296  
Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
420 425 430

gtt gca ggt gaa gat gat aat gga gaa aat agc ata aag aaa atc cta 1344  
Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
435 440 445

aaa ctc agc tat gat tat cta cca tct cca cat ctg aaa aaa tgc ttt 1392  
Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe  
450 455 460

gct tac ttt gca atg ttt cca aaa gat tat atg ttt gaa aag gac caa 1440  
Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
465 470 475 480

cta atc caa ctc tgg atg gca gaa ggg ttt ctt cgt cca agt caa gag 1488  
Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
485 490 495

atc cct gtg atg gaa gac gtt ggg cac agg ttt ttt caa atc ttg ttg 1536  
Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
500 505 510

cag aat tcc ttg cta caa gat gtt ctg tta gat gaa cac aac aat ata 1584  
Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Leu Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
515 520 525

aca cac tgc aag atg cac gat ctt gtg cat gat ttg gct gga gat atc 1632  
Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
530 535 540

tta aaa tct aga cta ttt gat ccg aag ggc gac aat gga gaa aaa ctt 1680  
Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
545 550 555 560

tct caa gtt cga tac ttt gga tgt gag tca cca acg gat caa ata gat 1728  
Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp  
565 570 575

aag ata tat gag cca gaa cgt ttg tgc aca ctg ttt tgg aga agc aat 1776  
Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
580 585 590

tat aca tct aaa gat atg ctg ttg aac ttt aag ttc ttg aga gtt tta 1824

Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
 595 600 605  
 gat ttg tcc agt tca gga atc aag gag ttg tca gcc aaa atc ggg aag 1872  
 Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
 610 615 620  
 ctg ata tac ttg aga tat ctt gat ctc tcg aac act gag atc aca gcc 1920  
 Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
 625 630 635 640  
 ttg ccc aac tcc att tgc aag ctc tat aat ttg caa aca ttt aga gtc 1968  
 Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
 645 650 655  
 atc aac tgc ttt tca ctc cag gaa ctt cca tat gag atg aga aat atg 2016  
 Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
 660 665 670  
 ata agt ttg aga cac ata tat tac act tct gtt gac gaa aca agt ggg 2064  
 Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser Gly  
 675 680 685  
 cat tgg gga gga tgg tgt ctt cac aat gaa cat ttt cag att cca ctt 2112  
 His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
 690 695 700  
 aat atg ggg caa ttg act agt ctt caa acc ctc aag ttt ttc aag gta 2160  
 Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
 705 710 715 720  
 ggt tta gag aaa ggt cgt caa ata gaa gaa tta ggt cac ttg aaa aac 2208  
 Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
 725 730 735  
 cta aga ggt gaa ttg acg atc aat ggt ctc caa ttg gtc tgt gat aaa 2256  
 Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
 740 745 750  
 gaa gag gct caa aca gca tat tta cac gat aaa cca aac atc tgc aag 2304  
 Glu Glu Ala Gln Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
 755 760 765  
 ctg gca tat tta tgg tcc cat gat gaa tca gaa ggc tgt gag atc aat 2352  
 Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn  
 770 775 780  
 gat gag cat gtg ttg gat ggt ctt caa ccg cat cct aac ttg aaa acc 2400  
 Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
 785 790 795 800  
 tta gca gta gtg gac tat tta ggg act aaa ttt cct tca tgg ttc agt 2448  
 Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser  
 805 810 815  
 gaa gag tcg cta cca aat ttg gtc aag ttg aaa tta agt ggt agc aaa 2496

Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
820 825 830

agg tgc aaa gaa att cca tcc ctt ggc caa ctg aaa ttc ctt cgg cat 2544  
Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
835 840 845

ctt gag ctg ata gga ttc cat gag ttg gaa tgc att gga cct gct ttt 2592  
Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Phe  
850 855 860

tat ggt gtt gag atg aga aat att gga tca aac agc att atc caa gtg 2640  
Tyr Gly Val Glu Met Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln Val  
865 870 875 880

ttc ccg tca ttg aaa aaa cta gta ttg aag gat atg cgt agc ctt att 2688  
Phe Pro Ser Leu Lys Lys Leu Val Leu Lys Asp Met Arg Ser Leu Ile  
885 890 895

gag tgg aag gga gat gaa gtt gga gta aga atg tct ccc ggt ctt gag 2736  
Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
900 905 910

aag ttg cgg att aca gac tgt cca ttg tta aaa agt att ccg aat caa 2784  
Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
915 920 925

ttt gaa atc ctc cgt caa tta aaa att aca gga gtt gac agt gaa atg 2832  
Phe Glu Ile Leu Arg Gln Leu Lys Ile Thr Gly Val Asp Ser Glu Met  
930 935 940

cca ttg ttg aac ttg tgc agc aac ttg aca tct ctc gta aag ctt aga 2880  
Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Arg  
945 950 955 960

gtc tat gat atg aaa gag ctc act tgt ctt cca gat gag atg cta cgt 2928  
Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Met Leu Arg  
965 970 975

aac aac gtt tct ctt caa cag ata ata att ttc aac tgc gga gag ttt 2976  
Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Ile Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe  
980 985 990

cgt gaa ttg cca caa agc ttg tac aat ctc cat tct ctt agg aga tta 3024  
Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Arg Arg Leu  
995 1000 1005

gac att tac aac tgc acc aat ttc agt tct ctt cct gtt ccc aat 3069  
Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn  
1010 1015 1020

gga gac aac tat ttg act tcc ctc gaa ttc ttt tgc tta cat aat 3114  
Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Cys Leu His Asn  
1025 1030 1035

tgt aat gga ttg atc agt ata cca gtt gga atg cta gat caa tgc 3159



Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Val Gly Met Leu Asp Gln Cys  
1040 1045 1050

cgg cta gtg ttt ttg aat gtc agc tgc tgt aac aac ttg gtt tca 3204  
Arg Leu Val Phe Leu Asn Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val Ser  
1055 1060 1065

ttc cct gta cat gtg tgg gaa atg cct tca ctt tca tat ttg gtt 3249  
Phe Pro Val His Val Trp Glu Met Pro Ser Leu Ser Tyr Leu Val  
1070 1075 1080

ata tca gaa tgt ccc aaa ttg att agt gta ccc aaa gtg ggc ctt 3294  
Ile Ser Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly Leu  
1085 1090 1095

cac cat ctc acc ggg tta gtg aga ttg gga att ggt cct ttc tca 3339  
His His Leu Thr Gly Leu Val Arg Leu Gly Ile Gly Pro Phe Ser  
1100 1105 1110

gag atg gtg gat ttt gat gca ttc caa ttg att ttt aat ggc att 3384  
Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly Ile  
1115 1120 1125

cag cag ttg ttg tcc ctt cgt gat ctg gag gtg tac gga cgt ggg 3429  
Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg Gly  
1130 1135 1140

cac tgg gat tct ctg ccc tat cag ctt atg caa ctc tct gac cta 3474  
His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asp Leu  
1145 1150 1155

aga gag atc aca ata gct gat ttc gga att gag gct ctt cct cct 3519  
Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro Pro  
1160 1165 1170

act ctt gac aac ctt act tct ctt gaa agt ttg acg cta gtg agg 3564  
Thr Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Val Arg  
1175 1180 1185

tgc aaa cag cta caa cat ctg aac ttc tca gat gcc atg ccc aaa 3609  
Cys Lys Gln Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro Lys  
1190 1195 1200

tta cgg ctc ctg tgg ata cgt gat tgt cca ttg tta gaa gct ctg 3654  
Leu Arg Leu Leu Trp Ile Arg Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala Leu  
1205 1210 1215

tgc gat ggg ctc ggc aac ctt gtt tct ttg gaa gaa tta tat tta 3699  
Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr Leu  
1220 1225 1230

cat gac tgc gaa aaa cta gag cat cta ccg tcc cga gat gcc atg 3744  
His Asp Cys Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser Arg Asp Ala Met  
1235 1240 1245

cga cgc ctc act aaa tta tgg aac atg aga att aaa gga tgc cca 3789

Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Arg Ile Lys Gly Cys Pro  
1250 1255 1260

aag tta gaa gaa agt ttc acc aac tac tcc cag tgg tcc aaa att 3834  
Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys Ile  
1265 1270 1275

tcc cat att tca aat att gaa tta ggt ggg tgg aga agg aca gcc 3879  
Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr Ala  
1280 1285 1290

ata agt ctc ggt ttc tct ttc act ttc tga 3909  
Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
1295 1300

<210> 213  
<211> 1302  
<212> PRT  
<213> Solanum tarijense

<400> 213

Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
1 5 10 15

Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30

Leu Val Gln Thr Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45

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

Leu Thr Ile Glu Asp Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80

Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95

Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn  
100 105 110

Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
115 120 125

Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys

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

355	360	365	
Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly			
370	375	380	
Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met			
385	390	395	400
Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Val Leu Gly Gly Leu Leu His			
405	410	415	
Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu			
420	425	430	
Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu			
435	440	445	
Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe			
450	455	460	
Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln			
465	470	475	480
Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu			
485	490	495	
Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu			
500	505	510	
Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Leu Leu Asp Glu His Asn Asn Ile			
515	520	525	
Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile			
530	535	540	
Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu			
545	550	555	560
Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp			
565	570	575	
Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn			

580	585	590
Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu		
595	600	605
Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys		
610	615	620
Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala		
625	630	635
Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val		
645	650	655
Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met		
660	665	670
Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser Gly		
675	680	685
His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu		
690	695	700
Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val		
705	710	715
Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn		
725	730	735
Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys		
740	745	750
Glu Glu Ala Gln Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys		
755	760	765
Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn		
770	775	780
Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr		
785	790	795
Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser		

805	810	815
Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys		
820	825	830
Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His		
835	840	845
Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Phe		
850	855	860
Tyr Gly Val Glu Met Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln Val		
865	870	875
Phe Pro Ser Leu Lys Lys Leu Val Leu Lys Asp Met Arg Ser Leu Ile		
885	890	895
Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu		
900	905	910
Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln		
915	920	925
Phe Glu Ile Leu Arg Gln Leu Lys Ile Thr Gly Val Asp Ser Glu Met		
930	935	940
Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Arg		
945	950	955
Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Met Leu Arg		
965	970	975
Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Ile Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe		
980	985	990
Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Arg Arg Leu		
995	1000	1005
Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn		
1010	1015	1020
Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Cys Leu His Asn		

1025	1030	1035
Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile	Pro Val Gly Met Leu	Asp Gln Cys
1040	1045	1050
Arg Leu Val Phe Leu Asn Val	Ser Cys Cys Asn Asn	Leu Val Ser
1055	1060	1065
Phe Pro Val His Val Trp Glu	Met Pro Ser Leu Ser	Tyr Leu Val
1070	1075	1080
Ile Ser Glu Cys Pro Lys Leu	Ile Ser Val Pro Lys	Val Gly Leu
1085	1090	1095
His His Leu Thr Gly Leu Val	Arg Leu Gly Ile Gly	Pro Phe Ser
1100	1105	1110
Glu Met Val Asp Phe Asp Ala	Phe Gln Leu Ile Phe	Asn Gly Ile
1115	1120	1125
Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg	Asp Leu Glu Val Tyr	Gly Arg Gly
1130	1135	1140
His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr	Gln Leu Met Gln Leu	Ser Asp Leu
1145	1150	1155
Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp	Phe Gly Ile Glu Ala	Leu Pro Pro
1160	1165	1170
Thr Leu Asp Asn Leu Thr Ser	Leu Glu Ser Leu Thr	Leu Val Arg
1175	1180	1185
Cys Lys Gln Leu Gln His Leu	Asn Phe Ser Asp Ala	Met Pro Lys
1190	1195	1200
Leu Arg Leu Leu Trp Ile Arg	Asp Cys Pro Leu Leu	Glu Ala Leu
1205	1210	1215
Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu	Val Ser Leu Glu Glu	Leu Tyr Leu
1220	1225	1230
His Asp Cys Glu Lys Leu Glu	His Leu Pro Ser Arg	Asp Ala Met

```

1235      1240      1245

Arg Arg  Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Arg Ile Lys  Gly Cys Pro
1250      1255      1260

Lys Leu  Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp  Ser Lys Ile
1265      1270      1275

Ser His  Ile Ser Asn Ile Glu  Leu Gly Gly Trp Arg  Arg Thr Ala
1280      1285      1290

Ile Ser  Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe
1295      1300

<210> 214
<211> 3909
<212> ДНК
<213> Solanum chacoense

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(3909)

<400> 214
atg aat tat tgt ctt cct tcg agt act cta caa aca act acc aaa cga   48
Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg
1      5      10      15

aga ctt act ttg aga aga ctt tgt tgc aaa cag ctc agg aag aag act   96
Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr
20      25      30

ttg gtg cag act gca gag gaa gag gaa gca aac aca aca atg gcc gat   144
Leu Val Gln Thr Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp
35      40      45

cct gta att ggt gct act gtt caa gtt ttg ctt gaa aag ttg att tct   192
Pro Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser
50      55      60

ctc act atc gag gaa gtc aac agc tca agg gat ttc aac aaa gat ctc   240
Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu
65      70      75      80

gaa atg ttg aca caa aat gta tct tta atc caa gct ttc att cat gat   288
Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp
85      90      95

gtt gaa aca cca caa gag aaa caa cag tct gtg gaa caa tgg ctc aac   336
Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn

```



100	105	110	
agg ctt gag aga gtt gct gaa gat gct caa aat gtg ttt gat cga ttc 384			
Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Gln Asn Val Phe Asp Arg Phe			
115	120	125	
ata tat gaa tct ctc aaa aca aaa gtg gtg agg agc cca ttg aaa aag 432			
Ile Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys			
130	135	140	
gtc agt ggt ttc ttt tct cat act gct ttt aag aga aaa atg tct caa 480			
Val Ser Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln			
145	150	155	160
aaa atc aac aac atc aat aaa gag ttg acg gct atc aat aag gta gcc 528			
Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala			
165	170	175	
aaa gac ctc ggt cta caa tca ctc atg gtt cct tct cgg aaa ata cta 576			
Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu			
180	185	190	
cca att cga gaa aca gat tcc ttt gta gtt gct tct gat att gtc ggt 624			
Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Phe Val Val Ala Ser Asp Ile Val Gly			
195	200	205	
aga gat ttg gat att gct gag ata aag gag aag att ttg aac atg aga 672			
Arg Asp Leu Asp Ile Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Asn Met Arg			
210	215	220	
gag gag gat att gtt ctg tcc acc att ccc ata gta ggt atg gga ggt 720			
Glu Glu Asp Ile Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly			
225	230	235	240
tta ggg aaa aca act gtg gct aag agg att tac aat gat gaa cac atg 768			
Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Met			
245	250	255	
aag caa atc ttt gaa aag aga att tgg ttg tgt cta cct gaa atg tct 816			
Lys Gln Ile Phe Glu Lys Arg Ile Trp Leu Cys Leu Pro Glu Met Ser			
260	265	270	
gaa acg aag agc ttt ctt gaa caa atc ctc gaa tcg ttg ata gag agg 864			
Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg			
275	280	285	
aaa att gag gtt gaa agg aga gat ata ata gtc aag aag cta caa gat 912			
Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp			
290	295	300	
gaa ttg gga gga aaa aaa tat ttg cta gtc ctg gat gat ttg tgg tgt 960			
Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Cys			
305	310	315	320
gtt gac tct aca tcg tgg cat gag ttc att gac acc ttg aga gga ata 1008			
Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Ile Asp Thr Leu Arg Gly Ile			

325	330	335	
aat aca tcc aga gga aac tgc att ctt gtg act act cgt agg aag cag 1056			
Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Arg Lys Gln			
340	345	350	
gtg gca tcc aca gta gca aca gat ctt cat atc ttg ggg aag tta aca 1104			
Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr			
355	360	365	
gaa gat cat tgt tgg tct att ttc aaa caa aaa gca ttt gtt gat ggc 1152			
Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly			
370	375	380	
agg gtt cca gag gaa tta gcg agc atg ggc aac aag att gtt aaa atg 1200			
Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met			
385	390	395	400
tgc caa ggt cta ccg ttg gct gca agt gtg ttg gga ggg ctc tta cac 1248			
Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Val Leu Gly Gly Leu Leu His			
405	410	415	
aac aaa gaa aaa cat gaa tgg caa gca att ctt gat ggc aac ctc ctt 1296			
Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu			
420	425	430	
gtt gca ggt gaa gat gat aat gga gaa aat agc ata aag aaa atc cta 1344			
Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu			
435	440	445	
aaa ctc agc tat gat tat cta cca tct cca cat ctg aaa aaa tgc ttt 1392			
Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe			
450	455	460	
gct tac ttt gca atg ttt cca aaa gat tat atg ttt gaa aag gac caa 1440			
Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln			
465	470	475	480
cta atc caa ctc tgg atg gca gaa ggg ttt ctt cgt cca agt caa gag 1488			
Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu			
485	490	495	
atc cct gtg atg gaa gac gtt ggg cac agg ttt ttt caa atc ttg ttg 1536			
Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu			
500	505	510	
cag aat tcc ttg cta caa gat gtt ctg tta gat gaa cac aac aat ata 1584			
Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Leu Leu Asp Glu His Asn Asn Ile			
515	520	525	
aca cac tgc aag atg cac gat ctt gtg cat gat ttg gct gga gat atc 1632			
Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile			
530	535	540	
tta aaa tct aga cta ttt gat ccg aag ggc gac aat gga gaa aaa ctt 1680			
Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu			

545	550	555	560	
tct caa gtt cga tac ttt gga tgt gag tca cca acg gat caa ata gat 1728				
Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp				
565	570	575		
aag ata tat gag cca gaa cgt ttg tgc aca ctg ttt tgg aga agc aat 1776				
Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn				
580	585	590		
tat aca tct aaa gat atg ctg ttg aac ttt aag ttc ttg aga gtt tta 1824				
Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu				
595	600	605		
gat ttg tcc agt tca gga atc aag gag ttg tca gcc aaa atc ggg aag 1872				
Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys				
610	615	620		
ctg ata tac ttg aga tat ctt gat ctc tcg aac act gag atc aca gcc 1920				
Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala				
625	630	635	640	
ttg ccc aac tcc att tgc aag ctc tat aat ttg caa aca ttt aga gtc 1968				
Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val				
645	650	655		
atc aac tgc ttt tca ctc cag gaa ctt cca tat gag atg aga aat atg 2016				
Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met				
660	665	670		
ata agt ttg aga cac ata tat tac act tct gtt gac gaa aca agt ggg 2064				
Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser Gly				
675	680	685		
cat tgg gga gga tgg tgt ctt cac aat gaa cat ttt cag att cca ctt 2112				
His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu				
690	695	700		
aat atg ggg caa ttg act agt ctt caa acc ctc aag ttt ttc aag gta 2160				
Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val				
705	710	715	720	
ggt tta gag aaa ggt cgt caa ata gaa gaa tta ggt cat ttg aaa aac 2208				
Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn				
725	730	735		
cta aga ggt gaa ttg acg atc aat ggt ctc caa ttg gtc tgt gat aaa 2256				
Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys				
740	745	750		
gaa gag gct caa aca gca tat tta cac gat aaa cca aac atc tgc aag 2304				
Glu Glu Ala Gln Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys				
755	760	765		
ctg gca tat tta tgg tcc cat gat gaa tca gaa ggc tgt gag atc aat 2352				
Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn				

770	775	780	
gat gag cat gtg ttg gat ggt ctt caa ccg cat cct aac ttg aaa acc 2400			
Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr			
785	790	795	800
tta gca gta gtg gac tat tta ggg act aaa ttt cct tca tgg ttc agt 2448			
Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser			
805	810	815	
gaa gag tcg cta cca aat ttg gtc aag ttg aaa tta agt ggt agc aaa 2496			
Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys			
820	825	830	
agg tgc aaa gaa att cca tcc ctt ggc caa ctg aaa ttc ctt cgg cat 2544			
Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His			
835	840	845	
ctt gag ctg ata gga ttc cat gag ttg gaa tgc att gga cct gct ttt 2592			
Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Phe			
850	855	860	
tat ggt gtt gag atg aga aat att gga tca aac agc att atc caa gtg 2640			
Tyr Gly Val Glu Met Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln Val			
865	870	875	880
ttc ccg tca ttg aaa aaa cta gta ttg aag gat atg cgt agc ctt att 2688			
Phe Pro Ser Leu Lys Lys Leu Val Leu Lys Asp Met Arg Ser Leu Ile			
885	890	895	
gag tgg aag gga gat gaa gtt gga gta aga atg tct ccc ggt ctt gag 2736			
Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu			
900	905	910	
aag ttg cgg att aca gac tgt cca ttg tta aaa agt att ccg aat caa 2784			
Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln			
915	920	925	
ttt gaa atc ctc cgt caa tta aaa att aca gga gtt gac agt gaa atg 2832			
Phe Glu Ile Leu Arg Gln Leu Lys Ile Thr Gly Val Asp Ser Glu Met			
930	935	940	
cca ttg ttg aac ttg tgc agc aac ttg aca tct ctc gta aag ctt aga 2880			
Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Arg			
945	950	955	960
gtc tat gat atg aaa gag ctc act tgt ctt cca gat gag atg cta cgt 2928			
Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Met Leu Arg			
965	970	975	
aac aac gtt tct ctt caa cag ata ata att ttc aac tgc gga gag ttt 2976			
Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Ile Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe			
980	985	990	
cgt gaa ttg cca caa agc ttg tac aat ctc cat tct ctt agg aga tta 3024			
Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Arg Arg Leu			

995	1000	1005	
gac att tac aac tgc acc aat ttc agt tct ctt cct gtt ccc aat	3069		
Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn			
1010 1015 1020			
gga gac aac tat ttg act tcc ctc gaa ttc ttt tgc tta cat aat	3114		
Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Cys Leu His Asn			
1025 1030 1035			
tgt aat gga ttg atc agt ata cca att gga atg cta gat caa tgc	3159		
Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys			
1040 1045 1050			
cgg cta gtg ttt ttg aat gtc agc tgc tgt aac aac ttg gtt tca	3204		
Arg Leu Val Phe Leu Asn Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val Ser			
1055 1060 1065			
ttc cct gta cat gtg tgg gaa atg cct tca ctt tca tat ttg ctt	3249		
Phe Pro Val His Val Trp Glu Met Pro Ser Leu Ser Tyr Leu Leu			
1070 1075 1080			
ata tca gaa tgt ccc aaa ttg att agt gta ccc aaa gtg ggc ctt	3294		
Ile Ser Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly Leu			
1085 1090 1095			
cac cat ctc acc ggg tta gtg aga ttg gga att ggt cct ttc tca	3339		
His His Leu Thr Gly Leu Val Arg Leu Gly Ile Gly Pro Phe Ser			
1100 1105 1110			
gag atg gtg gat ttt gat gca ttc caa ttg att ttt aat ggc att	3384		
Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly Ile			
1115 1120 1125			
cag cag ttg ttg tcc ctt cgt gat ctg gag gtg tac gga cgt ggg	3429		
Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg Gly			
1130 1135 1140			
cac tgg gat tct ctg ccc tat cag ctt atg caa ctc tct gac cta	3474		
His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asp Leu			
1145 1150 1155			
aga gag atc aca ata gct gat ttc gga att gag gct ctt cct cct	3519		
Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro Pro			
1160 1165 1170			
act ctt gac aac ctt act tct ctt gaa agt ttg acg cta gtg agg	3564		
Thr Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Val Arg			
1175 1180 1185			
tgc aaa cag cta caa cat ctg aac ttc tca gat gcc atg ccc aaa	3609		
Cys Lys Gln Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro Lys			
1190 1195 1200			
tta cgg ctc ctg tgg ata cgt gat tgt cca ttg tta gaa gct ctg	3654		
Leu Arg Leu Leu Trp Ile Arg Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala Leu			

1205 1210 1215

tcg gat ggg ctc ggc aac ctt gtt tct ttg gaa gaa tta tat tta 3699  
 Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr Leu  
 1220 1225 1230

cat gac tgc gaa aaa cta gag cat cta ccg tcc cga gat gcc atg 3744  
 His Asp Cys Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser Arg Asp Ala Met  
 1235 1240 1245

cga cgc ctc act aaa tta tgg aac atg aga att aaa gga tgc cca 3789  
 Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Arg Ile Lys Gly Cys Pro  
 1250 1255 1260

aag tta gaa gaa agt ttc acc aac tac tcc cag tgg tcc aaa att 3834  
 Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys Ile  
 1265 1270 1275

tcc cat att tca aat att gaa tta ggt ggg tgg aga agg aca gcc 3879  
 Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr Ala  
 1280 1285 1290

ata agt ctc ggt ttc tct ttc act ttc tga 3909  
 Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
 1295 1300

<210> 215  
 <211> 1302  
 <212> PRT  
 <213> Solanum chacoense

<400> 215

Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
 1 5 10 15

Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
 20 25 30

Leu Val Gln Thr Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
 35 40 45

Pro Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser  
 50 55 60

Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
 65 70 75 80

Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
 85 90 95

Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn  
100 105 110

Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Gln Asn Val Phe Asp Arg Phe  
115 120 125

Ile Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
130 135 140

Val Ser Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
145 150 155 160

Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
165 170 175

Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu  
180 185 190

Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Phe Val Val Ala Ser Asp Ile Val Gly  
195 200 205

Arg Asp Leu Asp Ile Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Asn Met Arg  
210 215 220

Glu Glu Asp Ile Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
225 230 235 240

Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Met  
245 250 255

Lys Gln Ile Phe Glu Lys Arg Ile Trp Leu Cys Leu Pro Glu Met Ser  
260 265 270

Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
275 280 285

Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
290 295 300

Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Cys  
305 310 315 320

Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Ile Asp Thr Leu Arg Gly Ile  
325 330 335

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

Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
355 360 365

Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
370 375 380

Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met  
385 390 395 400

Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Val Leu Gly Gly Leu Leu His  
405 410 415

Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
420 425 430

Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
435 440 445

Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe  
450 455 460

Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
465 470 475 480

Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
485 490 495

Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
500 505 510

Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Leu Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
515 520 525

Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
530 535 540



Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
545 550 555 560

Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp  
565 570 575

Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
580 585 590

Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
595 600 605

Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
610 615 620

Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
625 630 635 640

Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
645 650 655

Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
660 665 670

Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser Gly  
675 680 685

His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
690 695 700

Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
705 710 715 720

Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
725 730 735

Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
740 745 750

Glu Glu Ala Gln Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
755 760 765

Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn  
770 775 780

Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
785 790 795 800

Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser  
805 810 815

Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
820 825 830

Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
835 840 845

Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Phe  
850 855 860

Tyr Gly Val Glu Met Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln Val  
865 870 875 880

Phe Pro Ser Leu Lys Lys Leu Val Leu Lys Asp Met Arg Ser Leu Ile  
885 890 895

Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
900 905 910

Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
915 920 925

Phe Glu Ile Leu Arg Gln Leu Lys Ile Thr Gly Val Asp Ser Glu Met  
930 935 940

Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Arg  
945 950 955 960

Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Met Leu Arg  
965 970 975

Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Ile Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe  
980 985 990

Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Arg Arg Leu  
995 1000 1005

Asp Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn  
1010 1015 1020

Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Cys Leu His Asn  
1025 1030 1035

Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
1040 1045 1050

Arg Leu Val Phe Leu Asn Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val Ser  
1055 1060 1065

Phe Pro Val His Val Trp Glu Met Pro Ser Leu Ser Tyr Leu Leu  
1070 1075 1080

Ile Ser Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly Leu  
1085 1090 1095

His His Leu Thr Gly Leu Val Arg Leu Gly Ile Gly Pro Phe Ser  
1100 1105 1110

Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly Ile  
1115 1120 1125

Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg Gly  
1130 1135 1140

His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asp Leu  
1145 1150 1155

Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro Pro  
1160 1165 1170

Thr Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Val Arg  
1175 1180 1185

Cys Lys Gln Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro Lys  
1190 1195 1200

Leu Arg Leu Leu Trp Ile Arg Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala Leu  
1205 1210 1215

Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr Leu  
1220 1225 1230

His Asp Cys Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser Arg Asp Ala Met  
1235 1240 1245

Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Arg Ile Lys Gly Cys Pro  
1250 1255 1260

Lys Leu Glu Glu Ser Phe Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys Ile  
1265 1270 1275

Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr Ala  
1280 1285 1290

Ile Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
1295 1300

<210> 216  
<211> 3906  
<212> ДНК  
<213> Solanum berthaultii

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(3906)

<400> 216  
atg aat tat tgt ctt cct tcg agt act cta caa aca act acc aaa cga 48  
Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
1 5 10 15  
aga ctt act ttg aga aga ctt tgt tgc aaa cag ctc agg aag aag act 96  
Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30  
ttg gtg cag att gca gag gaa gag gaa gca aac aca act atg gcc gat 144  
Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45  
gct gta att ggt gct act gtt caa gtt ttg ctt gaa aag ttg att tct 192  
Ala Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser  
50 55 60

ctc act atc gag gag gtc aac agc tca agg gat ttc aac aaa gat ctc 240  
 Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
 65 70 75 80

gaa atg ttg aca caa aat gta tct tta atc caa gct ttc att cat gat 288  
 Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
 85 90 95

gtt gaa aca cca caa gag aaa caa cag tct gtc gaa caa tgg ctc aac 336  
 Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn  
 100 105 110

agg ctt gag aga gtt gct gaa gat gct gaa aat gtg ttt gat cga ttc 384  
 Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
 115 120 125

aga tat gaa tct ctc aaa aca aaa gtg gtg agg agc cca ttg aaa aag 432  
 Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
 130 135 140

gtc agt ggt ttc ttt tct cat act gct ttt aag aga aaa atg tct caa 480  
 Val Ser Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
 145 150 155 160

aaa atc aac aac atc aat aaa gag ttg acg gct atc aat aag gta gcc 528  
 Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
 165 170 175

aaa gac ctc ggt cta caa tca ctc atc gta cct tct cgg aaa ata cta 576  
 Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Ile Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu  
 180 185 190

cca att cga gaa aca gat tcc atc gta ggt gct tct gat gtt gtt ggt 624  
 Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Ile Val Gly Ala Ser Asp Val Val Gly  
 195 200 205

aga gat ttg gat gtt gct gag ata aag gag aag att ttg aag atg aga 672  
 Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Lys Met Arg  
 210 215 220

gag gag gat gtt gtt ttg tcc acc att ccc ata gta ggt atg gga ggt 720  
 Glu Glu Asp Val Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
 225 230 235 240

tta ggg aaa aca act gtg gct aag agg att tac aat gat gaa cac atc 768  
 Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Ile  
 245 250 255

aag caa atc ttt aaa gag aga att tgg ttg tgt ata cct gaa atg tct 816  
 Lys Gln Ile Phe Lys Glu Arg Ile Trp Leu Cys Ile Pro Glu Met Ser  
 260 265 270

gaa acg aag agc ttt ctt gaa caa atc ctc gaa tcg ttg ata gag agg 864  
 Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
 275 280 285

aaa att gag gtt gaa agg aga gat ata ata gtc aag aag cta caa gat 912  
 Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
 290 295 300

gaa ttg gga gga aaa aaa tat ttg cta gtc ctg gat gat ttg tgg cgt 960  
 Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg  
 305 310 315 320

gtt gac tct aca tcg tgg cat gag ttc gtc aac acc ctg aga gga ata 1008  
 Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asn Thr Leu Arg Gly Ile  
 325 330 335

aat aca tcc aga gga aac tgc att ctt gtg act act cgt atg aag tgg 1056  
 Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Met Lys Trp  
 340 345 350

gtg gca tcc aca gta gca aca gat ctt cat atc ttg ggg aag tta aca 1104  
 Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
 355 360 365

gaa gat cat tgt tgg tct att ttc aaa caa aaa gca ttt gtt gat ggc 1152  
 Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
 370 375 380

agg gtt cca gag gaa tta gcg agc atg ggc aac aag att gtt aaa atg 1200  
 Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met  
 385 390 395 400

tgc caa ggt cta ccg ttg gct gca agt gcg ttg gga ggg ctc tta cac 1248  
 Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Ala Leu Gly Gly Leu Leu His  
 405 410 415

aac aaa gaa aaa cat gaa tgg caa gca att ctt gat ggc aac ctc ctt 1296  
 Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
 420 425 430

gtt gca agt gaa gat gat aat gga gaa aat agc tta aag aaa atc cta 1344  
 Val Ala Ser Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Leu Lys Lys Ile Leu  
 435 440 445

aaa ctc agc tat gat tat cta cca tct cca cat ctg aaa aaa tgc ttt 1392  
 Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe  
 450 455 460

gct tac ttt gca atg ttt cca aaa gat tat atg ttt gaa aag gac caa 1440  
 Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
 465 470 475 480

cta atc caa ctc tgg atg gca gaa ggg ttt ctt cgt cca agt caa gag 1488  
 Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
 485 490 495

atc cct gtg atg gaa gac gtt ggg cac agg ttt ttt caa atc ttg ttg 1536  
 Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
 500 505 510

cag aat tgc ttg cta caa gat gat gtg tta gat gaa cac aac aat ata 1584  
 Gln Asn Cys Leu Leu Gln Asp Asp Val Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
 515 520 525

aca cac tgc aag atg cac gat ctt gtg cat gat ttg gct gga gat atc 1632  
 Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
 530 535 540

tta aaa tct aga cta ttt gat ccg aag ggc gac aat gga gaa aaa ctt 1680  
 Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
 545 550 555 560

tct caa gtt cga tac ttt gga tgt gag tca cca acg gat caa ata gat 1728  
 Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp  
 565 570 575

aag ata tat gag cca gaa cgt ttg tgc aca ctg ttt tgg aga agc aat 1776  
 Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
 580 585 590

tat aca tct aaa gat atg ctg ttg aac ttt aag ttc ttg aga gtt tta 1824  
 Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
 595 600 605

gat ttg tcc agt tca gga atc aag gag ttg tca gcc aaa atc ggg aag 1872  
 Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
 610 615 620

ctg ata tac ttg aga tat ctt gat ctc tcg aac act gag atc aca gcc 1920  
 Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
 625 630 635 640

ttg ccc aac tcc att tgc aag ctc tat aat ttg caa aca ttt aga gtc 1968  
 Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
 645 650 655

atc aac tgc ttt tca ctc cag gaa ctt cca tat gag atg aga aat atg 2016  
 Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
 660 665 670

ata agt ttg aga cac ata tat tac act tct gtt gac gaa aca agt ggg 2064  
 Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser Gly  
 675 680 685

cat tgg gga gga tgg tgt ctt cac aat gaa cat ttt cag att cca ctt 2112  
 His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
 690 695 700

aat atg ggg caa ttg act agt ctt caa acc ctc aag ttt ttc aag gta 2160  
 Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
 705 710 715 720

ggt tta gag aaa ggt cgt caa ata gaa gaa tta ggt cat ttg aaa aac 2208  
 Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
 725 730 735

cta aga ggt gaa ttg acg atc aat ggt ctc caa ttg gtc tgt gat aaa 2256  
 Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
 740 745 750

gaa gag gct caa aca gca tat tta cac gat aaa cca aac atc tgc aag 2304  
 Glu Glu Ala Gln Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
 755 760 765

ctg gca tat tta tgg tcc cat gat gaa tca gaa ggc tgt gag atc aat 2352  
 Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn  
 770 775 780

gat gag cat gtg ttg gat ggt ctt caa ccg cat cct aac ttg aaa acc 2400  
 Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
 785 790 795 800

tta gca gta gtg gac tat tta ggg act aaa ttt cct tca tgg ttc agt 2448  
 Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser  
 805 810 815

gaa gag tcg cta cca aat ttg gtc aag ttg aaa tta agt ggt agc aaa 2496  
 Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
 820 825 830

agg tgc aaa gaa att cca tcc ctt ggc caa ctg aaa ttc ctt cgg cat 2544  
 Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
 835 840 845

ctt gag ctg ata gga ttc cat gag ttg gaa tgc att gga cct gct ttt 2592  
 Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Phe  
 850 855 860

tat ggt gtt gag atg aga aat att gga tca aac agc att atc caa gtg 2640  
 Tyr Gly Val Glu Met Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln Val  
 865 870 875 880

ttc ccg tca ttg aaa aaa cta gta ttg aag gat atg cgt agc ctt att 2688  
 Phe Pro Ser Leu Lys Lys Leu Val Leu Lys Asp Met Arg Ser Leu Ile  
 885 890 895

gag tgg aag gga gat gaa gtt gga gta aga atg tct ccc ggg ctt gag 2736  
 Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
 900 905 910

aag ttg cgg att ata gac tgt cca ttg tta aaa agt atc ccg aat caa 2784  
 Lys Leu Arg Ile Ile Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
 915 920 925

ttt gaa atc ctc cgt caa tta gac att aga gga gtt gac agt gaa atg 2832  
 Phe Glu Ile Leu Arg Gln Leu Asp Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Met  
 930 935 940

caa ttg ttg aac ttg tgc agc aac ttg aca tct ctc gta aag ctt agt 2880  
 Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Ser  
 945 950 955 960



gtc tat gat atg aaa gag ctc act tgt ctt cca gat gag atg cta cgt 2928  
Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Met Leu Arg  
965 970 975

aac aac gtt tct ctt caa cag ata ata att ttc aac tgc gga gag ttt 2976  
Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Ile Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe  
980 985 990

cgt gaa ttg cca caa agc ttg tac aat ctc cat tct ctt agg aga tta 3024  
Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Arg Arg Leu  
995 1000 1005

gac att ttc aac tgc acc aat ttc agt tct ctt cct gtt ccc aat 3069  
Asp Ile Phe Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn  
1010 1015 1020

gga gac aac tat ttg act tcc ctc gaa ttc ttt tac tta tat aat 3114  
Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Tyr Leu Tyr Asn  
1025 1030 1035

tgt aat gga ttg atc agt ata cca att gga atg cta gat caa tgc 3159  
Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
1040 1045 1050

cgg cta gtg ttt ttg aat gtc agc tgc tgt aac aac ttg gtt tca 3204  
Arg Leu Val Phe Leu Asn Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val Ser  
1055 1060 1065

ttc cct tta cat gtg tgg gaa atg cct tca ttt tca gtt ttg aat 3249  
Phe Pro Leu His Val Trp Glu Met Pro Ser Phe Ser Val Leu Asn  
1070 1075 1080

ata aaa gaa tgt ccc aaa ttg att agt gta ccc aaa gtg ggc ctt 3294  
Ile Lys Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly Leu  
1085 1090 1095

cac cat ctc acc ggg tta gtg aga ttg gga att ggt cct ttc tca 3339  
His His Leu Thr Gly Leu Val Arg Leu Gly Ile Gly Pro Phe Ser  
1100 1105 1110

gag atg gtg gat ttt gat gca ttc caa ttg att ttt aat ggc att 3384  
Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly Ile  
1115 1120 1125

cag cag ttg tcc ctt cgt gat ctg gag gtg tac gga cgt ggg cac 3429  
Gln Gln Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg Gly His  
1130 1135 1140

ttg gat tct ctg ccc tat cag ctt atg caa ctc tct gac cta aga 3474  
Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asp Leu Arg  
1145 1150 1155

gag atc aca ata gct gat ttc gga att gag gct ctt cct cct act 3519  
Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro Pro Thr  
1160 1165 1170

ctt gac aac ctt act tct ctt gaa agt ttg acg cta gtg agg tgc 3564  
 Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Val Arg Cys  
 1175 1180 1185  
  
 aaa cag cta caa cat ctg aac ttc tca gat gcc atg ccc aaa tta 3609  
 Lys Gln Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro Lys Leu  
 1190 1195 1200  
  
 cgg ctc ctg tgg ata cgt gat tgt cca ttg tta gaa gct ctg tcg 3654  
 Arg Leu Leu Trp Ile Arg Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala Leu Ser  
 1205 1210 1215  
  
 gat ggg ctc ggc aac ctt gtt tct ttg gaa gaa tta tat tta cat 3699  
 Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr Leu His  
 1220 1225 1230  
  
 gac tgc gaa aaa cta gag cat cta ccg tcc cga gat gcc atg cga 3744  
 Asp Cys Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser Arg Asp Ala Met Arg  
 1235 1240 1245  
  
 cgc ctc act aaa tta tgg aac atg gga att aaa ggc tgc cca aag 3789  
 Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Gly Ile Lys Gly Cys Pro Lys  
 1250 1255 1260  
  
 tta gaa gaa agt ttc atc aac tac tcc cag tgg tcc aaa att tcc 3834  
 Leu Glu Glu Ser Phe Ile Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys Ile Ser  
 1265 1270 1275  
  
 cat att tca gtt att gaa tta ggt ggg tgg aga agg aca acc gta 3879  
 His Ile Ser Val Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr Thr Val  
 1280 1285 1290  
  
 agt ctc ggt ttc tct ttc act ttc tga 3906  
 Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
 1295 1300  
  
 <210> 217  
 <211> 1301  
 <212> PRT  
 <213> Solanum berthaultii  
  
 <400> 217  
  
 Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
 1 5 10 15  
  
 Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
 20 25 30  
  
 Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
 35 40 45

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

Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80

Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95

Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn  
100 105 110

Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
115 120 125

Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
130 135 140

Val Ser Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
145 150 155 160

Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
165 170 175

Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Ile Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu  
180 185 190

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

Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Lys Met Arg  
210 215 220

Glu Glu Asp Val Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
225 230 235 240

Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Ile  
245 250 255

Lys Gln Ile Phe Lys Glu Arg Ile Trp Leu Cys Ile Pro Glu Met Ser  
260 265 270

Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
275 280 285

Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
290 295 300

Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg  
305 310 315 320

Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asn Thr Leu Arg Gly Ile  
325 330 335

Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Met Lys Trp  
340 345 350

Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
355 360 365

Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
370 375 380

Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met  
385 390 395 400

Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Ala Leu Gly Gly Leu Leu His  
405 410 415

Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
420 425 430

Val Ala Ser Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Leu Lys Lys Ile Leu  
435 440 445

Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe  
450 455 460

Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
465 470 475 480

Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
485 490 495

Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
500 505 510

Gln Asn Cys Leu Leu Gln Asp Asp Val Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
515 520 525

Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
530 535 540

Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
545 550 555 560

Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp  
565 570 575

Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
580 585 590

Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
595 600 605

Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
610 615 620

Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
625 630 635 640

Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
645 650 655

Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
660 665 670

Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser Gly  
675 680 685

His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
690 695 700

Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
705 710 715 720

Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
725 730 735

Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
740 745 750

Glu Glu Ala Gln Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
755 760 765

Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn  
770 775 780

Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
785 790 795 800

Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser  
805 810 815

Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
820 825 830

Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
835 840 845

Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Phe  
850 855 860

Tyr Gly Val Glu Met Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln Val  
865 870 875 880

Phe Pro Ser Leu Lys Lys Leu Val Leu Lys Asp Met Arg Ser Leu Ile  
885 890 895

Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
900 905 910

Lys Leu Arg Ile Ile Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
915 920 925

Phe Glu Ile Leu Arg Gln Leu Asp Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Met  
930 935 940

Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Ser  
945 950 955 960

Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Met Leu Arg  
965 970 975

Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Ile Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe  
980 985 990

Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Arg Arg Leu  
995 1000 1005

Asp Ile Phe Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn  
1010 1015 1020

Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Glu Phe Phe Tyr Leu Tyr Asn  
1025 1030 1035

Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
1040 1045 1050

Arg Leu Val Phe Leu Asn Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val Ser  
1055 1060 1065

Phe Pro Leu His Val Trp Glu Met Pro Ser Phe Ser Val Leu Asn  
1070 1075 1080

Ile Lys Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly Leu  
1085 1090 1095

His His Leu Thr Gly Leu Val Arg Leu Gly Ile Gly Pro Phe Ser  
1100 1105 1110

Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly Ile  
1115 1120 1125

Gln Gln Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg Gly His  
1130 1135 1140

Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asp Leu Arg  
1145 1150 1155

Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro Pro Thr  
1160 1165 1170

Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Val Arg Cys  
1175 1180 1185

Lys Gln Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro Lys Leu  
1190 1195 1200

Arg Leu Leu Trp Ile Arg Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala Leu Ser  
1205 1210 1215

Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr Leu His  
1220 1225 1230

Asp Cys Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser Arg Asp Ala Met Arg  
1235 1240 1245

Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Gly Ile Lys Gly Cys Pro Lys  
1250 1255 1260

Leu Glu Glu Ser Phe Ile Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys Ile Ser  
1265 1270 1275

His Ile Ser Val Ile Glu Leu Gly Gly Trp Arg Arg Thr Thr Val  
1280 1285 1290

Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
1295 1300

<210> 218  
<211> 3900  
<212> ДНК  
<213> Solanum berthaultii

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(3900)

<400> 218  
atg aat tat tgt ctt cct tcg agt act cta caa aca act acc aaa cga 48  
Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
1 5 10 15



aga ctt act ttg aga aga ctt tgt tgc aaa cag ctc agg aag aag act 96  
Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30

ttg gtg cag att gca gag gaa gag gaa gca aac aca act atg gcc gat 144  
Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45

gct gta att ggt gct act gtt caa gtt ttg ctt gaa aag ttg att tct 192  
Ala Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser  
50 55 60

ctc act atc gag gag gtc aac agc tca agg gat ttc aac aaa gat ctc 240  
Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80

gaa atg ttg aca caa aat gta tct tta atc caa gct ttc att cat gat 288  
Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95

gtt gaa aca cca caa gag aaa caa cag tct gtc gaa caa tgg ctc aac 336  
Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn  
100 105 110

agg ctt gag aga gtt gct gaa gat gct gaa aat gtg ttt gat cga ttc 384  
Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
115 120 125

aga tat gaa tct ctc aaa aca aaa gtg gtg agg agc cca ttg aaa aag 432  
Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
130 135 140

gtc ggt ggt ttc ttt tct cat act gct ttt aag aga aaa atg tct caa 480  
Val Gly Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
145 150 155 160

aaa atc aac aac atc aat aaa gag ttg acg gct atc aat aag gta gcc 528  
Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
165 170 175

aaa gac ctc ggt cta caa tca ctc atg gta cct tct cgg aaa ata cta 576  
Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu  
180 185 190

cca att cga gaa aca gat tcc tta gta gtt gct tct gat att gtc ggt 624  
Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Leu Val Val Ala Ser Asp Ile Val Gly  
195 200 205

aga gat ttg gat gtt gct gag ata aag gag aag att ttg aag atg aga 672  
Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Lys Met Arg  
210 215 220

gag gag gat att gtt ctg tcc acc att ccc att gta ggt atg gga ggt 720  
Glu Glu Asp Ile Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
225 230 235 240

tta ggg aaa aca act gtg gct aag agg att tac aat gat gaa cac atg 768  
 Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Met  
 245 250 255

aag caa atc ttt aaa aag aga att tgg ttg tgt cta cct gaa atg tct 816  
 Lys Gln Ile Phe Lys Lys Arg Ile Trp Leu Cys Leu Pro Glu Met Ser  
 260 265 270

gaa acg aag agc ttt ctt gaa caa atc ctc gaa tcg ttg ata gag agg 864  
 Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
 275 280 285

aaa att gag gtt gaa agg aga gat ata ata gtc aag aag cta caa gat 912  
 Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
 290 295 300

gaa ttg gga gga aaa aaa tat ttg cta gtc ctg gat gat ttg tgg cgt 960  
 Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg  
 305 310 315 320

gtt gac tct aca tcg tgg cat gag ttc gtc aac acc ctg aga gga ata 1008  
 Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asn Thr Leu Arg Gly Ile  
 325 330 335

aat aca tcc aga gga aac tgc att ctt gtg act act cgt atg aag tgg 1056  
 Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Met Lys Trp  
 340 345 350

gtg gca tcc aca gta gca aca gat ctt cat atc ttg ggg aag tta aca 1104  
 Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
 355 360 365

gaa gat cat tgt tgg tct att ttc aaa caa aaa gca ttt gtt gat ggc 1152  
 Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
 370 375 380

agg gtt cca gag gaa tta gcg agc atg ggc aac aag att gtt aaa atg 1200  
 Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met  
 385 390 395 400

tgc caa ggt cta ccg ttg gct gca agt gtg ttg gga ggg ctc tta cac 1248  
 Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Val Leu Gly Gly Leu Leu His  
 405 410 415

aac aaa gaa aaa cat gaa tgg caa gca att ctt gat ggc aac ctc ctt 1296  
 Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
 420 425 430

gtt gca agt gaa gat gat aat gga gaa aat agc ata aag aaa atc cta 1344  
 Val Ala Ser Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
 435 440 445

aaa ctc agc tat gat tat cta cca tct cca cat ctg aaa aaa tgc ttt 1392  
 Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe  
 450 455 460

gct tac ttt gca atg ttt cca aaa gat tat atg ttt gaa aag gac caa 1440  
Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
465 470 475 480

cta atc caa ctc tgg atg gca gaa ggg ttt ctt cgt cca agt caa gag 1488  
Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
485 490 495

atc cct gtg atg gaa gac gtt ggg cac agg ttt ttt caa atc ttg ttg 1536  
Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
500 505 510

cag aat tcc ttg cta caa gat gat gtg tta gat gaa cac aac aat ata 1584  
Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Asp Val Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
515 520 525

aca cac tgc aag atg cac gat ctt gtg cat gat ttg gct gga gat atc 1632  
Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
530 535 540

tta aaa tct aga cta ttt gat ccg aag ggc gac aat gga gaa aaa ctt 1680  
Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
545 550 555 560

tct caa gtt cga tac ttt gga tgt gag tca cca acg gat caa ata gat 1728  
Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp  
565 570 575

aag ata tat gag cca gaa cgt ttg tgc aca ctg ttt tgg aga agc aat 1776  
Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
580 585 590

tat aca tct aaa gat atg ctg ttg aac ttt aag ttc ttg aga gtt tta 1824  
Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
595 600 605

gat ttg tcc agt tca gga atc aag gag ttg tca gcc aaa atc ggg aag 1872  
Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
610 615 620

ctg ata tac ttg aga tat ctt gat ctc tcg aac act gag atc aca gcc 1920  
Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
625 630 635 640

ttg ccc aac tcc att tgc aag ctc tat aat ttg caa aca ttt aga gtc 1968  
Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
645 650 655

atc aac tgc ttt tca ctc cag gaa ctt cca tat gag atg aga aat atg 2016  
Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
660 665 670

ata agc ttg aga cac ata tat tac act tct gtt gac gaa aca agt ggg 2064  
Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser Gly  
675 680 685

cat tgg gga gga tgg tgt ctt cac aat gaa cat ttt cag att cca ctt 2112  
His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
690 695 700

aat atg ggg caa ttg act agt ctt caa acc ctc aag ttt ttc aag gta 2160  
Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
705 710 715 720

ggg tta gag aaa ggt cgt caa ata gaa gaa tta ggt cat ttg aaa aac 2208  
Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
725 730 735

cta aga ggt gaa ttg acg atc aat ggt ctc caa ttg gtc tgt gat aaa 2256  
Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
740 745 750

gaa gag gct caa aca gca tat tta cac gat aaa cca aac atc tgc aag 2304  
Glu Glu Ala Gln Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
755 760 765

ctg gca tat tta tgg tcc cat gat gaa tca gaa ggc tgt gag atc aat 2352  
Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn  
770 775 780

gat gag cat gtg ttg gat ggt ctt caa ccg cat cct aac ttg aaa acc 2400  
Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
785 790 795 800

tta gca gta gtg gac tat tta ggg act aaa ttt cct tca tgg ttc agt 2448  
Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser  
805 810 815

gaa gag tct cta cca aat ttg gtc aag ttg aaa tta agt ggt agc aaa 2496  
Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
820 825 830

agg tgc aaa gaa att cca tcc ctt ggc caa ctg aaa ttc ctt cgg cat 2544  
Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
835 840 845

ctt gag ctg ata gga ttc cac gag ttg gaa tgc att gga cct gct ttt 2592  
Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Phe  
850 855 860

tat ggt gtt gag att aga aat att gga tca aac agc att atc caa gtg 2640  
Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln Val  
865 870 875 880

ttc ccg tca ttg aaa aaa cta gta ttg acg gat atg cgt agc ctt att 2688  
Phe Pro Ser Leu Lys Lys Leu Val Leu Thr Asp Met Arg Ser Leu Ile  
885 890 895

gag tgg aag gga gat gaa gtt gga gta aga atg tct ccc ggg ctt gag 2736  
Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
900 905 910

aag ttg cgg att aca gac tgt cca ttg tta aaa agt atc ccg aat caa 2784  
Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
915 920 925

ttt gaa atc ctc cgt caa tta gac att aga gga gtt gac agt gaa ata 2832  
Phe Glu Ile Leu Arg Gln Leu Asp Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Ile  
930 935 940

cca ttg tgg aac ttg tgc agc aac ttg aca tct ctc gta aag ctt agt 2880  
Pro Leu Trp Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Ser  
945 950 955 960

gtc tat gat atg aaa gag ctc act tgt ctt cca gat gag atg cta cgt 2928  
Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Met Leu Arg  
965 970 975

aac aac gtt tct ctt caa cag ata atg att ttc gac tgt gga gag ttt 2976  
Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Met Ile Phe Asp Cys Gly Glu Phe  
980 985 990

cgt gaa ttg cca caa agc ttg tac aat ctc cat ttt ctt aag aga tta 3024  
Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Phe Leu Lys Arg Leu  
995 1000 1005

gaa att tac aac tgc acc aat ttc agt tct ctt cct gtt ccc aat 3069  
Glu Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn  
1010 1015 1020

gga gac aac tat ttg act tcc ctc caa ttc ttt cag tta tat aat 3114  
Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Gln Phe Phe Gln Leu Tyr Asn  
1025 1030 1035

tgt gat gga ttg atc agt tta cca att gga atg cta gat caa tgc 3159  
Cys Asp Gly Leu Ile Ser Leu Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
1040 1045 1050

cgg tct cta gag tgt ttg tct gtc agc tgc tgt aac aac ttg gtt 3204  
Arg Ser Leu Glu Cys Leu Ser Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val  
1055 1060 1065

tca ttc cct tta cat gtg tgg gaa atg cct tca ctt tca tat ttg 3249  
Ser Phe Pro Leu His Val Trp Glu Met Pro Ser Leu Ser Tyr Leu  
1070 1075 1080

gtt ata tca gaa tgt ccc aaa ttg att agt gta ccc gaa gtg ggc 3294  
Val Ile Ser Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Glu Val Gly  
1085 1090 1095

ctt cac cgt ctc act ggg tta ttg aga ttg gga att ggt cct ttc 3339  
Leu His Arg Leu Thr Gly Leu Leu Arg Leu Gly Ile Gly Pro Phe  
1100 1105 1110

tca gag atg gtg gat ttt gat gca ttc caa ttg att ttt aat ggc 3384  
Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly  
1115 1120 1125

att cag cag ctg ttg tcc ctt agt gat ctg gag gtg tat gga cat 3429  
 Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu Ser Asp Leu Glu Val Tyr Gly His  
 1130 1135 1140

ggg cac tgg gat tct ctg ccc tat cag ctt atg caa ctc tct gac 3474  
 Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asp  
 1145 1150 1155

cta aga gag atc caa ata gct gat ttc gga att gag gct ctt cca 3519  
 Leu Arg Glu Ile Gln Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro  
 1160 1165 1170

cct aga ctt gac aac ctt act tct ctt gaa agt ttg acg cta gtg 3564  
 Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Val  
 1175 1180 1185

agg tgc aaa cgg cta caa cat ctg aac ttc tca gat gcc atg ccc 3609  
 Arg Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro  
 1190 1195 1200

tca tta cgg ctt ctg tgg ata cgt gat tgt cca ttg tta gaa gct 3654  
 Ser Leu Arg Leu Leu Trp Ile Arg Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala  
 1205 1210 1215

ctg tcg gat gat ctc ggc aac ctt gtt tct ttg gaa gaa tta tat 3699  
 Leu Ser Asp Asp Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr  
 1220 1225 1230

tta ctt gac tgc aaa aaa cta gag ggt cta ccg tcc cga gat gcc 3744  
 Leu Leu Asp Cys Lys Lys Leu Glu Gly Leu Pro Ser Arg Asp Ala  
 1235 1240 1245

atg cga cgc ctc act aaa tta tgg aac ttg gga att aaa ggc tgc 3789  
 Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Leu Gly Ile Lys Gly Cys  
 1250 1255 1260

cca aag tta aaa gaa acg tgg tcc aag att tcc cat att cca aga 3834  
 Pro Lys Leu Lys Glu Thr Trp Ser Lys Ile Ser His Ile Pro Arg  
 1265 1270 1275

att gaa ttt ggt ggg atg ata att aag gac aca tgt aag tgt tgg 3879  
 Ile Glu Phe Gly Gly Met Ile Ile Lys Asp Thr Cys Lys Cys Trp  
 1280 1285 1290

ttt ctc ttt cac ttt ctg aac 3900  
 Phe Leu Phe His Phe Leu Asn  
 1295 1300

<210> 219  
 <211> 1300  
 <212> PRT  
 <213> Solanum berthaultii

<400> 219

Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
1 5 10 15

Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30

Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45

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

Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80

Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95

Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn  
100 105 110

Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
115 120 125

Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
130 135 140

Val Gly Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
145 150 155 160

Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
165 170 175

Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu  
180 185 190

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

Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Lys Met Arg  
210 215 220

Glu Glu Asp Ile Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
225 230 235 240

Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Met  
245 250 255

Lys Gln Ile Phe Lys Lys Arg Ile Trp Leu Cys Leu Pro Glu Met Ser  
260 265 270

Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
275 280 285

Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
290 295 300

Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg  
305 310 315 320

Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asn Thr Leu Arg Gly Ile  
325 330 335

Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Met Lys Trp  
340 345 350

Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
355 360 365

Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
370 375 380

Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met  
385 390 395 400

Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Val Leu Gly Gly Leu Leu His  
405 410 415

Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
420 425 430

Val Ala Ser Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
435 440 445



Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe  
450 455 460

Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
465 470 475 480

Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
485 490 495

Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
500 505 510

Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Asp Val Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
515 520 525

Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
530 535 540

Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
545 550 555 560

Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp  
565 570 575

Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
580 585 590

Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
595 600 605

Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
610 615 620

Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
625 630 635 640

Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
645 650 655

Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
660 665 670

Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser Gly  
675 680 685

His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
690 695 700

Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
705 710 715 720

Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
725 730 735

Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
740 745 750

Glu Glu Ala Gln Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
755 760 765

Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn  
770 775 780

Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
785 790 795 800

Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser  
805 810 815

Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
820 825 830

Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
835 840 845

Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Phe  
850 855 860

Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln Val  
865 870 875 880

Phe Pro Ser Leu Lys Lys Leu Val Leu Thr Asp Met Arg Ser Leu Ile  
885 890 895

Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
900 905 910

Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
915 920 925

Phe Glu Ile Leu Arg Gln Leu Asp Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Ile  
930 935 940

Pro Leu Trp Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Ser  
945 950 955 960

Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Met Leu Arg  
965 970 975

Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Met Ile Phe Asp Cys Gly Glu Phe  
980 985 990

Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Phe Leu Lys Arg Leu  
995 1000 1005

Glu Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn  
1010 1015 1020

Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Gln Phe Phe Gln Leu Tyr Asn  
1025 1030 1035

Cys Asp Gly Leu Ile Ser Leu Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
1040 1045 1050

Arg Ser Leu Glu Cys Leu Ser Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val  
1055 1060 1065

Ser Phe Pro Leu His Val Trp Glu Met Pro Ser Leu Ser Tyr Leu  
1070 1075 1080

Val Ile Ser Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Glu Val Gly  
1085 1090 1095

Leu His Arg Leu Thr Gly Leu Leu Arg Leu Gly Ile Gly Pro Phe  
1100 1105 1110

Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly  
1115 1120 1125

Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu Ser Asp Leu Glu Val Tyr Gly His  
1130 1135 1140

Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asp  
1145 1150 1155

Leu Arg Glu Ile Gln Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro  
1160 1165 1170

Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Val  
1175 1180 1185

Arg Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro  
1190 1195 1200

Ser Leu Arg Leu Leu Trp Ile Arg Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala  
1205 1210 1215

Leu Ser Asp Asp Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr  
1220 1225 1230

Leu Leu Asp Cys Lys Lys Leu Glu Gly Leu Pro Ser Arg Asp Ala  
1235 1240 1245

Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Leu Gly Ile Lys Gly Cys  
1250 1255 1260

Pro Lys Leu Lys Glu Thr Trp Ser Lys Ile Ser His Ile Pro Arg  
1265 1270 1275

Ile Glu Phe Gly Gly Met Ile Ile Lys Asp Thr Cys Lys Cys Trp  
1280 1285 1290

Phe Leu Phe His Phe Leu Asn  
1295 1300

<210> 220

<211> 3900

<212> ДНК

<213> Solanum berthaultii

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(3900)

<400> 220

atg aat tat tgt ctt cct tcg agt act cta caa aca act acc aaa cga 48

Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg

1 5 10 15

aga ctt act ttg aga aga ctt tgt tgc aaa cag ctc agg aag aag act 96

Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr

20 25 30

ttg gtg cag att gca gag gaa gag gaa gca aac aca act atg gcc gat 144

Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp

35 40 45

gct gta att ggt gct act gtt caa gtt ttg ctt gaa aag ttg att tct 192

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

50 55 60

ctc act atc gag gag gtc aac agc tca agg gat ttc aac aaa gat ctc 240

Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu

65 70 75 80

gaa atg ttg aca caa aat gta tct tta atc caa gct ttc att cat gat 288

Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp

85 90 95

ggt gaa aca cca caa gag aaa caa cag tct gtc gaa caa tgg ctc aac 336

Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn

100 105 110

agg ctt gag aga gtt gct gaa gat gct gaa aat gtg ttt gat cga ttc 384

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

115 120 125

aga tat gaa tct ctc aaa aca aaa gtg gtg agg agc cca ttg aaa aag 432

Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys

130 135 140

gtc ggt ggt ttc ttt tct cat act gct ttt aag aga aaa atg tct caa 480

Val Gly Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln

145 150 155 160

aaa atc aac aac atc aat aaa gag ttg acg gct atc aat aag gta gcc 528

Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala

165 170 175

aaa gac ctc ggt cta caa tca ctc atg gta cct tct cgg aaa ata cta 576

Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu

180 185 190

cca att cga gaa aca gat tcc tta gta gtt gct tct gat att gtc ggt 624

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

aga gat ttg gat gtt gct gag ata aag gag aag att ttg aag atg aga 672  
Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Lys Met Arg  
210 215 220

gag gag gat att gtt ctg tcc acc att ccc att gta ggt atg gga ggt 720  
Glu Glu Asp Ile Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
225 230 235 240

tta ggg aaa aca act gtg gct aag agg att tac aat gat gaa cac atg 768  
Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Met  
245 250 255

aag caa atc ttt aaa aag aga att tgg ttg tgt cta cct gaa atg tct 816  
Lys Gln Ile Phe Lys Lys Arg Ile Trp Leu Cys Leu Pro Glu Met Ser  
260 265 270

gaa acg aag agc ttt ctt gaa caa atc ctc gaa tcg ttg ata gag agg 864  
Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
275 280 285

aaa att gag gtt gaa agg aga gat ata ata gtc aag aag cta caa gat 912  
Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
290 295 300

gaa tta gga gga aaa aaa tat ttg cta gtc ctg gat gat ttg tgg cgt 960  
Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg  
305 310 315 320

gtt gac tct aca tcg tgg cat gag ttc gtc aac acc ctg aga gga ata 1008  
Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asn Thr Leu Arg Gly Ile  
325 330 335

aat aca tcc aga gga aac tgc att ctt gtg act act cgt atg aag tgg 1056  
Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Met Lys Trp  
340 345 350

gtg gca tcc aca gta gca aca gat ctt cat atc ttg ggg aag tta aca 1104  
Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
355 360 365

gaa gat cat tgt tgg tct att ttc aaa caa aaa gca ttt gtt gat ggc 1152  
Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
370 375 380

agg gtt cca gag gaa tta gcg agc atg ggc aac aag att gtt aaa atg 1200  
Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met  
385 390 395 400

tgc caa ggt cta ccg ttg gct gca agt gtg ttg gga ggg ctc tta cac 1248  
Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Val Leu Gly Gly Leu Leu His  
405 410 415

aac aaa gaa aaa cat gaa tgg caa gca att ctt gat ggc aac ctc ctt 1296

Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
 420 425 430  
 gtt gca agt gaa gat gat aat gga gaa aat agc ata aag aaa atc cta 1344  
 Val Ala Ser Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
 435 440 445  
 aaa ctc agc tat gat tat cta cca tct cca cat ctg aaa aaa tgc ttt 1392  
 Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe  
 450 455 460  
 gct tac ttt gca atg ttt cca aaa gat tat atg ttt gaa aag gac caa 1440  
 Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
 465 470 475 480  
 cta atc caa ctc tgg atg gca gaa ggg ttt ctt cgt cca agt caa gag 1488  
 Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
 485 490 495  
 atc cct gtg atg gaa gac gtt ggg cac agg ttt ttt caa atc ttg ttg 1536  
 Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
 500 505 510  
 cag aat tcc ttg cta caa gat gat gtg tta cat gaa cac aac aat ata 1584  
 Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Asp Val Leu His Glu His Asn Asn Ile  
 515 520 525  
 aca cac tgc aag atg cac gat ctt gtg cat gat ttg gct gga gat atc 1632  
 Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
 530 535 540  
 tta aaa tct aga cta ttt gat ccg aag ggc gac aat gga gaa aaa ctt 1680  
 Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
 545 550 555 560  
 tct caa gtt cga tac ttt gga tgt gag tca cca gcg gat caa ata gat 1728  
 Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Ala Asp Gln Ile Asp  
 565 570 575  
 aag ata tat gag cca gaa cgt ttg tgc aca ctg ttt tgg aga agc aat 1776  
 Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
 580 585 590  
 tat aca tct aaa gat atg ctg ttg aac ttt aag ttc ttg aga gtt tta 1824  
 Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
 595 600 605  
 gat ttg tcc agt tca gga atc aag gag ttg tca gcc aaa atc ggg aag 1872  
 Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
 610 615 620  
 ctg ata tac ttg aga tat ctt gat ctc tcg aac act gag atc aca gcc 1920  
 Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
 625 630 635 640  
 ttg ccc aac tcc att tgc aag ctc tat aat ttg caa aca ttt aga gtc 1968

Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
 645 650 655  
 atc aac tgc ttt tca ctc cag gaa ctt cca tat gag atg aga aat atg 2016  
 Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
 660 665 670  
 ata agc ttg aga cac ata tat tac act tct gtt gac gaa aca agt ggg 2064  
 Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser Gly  
 675 680 685  
 cat tgg gga gga tgg tgt ctt cac aat gaa cat ttt cag att cca ctt 2112  
 His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
 690 695 700  
 aat atg ggg caa ttg act agt ctt caa acc ctc aag ttt ttc aag gta 2160  
 Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
 705 710 715 720  
 ggt tta gag aaa ggt cgt caa ata gaa gaa tta ggt cat ttg aaa aac 2208  
 Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
 725 730 735  
 cta aga ggt gaa ttg acg atc aat ggt ctc caa ttg gtc tgt gat aaa 2256  
 Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
 740 745 750  
 gaa gag gct caa aca gca tat tta cac gat aaa cca aac atc tgc aag 2304  
 Glu Glu Ala Gln Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
 755 760 765  
 ctg gca tat tta tgg tcc cat gat gaa tca gaa ggc tgt gag atc aat 2352  
 Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn  
 770 775 780  
 gat gag cat gtg ttg gat ggt ctt caa ccg cat cct aac ttg aaa acc 2400  
 Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
 785 790 795 800  
 tta gca gta gtg gac tat tta ggg act aaa ttt cct tca tgg ttc agt 2448  
 Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser  
 805 810 815  
 gaa gag tct cta cca aat ttg gtc aag ttg aaa tta agt ggt agc aaa 2496  
 Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
 820 825 830  
 agg tgc aaa gaa att cca tcc ctt ggc caa ctg aaa ttc ctt cgg cat 2544  
 Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
 835 840 845  
 ctt gag ctg ata gga ttc cac gag ttg gaa tgc att gga cct gct ttt 2592  
 Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Phe  
 850 855 860  
 tat ggt gtt gag att aga aat att gga tca aac agc att atc caa gtg 2640



Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln Val  
 865 870 875 880  
  
 ttc ccg tca ttg aaa aaa cta gta ttg acg gat atg cgt agc ctt att 2688  
 Phe Pro Ser Leu Lys Lys Leu Val Leu Thr Asp Met Arg Ser Leu Ile  
 885 890 895  
  
 gag tgg aag gga gat gaa gtt gga gta aga atg tct ccc ggg ctt gag 2736  
 Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
 900 905 910  
  
 aag ttg cgg att aca gac tgt cca ttg tta aaa agt atc ccg aat caa 2784  
 Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
 915 920 925  
  
 ttt gaa atc ctc cgt caa tta gac att aga gga gtt gac agt gaa ata 2832  
 Phe Glu Ile Leu Arg Gln Leu Asp Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Ile  
 930 935 940  
  
 cca ttg ttg aac ttg tgc agc aac ttg aca tct ctc gta aag ctt agt 2880  
 Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Ser  
 945 950 955 960  
  
 gtc tat gat atg aaa gag ctc act tgt ctt cca gat gag atg cta cgt 2928  
 Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Met Leu Arg  
 965 970 975  
  
 aac aac gtt tct ctt caa cag ata atg att ttc gac tgc gga gag ttt 2976  
 Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Met Ile Phe Asp Cys Gly Glu Phe  
 980 985 990  
  
 cgt gaa ttg cca caa agc ttg tac aat ctc cat ttt ctt aag aga tta 3024  
 Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Phe Leu Lys Arg Leu  
 995 1000 1005  
  
 gaa att tac aac tgc acc aat ttc agt tct ctt cct gtt ccc aat 3069  
 Glu Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn  
 1010 1015 1020  
  
 gga gac aac tat ttg act tcc ctc caa ttc ttt cag tta tat aat 3114  
 Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Gln Phe Phe Gln Leu Tyr Asn  
 1025 1030 1035  
  
 tgt gat gga ttg atc agt tta cca att gga atg cta gat caa tgc 3159  
 Cys Asp Gly Leu Ile Ser Leu Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
 1040 1045 1050  
  
 cgg tct cta gag tgt ttg tct gtc agc tgc tgt aac aac ttg gtt 3204  
 Arg Ser Leu Glu Cys Leu Ser Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val  
 1055 1060 1065  
  
 tca ttc cct tta cat gtg tgg gaa atg cct tca ctt tca tat ttg 3249  
 Ser Phe Pro Leu His Val Trp Glu Met Pro Ser Leu Ser Tyr Leu  
 1070 1075 1080  
  
 gtt ata tca gaa tgt ccc aaa ttg att agt gta ccc gaa gtg ggc 3294

Val Ile Ser Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Glu Val Gly  
1085 1090 1095

ctt cac cgt ctc act ggg tta ttg aga ttg gga att ggt cct ttc 3339  
Leu His Arg Leu Thr Gly Leu Leu Arg Leu Gly Ile Gly Pro Phe  
1100 1105 1110

tca gag atg gtg gat ttt gat gca ttc caa ttg att ttt aat ggc 3384  
Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly  
1115 1120 1125

att cag cag ctg ttg tcc ctt agt gat ctg gag gtg tat gga cat 3429  
Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu Ser Asp Leu Glu Val Tyr Gly His  
1130 1135 1140

ggg cac tgg gat tct ctg ccc tat cag ctt atg caa ctc tct gac 3474  
Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asp  
1145 1150 1155

cta aga gag atc caa ata gct gat ttc gga att gag gct ctt cca 3519  
Leu Arg Glu Ile Gln Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro  
1160 1165 1170

cct aga ctt gac aac ctt act tct ctt gaa agt ttg acg cta gtg 3564  
Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Val  
1175 1180 1185

agg tgc aaa cgg cta caa cat ctg aac ttc tca gat gcc atg ccc 3609  
Arg Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro  
1190 1195 1200

tca tta cgg ctt ctg tgg ata cgt gat tgt cca ttg tta gaa gct 3654  
Ser Leu Arg Leu Leu Trp Ile Arg Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala  
1205 1210 1215

ctg tcg gat gat ctc ggc aac ctt gtt tct ttg gaa gaa tta tat 3699  
Leu Ser Asp Asp Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr  
1220 1225 1230

tta ctt gac tgc aaa aaa cta gag ggt cta ccg tcc cga gat gcc 3744  
Leu Leu Asp Cys Lys Lys Leu Glu Gly Leu Pro Ser Arg Asp Ala  
1235 1240 1245

atg cga cgc ctc act aaa tta tgg aac ttg gga att aaa ggc tgc 3789  
Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Leu Gly Ile Lys Gly Cys  
1250 1255 1260

cca aag tta aaa gaa acg tgg tcc aag att tcc cat att cca aga 3834  
Pro Lys Leu Lys Glu Thr Trp Ser Lys Ile Ser His Ile Pro Arg  
1265 1270 1275

att gaa ttt ggt ggg atg ata att aag gac aca trt aag tgt tgg 3879  
Ile Glu Phe Gly Gly Met Ile Ile Lys Asp Thr Xaa Lys Cys Trp  
1280 1285 1290

ttt ctc ttt cac ttt ctg aac 3900

Phe Leu Phe His Phe Leu Asn  
1295 1300

<210> 221  
<211> 1300  
<212> PRT  
<213> Solanum berthaultii

<220>  
<221> зміш\_категорія  
<222> (1290)..(1290)  
<223> 'Хаа' у позиції 1290 означає Cys, або Tyr.

<400> 221

Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
1 5 10 15

Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30

Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45

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

Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80

Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95

Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn  
100 105 110

Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
115 120 125

Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
130 135 140

Val Gly Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
145 150 155 160

Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
165 170 175

Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu  
180 185 190

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

Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Lys Met Arg  
210 215 220

Glu Glu Asp Ile Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
225 230 235 240

Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Met  
245 250 255

Lys Gln Ile Phe Lys Lys Arg Ile Trp Leu Cys Leu Pro Glu Met Ser  
260 265 270

Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
275 280 285

Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
290 295 300

Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg  
305 310 315 320

Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asn Thr Leu Arg Gly Ile  
325 330 335

Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Met Lys Trp  
340 345 350

Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
355 360 365

Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
370 375 380

Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met  
385 390 395 400

Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Val Leu Gly Gly Leu Leu His  
405 410 415

Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
420 425 430

Val Ala Ser Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
435 440 445

Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe  
450 455 460

Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
465 470 475 480

Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
485 490 495

Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
500 505 510

Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Asp Val Leu His Glu His Asn Asn Ile  
515 520 525

Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
530 535 540

Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
545 550 555 560

Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Ala Asp Gln Ile Asp  
565 570 575

Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
580 585 590

Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
595 600 605

Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
610 615 620

Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
625 630 635 640

Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
645 650 655

Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
660 665 670

Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser Gly  
675 680 685

His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
690 695 700

Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
705 710 715 720

Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
725 730 735

Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
740 745 750

Glu Glu Ala Gln Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
755 760 765

Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn  
770 775 780

Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
785 790 795 800

Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser  
805 810 815

Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
820 825 830

Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
835 840 845

Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Phe  
850 855 860

Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln Val  
865 870 875 880

Phe Pro Ser Leu Lys Lys Leu Val Leu Thr Asp Met Arg Ser Leu Ile  
885 890 895

Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
900 905 910

Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
915 920 925

Phe Glu Ile Leu Arg Gln Leu Asp Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Ile  
930 935 940

Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Ser  
945 950 955 960

Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Met Leu Arg  
965 970 975

Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Met Ile Phe Asp Cys Gly Glu Phe  
980 985 990

Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Phe Leu Lys Arg Leu  
995 1000 1005

Glu Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn  
1010 1015 1020

Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Gln Phe Phe Gln Leu Tyr Asn  
1025 1030 1035

Cys Asp Gly Leu Ile Ser Leu Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
1040 1045 1050

Arg Ser Leu Glu Cys Leu Ser Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val  
1055 1060 1065

Ser Phe Pro Leu His Val Trp Glu Met Pro Ser Leu Ser Tyr Leu  
1070 1075 1080

Val Ile Ser Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Glu Val Gly  
1085 1090 1095

Leu His Arg Leu Thr Gly Leu Leu Arg Leu Gly Ile Gly Pro Phe  
1100 1105 1110

Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly  
1115 1120 1125

Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu Ser Asp Leu Glu Val Tyr Gly His  
1130 1135 1140

Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asp  
1145 1150 1155

Leu Arg Glu Ile Gln Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro  
1160 1165 1170

Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Val  
1175 1180 1185

Arg Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro  
1190 1195 1200

Ser Leu Arg Leu Leu Trp Ile Arg Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala  
1205 1210 1215

Leu Ser Asp Asp Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr  
1220 1225 1230

Leu Leu Asp Cys Lys Lys Leu Glu Gly Leu Pro Ser Arg Asp Ala  
1235 1240 1245

Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Leu Gly Ile Lys Gly Cys  
1250 1255 1260



Pro Lys Leu Lys Glu Thr Trp Ser Lys Ile Ser His Ile Pro Arg  
1265 1270 1275

Ile Glu Phe Gly Gly Met Ile Ile Lys Asp Thr Xaa Lys Cys Trp  
1280 1285 1290

Phe Leu Phe His Phe Leu Asn  
1295 1300

<210> 222  
<211> 3900  
<212> ДНК  
<213> Solanum berthaultii

<220>  
<221> CDS  
<222> (1)..(3900)

<400> 222  
atg aat tat tgt ctt cct tcg agt act cta caa aca act acc aaa cga 48  
Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
1 5 10 15  
aga ctt act ttg aga aga ctt tgt tgc aaa cag ctc agg aag aag act 96  
Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
20 25 30  
ttg gtg cag att gca gag gaa gag gaa gca aac aca act atg gcc gat 144  
Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
35 40 45  
gct gta att ggt gct act gtt caa gtt ttg ctt gaa aag ttg att tct 192  
Ala Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser  
50 55 60  
ctc act atc gag gag gtc aac agc tca agg gat ttc aac aaa gat ctc 240  
Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
65 70 75 80  
gaa atg ttg aca caa aat gta tct tta atc caa gct ttc att cat gat 288  
Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95  
gtt gaa aca cca caa gag aaa caa cag tct gtc gaa cac tgg ctc aac 336  
Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu His Trp Leu Asn  
100 105 110  
agg ctt gag aga gtt gct gaa gat gct gaa aat gtg ttt gat cga ttc 384  
Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
115 120 125  
aga tat gaa tct ctc aaa aca aaa gtg gtg agg agc cca ttg aaa aag 432

Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
130 135 140

gtc agt ggt ttc ttt tct cat act gct ttt aag aga aaa atg tct caa 480  
Val Ser Gly Phe Phe Ser His Thr Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
145 150 155 160

aaa atc aac aac atc aat aaa gag ttg acg gct atc aat aag gta gcc 528  
Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
165 170 175

aaa gac ctc ggt cta caa tca ctc atg gta cct tct cgg aaa ata cta 576  
Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu  
180 185 190

cca att cga gaa aca gat tcc ttc gta ggt gct tct gat gtt gtt ggt 624  
Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Phe Val Gly Ala Ser Asp Val Val Gly  
195 200 205

aga gat tta gat gtt gct gag ata aag gag aag att ttg aag atg aga 672  
Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Lys Met Arg  
210 215 220

gag gag gat gtt gtt ctg tcc acc att ccc ata gta ggt atg gga ggt 720  
Glu Glu Asp Val Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
225 230 235 240

tta ggg aaa aca act gtg gct aag agg att tac aat gat gaa cac atc 768  
Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Ile  
245 250 255

aag caa atc ttt aaa gag aga att tgg ttg tgt ata cct gaa atg tct 816  
Lys Gln Ile Phe Lys Glu Arg Ile Trp Leu Cys Ile Pro Glu Met Ser  
260 265 270

gaa acg aag agc ttt ctt gaa caa atc ctc gaa tcg ttg ata gag agg 864  
Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
275 280 285

aaa att gag gtt gaa agg aga gat ata ata gtc aag aag cta caa gat 912  
Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
290 295 300

gaa ttg gga gga aaa aaa tat ttg cta gtc ctg gat gat ttg tgg cgt 960  
Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg  
305 310 315 320

gtt gac tct aca tcg tgg cat gag ttc gtc gac acc ctg aga gga ata 1008  
Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asp Thr Leu Arg Gly Ile  
325 330 335

aat aca tcc aga gga aac tgc att ctt gtg act act cgt atg aag cgg 1056  
Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Arg Met Lys Arg  
340 345 350

gtg gca tcc aca gta gca aca gat ctt cat atc ttg ggg aag tta aca 1104

Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
355 360 365

gaa gat cat tgt tgg tct att ttc aaa caa aaa gca ttt gtt gat ggc 1152  
Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
370 375 380

agg gtt cca gag gaa tta gcg agc atg ggc aac act att gtt aaa atg 1200  
Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Thr Ile Val Lys Met  
385 390 395 400

tgc caa ggt cta ccg ttg gct gca agt gca ttg gga ggg ctc tta cac 1248  
Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Ala Leu Gly Gly Leu Leu His  
405 410 415

aac aaa gaa aaa cat gaa tgg caa gca att ctt gat ggc aac ctc ctt 1296  
Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
420 425 430

gtt gca ggt gaa gat gat aat gga gaa aat agc ata aag aaa atc cta 1344  
Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
435 440 445

aaa ctc agc tat gat tat cta cca tct cca cat ctg aaa caa tgc ttt 1392  
Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Gln Cys Phe  
450 455 460

gct tac ttt gca atg ttt cca aaa gat tat atg ttt gaa aag gac caa 1440  
Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
465 470 475 480

cta atc caa ctc tgg atg gca gaa ggg ttt ctt cgt cca agt caa gag 1488  
Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
485 490 495

atc cct gtg atg gaa gac gtt ggg cac agg ttt ttt caa atc ttg ttg 1536  
Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
500 505 510

cag aat tcc ttg cta caa gat gtt gtg tta gat gaa cac aac aat ata 1584  
Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Val Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
515 520 525

aca cac tgt aag atg cac gat ctt gtg cat gat ttg gct gga gat atc 1632  
Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
530 535 540

tta aaa tct aga cta ttt gat ccg aag ggc gac aat gga gaa aaa ctt 1680  
Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
545 550 555 560

tct caa gtt cga tac ttt gga tgt gag tca cca aag gat caa ata gat 1728  
Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Lys Asp Gln Ile Asp  
565 570 575

aag ata tat gag cca gaa cgt ttg tgc aca ctg ttt tgg aga agc aat 1776

Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
 580 585 590  
 tat aca tct aaa gat atg ctg ttg aac ttt aag ttc ttg aga gtt tta 1824  
 Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
 595 600 605  
 gat ttg tcc agt tca gga atc aag gag ttg tca gcc aaa atc ggg aag 1872  
 Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
 610 615 620  
 ctg ata tac ttg aga tat ctt gat ctc tcg aac act gag atc aca gcc 1920  
 Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
 625 630 635 640  
 ttg ccc aac tcc att tgc aag ctc tat aat ttg caa aca ttt aga gtc 1968  
 Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
 645 650 655  
 atc aac tgc ttt tca ctc cag gaa ctt cca tat gag atg aga aat atg 2016  
 Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met  
 660 665 670  
 ata agc ttg aga cac ata tat tac act tct gtt gac gaa aca agt ggg 2064  
 Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser Gly  
 675 680 685  
 cat tgg gga gga tgg tgt ctt cac aat gaa cat ttt cag att cca ctt 2112  
 His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu  
 690 695 700  
 aat atg ggg caa ttg act agt ctt caa acc ctc aag ttt ttc aag gta 2160  
 Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val  
 705 710 715 720  
 ggt tta gag aaa ggt cgt caa ata gaa gaa tta ggt cat ttg aaa aac 2208  
 Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
 725 730 735  
 cta aga ggt gaa ttg acg atc aat ggt ctc caa ttg gtc tgt gat aaa 2256  
 Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
 740 745 750  
 gaa gag gct caa aca gca tat tta cac gat aaa cca aac atc tgc aag 2304  
 Glu Glu Ala Gln Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys  
 755 760 765  
 ctg gca tat tta tgg tcc cat gat gaa tca gaa ggc tgt gag atc aat 2352  
 Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn  
 770 775 780  
 gat gag cat gtg ttg gat ggt ctt caa ccg cat cct aac ttg aaa acc 2400  
 Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
 785 790 795 800  
 tta gca gta gtg gac tat tta ggg act aaa ttt cct tca tgg ttc agt 2448

Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser  
 805 810 815  
 gaa gag tct cta cca aat ttg gtc aag ttg aaa tta agt ggt agc aaa 2496  
 Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
 820 825 830  
 agg tgc aaa gaa att cca tcc ctt ggc caa ctg aaa ttc ctt cgg cat 2544  
 Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
 835 840 845  
 ctt gag ctg ata gga ttc cac gag ttg gaa tgc att gga cct gct ttt 2592  
 Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Phe  
 850 855 860  
 tat ggt gtt gag att aga aat att gga tca aac agc att atc caa gtg 2640  
 Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln Val  
 865 870 875 880  
 ttc ccg tca ttg aaa aaa cta gta ttg acg gat atg cgt agc ctt att 2688  
 Phe Pro Ser Leu Lys Lys Leu Val Leu Thr Asp Met Arg Ser Leu Ile  
 885 890 895  
 gag tgg aag gga gat gaa gtt gga gta aga atg tct ccc ggg ctt gag 2736  
 Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
 900 905 910  
 aag ttg cgg att aca gac tgt cca ttg tta aaa agt atc ccg aat caa 2784  
 Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
 915 920 925  
 ttt gaa atc ctc cgt caa tta gac att aga gga gtt gac agt gaa ata 2832  
 Phe Glu Ile Leu Arg Gln Leu Asp Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Ile  
 930 935 940  
 cca ttg ttg aac ttg tgc agc aac ttg aca tct ctc gta aag ctt agt 2880  
 Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Ser  
 945 950 955 960  
 gtc tat gat atg aaa gag ctc act tgt ctt cca gat gag atg cta cgt 2928  
 Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Met Leu Arg  
 965 970 975  
 aac aac gtt tct ctt caa cag ata atg att ttc gac tgt gga gag ttt 2976  
 Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Met Ile Phe Asp Cys Gly Glu Phe  
 980 985 990  
 cgt gaa ttg cca caa agc ttg tac aat ctc cat ttt ctt aag aga tta 3024  
 Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Phe Leu Lys Arg Leu  
 995 1000 1005  
 gaa att tac aac tgc acc aat ttc agt tct ctt cct gtt ccc aat 3069  
 Glu Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn  
 1010 1015 1020  
 gga gac aac tat ttg act tcc ctc caa ttc ttt cag tta tat aat 3114

Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Gln Phe Phe Gln Leu Tyr Asn  
1025 1030 1035

tgt gat gga ttg atc agt tta cca att gga atg cta gat caa tgc 3159  
Cys Asp Gly Leu Ile Ser Leu Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
1040 1045 1050

cgg tct cta gag tgt ttg tct gtc agc tgc tgt aac aac ttg gtt 3204  
Arg Ser Leu Glu Cys Leu Ser Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val  
1055 1060 1065

tca ttc cct tta cat gtg tgg gaa atg cct tca ctt tca tat ttg 3249  
Ser Phe Pro Leu His Val Trp Glu Met Pro Ser Leu Ser Tyr Leu  
1070 1075 1080

gtt ata tca gaa tgt ccc aaa ttg att agt gta ccc gaa gtg ggc 3294  
Val Ile Ser Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Glu Val Gly  
1085 1090 1095

ctt cac cgt ctc act ggg tta ttg aga ttg gga att ggt cct ttc 3339  
Leu His Arg Leu Thr Gly Leu Leu Arg Leu Gly Ile Gly Pro Phe  
1100 1105 1110

tca gag atg gtg gat ttt gat gca ttc caa ttg att ttt aat ggc 3384  
Ser Glu Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly  
1115 1120 1125

att cag cag ctg ttg tcc ctt agt gat ctg gag gtg tat gga cat 3429  
Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu Ser Asp Leu Glu Val Tyr Gly His  
1130 1135 1140

ggg cac tgg gat tct ctg ccc tat cag ctt atg caa ctc tct gac 3474  
Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Leu Met Gln Leu Ser Asp  
1145 1150 1155

cta aga gag atc caa ata gct gat ttc gga att gag gct ctt cca 3519  
Leu Arg Glu Ile Gln Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro  
1160 1165 1170

cct aga ctt gac aac ctt act tct ctt gaa agt ttg acg cta gtg 3564  
Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Val  
1175 1180 1185

agg tgc aaa cgg cta caa cat ctg aac ttc tca gat gcc atg ccc 3609  
Arg Cys Lys Arg Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro  
1190 1195 1200

tca tta cgg ctt ctg tgg ata cgt gat tgt cca ttg tta gaa gct 3654  
Ser Leu Arg Leu Leu Trp Ile Arg Asp Cys Pro Leu Leu Glu Ala  
1205 1210 1215

ctg tcg gat gat ctc ggc aac ctt gtt tct ttg gaa gaa tta tat 3699  
Leu Ser Asp Asp Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr  
1220 1225 1230

tta ctt gac tgc aaa aaa cta gag ggt cta ccg tcc cga gat gcc 3744

Leu Leu Asp Cys Lys Lys Leu Glu Gly Leu Pro Ser Arg Asp Ala  
 1235 1240 1245  
  
 atg cga cgc ctc act aaa tta tgg aac ttg gga att aaa ggc tgc 3789  
 Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Leu Gly Ile Lys Gly Cys  
 1250 1255 1260  
  
 cca aag tta aaa gaa acg tgg tcc aag att tcc cat att cca aga 3834  
 Pro Lys Leu Lys Glu Thr Trp Ser Lys Ile Ser His Ile Pro Arg  
 1265 1270 1275  
  
 att gaa ttt ggt ggg atg ata att aag gac aca tgt aag tgt tgg 3879  
 Ile Glu Phe Gly Gly Met Ile Ile Lys Asp Thr Cys Lys Cys Trp  
 1280 1285 1290  
  
 ttt ctc ttt cac ttt ctg aac 3900  
 Phe Leu Phe His Phe Leu Asn  
 1295 1300  
  
 <210> 223  
 <211> 1300  
 <212> PRT  
 <213> Solanum berthaultii  
  
 <400> 223  
  
 Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
 1 5 10 15  
  
 Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
 20 25 30  
  
 Leu Val Gln Ile Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
 35 40 45  
  
 Ala Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser  
 50 55 60  
  
 Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
 65 70 75 80  
  
 Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
 85 90 95  
  
 Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu His Trp Leu Asn  
 100 105 110  
  
 Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe

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



340            345            350  
 Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
 355            360            365  
 Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
 370            375            380  
 Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Thr Ile Val Lys Met  
 385            390            395            400  
 Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Ala Leu Gly Gly Leu Leu His  
 405            410            415  
 Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
 420            425            430  
 Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
 435            440            445  
 Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Gln Cys Phe  
 450            455            460  
 Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
 465            470            475            480  
 Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
 485            490            495  
 Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
 500            505            510  
 Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Val Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
 515            520            525  
 Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
 530            535            540  
 Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asn Gly Glu Lys Leu  
 545            550            555            560  
 Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Lys Asp Gln Ile Asp

565	570	575
Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn		
580	585	590
Tyr Thr Ser Lys Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu		
595	600	605
Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys		
610	615	620
Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala		
625	630	635
		640
Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val		
645	650	655
Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Glu Leu Pro Tyr Glu Met Arg Asn Met		
660	665	670
Ile Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Glu Thr Ser Gly		
675	680	685
His Trp Gly Gly Trp Cys Leu His Asn Glu His Phe Gln Ile Pro Leu		
690	695	700
Asn Met Gly Gln Leu Thr Ser Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Val		
705	710	715
		720
Gly Leu Glu Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn		
725	730	735
Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys		
740	745	750
Glu Glu Ala Gln Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Cys Lys		
755	760	765
Leu Ala Tyr Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn		
770	775	780
Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr		

785            790            795            800  
 Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser  
               805                810                815  
 Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
               820                825                830  
 Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
               835                840                845  
 Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Phe  
               850                855                860  
 Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln Val  
 865                870                875                880  
 Phe Pro Ser Leu Lys Lys Leu Val Leu Thr Asp Met Arg Ser Leu Ile  
               885                890                895  
 Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Ser Pro Gly Leu Glu  
               900                905                910  
 Lys Leu Arg Ile Thr Asp Cys Pro Leu Leu Lys Ser Ile Pro Asn Gln  
               915                920                925  
 Phe Glu Ile Leu Arg Gln Leu Asp Ile Arg Gly Val Asp Ser Glu Ile  
               930                935                940  
 Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Lys Leu Ser  
 945                950                955                960  
 Val Tyr Asp Met Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Met Leu Arg  
               965                970                975  
 Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Met Ile Phe Asp Cys Gly Glu Phe  
               980                985                990  
 Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Phe Leu Lys Arg Leu  
               995                1000                1005  
 Glu Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn

1010	1015	1020
Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser	Leu Gln Phe Phe Gln	Leu Tyr Asn
1025	1030	1035
Cys Asp Gly Leu Ile Ser Leu	Pro Ile Gly Met Leu	Asp Gln Cys
1040	1045	1050
Arg Ser Leu Glu Cys Leu Ser	Val Ser Cys Cys Asn	Asn Leu Val
1055	1060	1065
Ser Phe Pro Leu His Val Trp	Glu Met Pro Ser Leu	Ser Tyr Leu
1070	1075	1080
Val Ile Ser Glu Cys Pro Lys	Leu Ile Ser Val Pro	Glu Val Gly
1085	1090	1095
Leu His Arg Leu Thr Gly Leu	Leu Arg Leu Gly Ile	Gly Pro Phe
1100	1105	1110
Ser Glu Met Val Asp Phe Asp	Ala Phe Gln Leu Ile	Phe Asn Gly
1115	1120	1125
Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu	Ser Asp Leu Glu Val	Tyr Gly His
1130	1135	1140
Gly His Trp Asp Ser Leu Pro	Tyr Gln Leu Met Gln	Leu Ser Asp
1145	1150	1155
Leu Arg Glu Ile Gln Ile Ala	Asp Phe Gly Ile Glu	Ala Leu Pro
1160	1165	1170
Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr	Ser Leu Glu Ser Leu	Thr Leu Val
1175	1180	1185
Arg Cys Lys Arg Leu Gln His	Leu Asn Phe Ser Asp	Ala Met Pro
1190	1195	1200
Ser Leu Arg Leu Leu Trp Ile	Arg Asp Cys Pro Leu	Leu Glu Ala
1205	1210	1215
Leu Ser Asp Asp Leu Gly Asn	Leu Val Ser Leu Glu	Glu Leu Tyr

```

1220      1225      1230

Leu Leu Asp Cys Lys Lys Leu Glu Gly Leu Pro Ser Arg Asp Ala
1235      1240      1245

Met Arg Arg Leu Thr Lys Leu Trp Asn Leu Gly Ile Lys Gly Cys
1250      1255      1260

Pro Lys Leu Lys Glu Thr Trp Ser Lys Ile Ser His Ile Pro Arg
1265      1270      1275

Ile Glu Phe Gly Gly Met Ile Ile Lys Asp Thr Cys Lys Cys Trp
1280      1285      1290

Phe Leu Phe His Phe Leu Asn
1295      1300

<210> 224
<211> 3912
<212> ДНК
<213> Solanum berthaultii

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(3912)

<400> 224
atg aat tat tgt ctt cct tcg agt act cta caa aca act acc aaa cga   48
Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg
1      5      10      15

aga ctt act ttg aga aga ctt tgt tgc aaa cag ctc agg aag aag act   96
Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr
20      25      30

ttg gtg cag act gca gag gaa gag gaa gca aac aca act atg gcc gat   144
Leu Val Gln Thr Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp
35      40      45

cct gta att ggt gct act gtt caa gtt ttg ctt gaa aag ttg att tct   192
Pro Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser
50      55      60

ctc act atc gag gag gtc aac agc tca agg gat ttc aac aaa gat ctc   240
Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu
65      70      75      80

gaa atg ttg aca caa aat gta tct tta atc caa gct ttc att cat gat   288
Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp

```

85	90	95	
ggt gaa aca cca caa gag aaa caa cag tct gtc gaa caa tgg ctc aac 336			
Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn			
100	105	110	
agg ctt gag aga gtt gct gaa gat gct gaa aat gtg ttt gat cga ttc 384			
Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe			
115	120	125	
aga tat gaa tct ctc aaa aca aaa gtg gtg agg agc cca ttg aaa aag 432			
Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys			
130	135	140	
gtc ggt ggt ttc ttt tct cat att gct ttt aag aga aaa atg tct caa 480			
Val Gly Gly Phe Phe Ser His Ile Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln			
145	150	155	160
aaa atc aac aac atc aat aaa gag ttg acg gct atc aat aag gta gcc 528			
Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala			
165	170	175	
aaa gac ctc ggt cta caa tca ctc atg gta cct tct cgg aaa ata cta 576			
Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu			
180	185	190	
cca att cga gaa aca gat tcc tta gta gtt gct tct gat att gtc ggt 624			
Pro Ile Arg Glu Thr Asp Ser Leu Val Val Ala Ser Asp Ile Val Gly			
195	200	205	
aga gat ttg gat gtt gct gag ata aag gag aag att ttg aag atg aga 672			
Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Lys Met Arg			
210	215	220	
gag gag gat att gtt ctg tcc acc att ccc att gta ggt atg gga ggt 720			
Glu Glu Asp Ile Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly			
225	230	235	240
tta ggg aaa aca act gtg gct aag agg att tac aat gat gaa cac atg 768			
Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Met			
245	250	255	
aag caa atc ttt aaa aag aga att tgg ttg tgt cta cct gaa atg tct 816			
Lys Gln Ile Phe Lys Lys Arg Ile Trp Leu Cys Leu Pro Glu Met Ser			
260	265	270	
gaa acg aag agc ttt ctt gaa caa atc ctc gaa tcg ttg ata gag agg 864			
Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg			
275	280	285	
aaa att gag gtt gaa agg aga gat ata ata gtc aag aag cta caa gat 912			
Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp			
290	295	300	
gaa ttg gga gga aaa aaa tat ttg cta gtc ctg gat gat ttg tgg cgt 960			
Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg			

305            310            315            320

ggt gac tct aca tcg tgg cat gag ttc gtc gac acc ctg aga gga ata    1008  
Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asp Thr Leu Arg Gly Ile  
                 325            330            335

aat aca tcc aga gga aac tgc att ctt gtg act act tgt agg aag cag    1056  
Asn Thr Ser Arg Gly Asn Cys Ile Leu Val Thr Thr Cys Arg Lys Gln  
                 340            345            350

gtg gca tcc aca gta gca aca gat ctt cat atc ttg ggg aag tta aca    1104  
Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
                 355            360            365

gaa gat cat tgt tgg tct att ttc aaa caa aaa gca ttt gtt gat ggc    1152  
Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
                 370            375            380

agg gtt cca gag gaa tta gcg agc atg ggc aac aag att gtt aaa atg    1200  
Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met  
385            390            395            400

tgc caa ggt cta ccg ttg gct gca agt gcg ttg gga ggg ctc tta cac    1248  
Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Ala Leu Gly Gly Leu Leu His  
                 405            410            415

aac aaa gaa aaa cat gaa tgg caa gca att ctt gat ggc aac ctc ctt    1296  
Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
                 420            425            430

gtt gca ggt gaa gat gat aat gga gaa aat agc ata aag aaa atc cta    1344  
Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
                 435            440            445

aaa ctc agc tat gat tat cta cca tct cca cat ctg aaa aaa tgc ttt    1392  
Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe  
                 450            455            460

gct tac ttt gca atg ttt cca aaa gat tat atg ttt gaa aag gac caa    1440  
Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
465            470            475            480

cta atc caa ctc tgg atg gca gaa gga ttt ctt cgt cca agt caa gag    1488  
Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
                 485            490            495

atc cct gtg atg gaa gac gtt ggg cac agg ttt ttt caa atc ttg ttg    1536  
Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
                 500            505            510

cag aat tcc ttg cta caa gat gtt gtg tta gat gaa cac aac aat ata    1584  
Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Val Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
                 515            520            525

aca cac tgt aag atg cac gat ctt gtg cat gat ttg gct gga gat atc    1632  
Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile

530            535            540  
 tta aaa tct aga cta ttt gat ccg aag ggc gac gat gga gaa aaa ctt 1680  
 Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asp Gly Glu Lys Leu  
 545            550            555            560  
 tct caa gtt cga tac ttt gga tgt gag tca cca acg gat caa ata gat 1728  
 Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp  
 565            570            575  
 aag ata tat gag cca gaa cgt ttg tgc aca ctg ttt tgg aga agc aat 1776  
 Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
 580            585            590  
 tat aca tct gaa gat atg ctg ttg aac ttt aag ttc ttg aga gtt tta 1824  
 Tyr Thr Ser Glu Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
 595            600            605  
 gat ttg tcc agt tca gga atc aag gag ttg tca gcc aaa atc ggg aag 1872  
 Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
 610            615            620  
 ctg ata tac ttg aga tat ctt gat ctc tcg aac act gag atc aca gcc 1920  
 Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
 625            630            635            640  
 ttg ccc aac tcc att tgc aag ctc tat aat ttg caa aca ttt aga gtc 1968  
 Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
 645            650            655  
 atc aac tgc ttt tca ctc cag aaa ctt cca tat gag atg gga aat atg 2016  
 Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Lys Leu Pro Tyr Glu Met Gly Asn Met  
 660            665            670  
 gta agt ttg aga cac ata tat tac act tct gtt gac aaa aga aat gag 2064  
 Val Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Lys Arg Asn Glu  
 675            680            685  
 cat tgg gga gga tgg tgt att ctc aat gaa cgt ttt cag atg cca ctt 2112  
 His Trp Gly Gly Trp Cys Ile Leu Asn Glu Arg Phe Gln Met Pro Leu  
 690            695            700  
 aag atg cga caa tta act tgt ctt caa acc ctc aag ttt ttc aag ata 2160  
 Lys Met Arg Gln Leu Thr Cys Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Ile  
 705            710            715            720  
 ggt tta aag aaa ggt cgt caa ata gaa gaa tta ggt cat ttg aaa aac 2208  
 Gly Leu Lys Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
 725            730            735  
 cta aga ggt gaa ttg acg atc aat ggt ctc caa ttg gtc tgt gat aaa 2256  
 Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
 740            745            750  
 gaa gag gct cga aca gca tat tta cac gat aaa cca aac atc ttc aag 2304  
 Glu Glu Ala Arg Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Phe Lys



755	760	765	
ctg gca ttt tta tgg tcc cac gat gaa tca gaa ggc tgt gag atc aat 2352			
Leu Ala Phe Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn			
770	775	780	
gat gag cat gtg ttg gat ggt ctt caa ccg cat cct aac ttg aaa acc 2400			
Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr			
785	790	795	800
tta gca gta gtg gac tat tta ggg act aaa ttt cct tca tgg ttc agt 2448			
Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser			
805	810	815	
gaa gag tcg cta cca aat ttg gtt aag ttg aaa tta agt ggt agc aaa 2496			
Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys			
820	825	830	
agg tgc aaa gaa att cca tcc ctt ggc caa ctg aaa ttc ctt cgg cat 2544			
Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His			
835	840	845	
ctt gag ctg ata gga ttc cat gag ttg gaa tgc att gga cct gct tta 2592			
Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Leu			
850	855	860	
tat ggt gtt gag att aga aat att gga tca aac agc att atc caa gtg 2640			
Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln Val			
865	870	875	880
ttc ccg tca ttg aaa gaa cta gta ttg gag gat atg cgt agc ctt att 2688			
Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val Leu Glu Asp Met Arg Ser Leu Ile			
885	890	895	
gag tgg aag gga gat gaa gtt gga gta aga atg ttt cct agg ctt gag 2736			
Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Phe Pro Arg Leu Glu			
900	905	910	
aag ttg agg att atg gag tgt cca ttg tta aaa agt act cca agt caa 2784			
Lys Leu Arg Ile Met Glu Cys Pro Leu Leu Lys Ser Thr Pro Ser Gln			
915	920	925	
ttt gaa agc ctg cgt gaa tta gac att gtc aca gtt gac agt gaa atg 2832			
Phe Glu Ser Leu Arg Glu Leu Asp Ile Val Thr Val Asp Ser Glu Met			
930	935	940	
cca ttg ttg aac ttg tgc agc aac tta aca tct ctc gta gag ctt agc 2880			
Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Glu Leu Ser			
945	950	955	960
gtc ttt gct gtg aaa gag ctc act tgt tta ccc gat gag atg cta cgc 2928			
Val Phe Ala Val Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Met Leu Arg			
965	970	975	
aac aac gtt tct ctt caa cag ata acg att ttc aac tgc gga gag ttt 2976			
Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Thr Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe			

980	985	990	
cgt gaa ttg cca caa agc ttg tac aat ctc cat tct ctg agg aaa tta 3024			
Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Arg Lys Leu			
995	1000	1005	
ggc att tac aac tgc acc aat ttc agt tct ctt cct gtt ccc aat 3069			
Gly Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn			
1010	1015	1020	
gga gac aac tat ttg act tcc ctc caa ctc ttt ttc tta tat aat 3114			
Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Gln Leu Phe Phe Leu Tyr Asn			
1025	1030	1035	
tgt aat gga ttg atc agt ata cca att gga atg cta gat caa tgc 3159			
Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys			
1040	1045	1050	
cgg tct cta gag ttt ttg aat gtc agc tgc tgt aac aac ttg gtt 3204			
Arg Ser Leu Glu Phe Leu Asn Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val			
1055	1060	1065	
tca ttc cct tta cgt gtg tgg gaa atg cct tca tta tta ttt ttg 3249			
Ser Phe Pro Leu Arg Val Trp Glu Met Pro Ser Leu Leu Phe Leu			
1070	1075	1080	
gat ata aca gaa tgt ccc aaa ttg att agt gta ccc aaa gtg ggc 3294			
Asp Ile Thr Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly			
1085	1090	1095	
ctt cac cat ctc act ggg tta ttg aga ttg gga att ggt cct ttc 3339			
Leu His His Leu Thr Gly Leu Leu Arg Leu Gly Ile Gly Pro Phe			
1100	1105	1110	
tca aag atg gtg gat ttt gat gca ttc caa ttg att ttt aat ggc 3384			
Ser Lys Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly			
1115	1120	1125	
att cag cag ctg ttg tcc ctt cgt gat ctg gag gtg tac gga cgt 3429			
Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg			
1130	1135	1140	
ggg cac tgg gat tct ctg ccc tat cag att atg caa cta tct gac 3474			
Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Ile Met Gln Leu Ser Asp			
1145	1150	1155	
cta aga gag atc aca ata gct gat ttt gga att gag gct ctt cct 3519			
Leu Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro			
1160	1165	1170	
cct aga ctt gac aac ctt act tct ctt gaa agc ttg act cta gtg 3564			
Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Val			
1175	1180	1185	
agg tgc aaa cag cta caa cat ctg aac ttc tca gat gcc atg ccc 3609			
Arg Cys Lys Gln Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro			

1190            1195            1200  
 aaa tta cgg ctc ctg tgg ata cgt gat ttt cca ttg tta gaa gct 3654  
 Lys Leu Arg Leu Leu Trp Ile Arg Asp Phe Pro Leu Leu Glu Ala  
 1205            1210            1215  
 ctg tca gat ggg ctc ggc aac ctt gtt tct ttg gaa gaa tta tat 3699  
 Leu Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr  
 1220            1225            1230  
 tta cat gac tgc gaa aaa cta gag cat cta ccg tcc cga gat gcc 3744  
 Leu His Asp Cys Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser Arg Asp Ala  
 1235            1240            1245  
 atg cga tgc ctc act aaa tta tgg aac atg gga att aaa ggc tgc 3789  
 Met Arg Cys Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Gly Ile Lys Gly Cys  
 1250            1255            1260  
 cca aag tta gaa gaa agt tac acc aac tac tcc cag tgg tcc aaa 3834  
 Pro Lys Leu Glu Glu Ser Tyr Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys  
 1265            1270            1275  
 att tcc cat att tca aat att gaa tta ggt ggg agg aga agt aca 3879  
 Ile Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Arg Arg Ser Thr  
 1280            1285            1290  
 gcc gta agt ctc ggt ttc tct ttc act ttc tga 3912  
 Ala Val Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
 1295            1300  
  
 <210> 225  
 <211> 1303  
 <212> PRT  
 <213> Solanum berthaultii  
  
 <400> 225  
  
 Met Asn Tyr Cys Leu Pro Ser Ser Thr Leu Gln Thr Thr Thr Lys Arg  
 1            5            10            15  
  
 Arg Leu Thr Leu Arg Arg Leu Cys Cys Lys Gln Leu Arg Lys Lys Thr  
 20            25            30  
  
 Leu Val Gln Thr Ala Glu Glu Glu Glu Ala Asn Thr Thr Met Ala Asp  
 35            40            45  
  
 Pro Val Ile Gly Ala Thr Val Gln Val Leu Leu Glu Lys Leu Ile Ser  
 50            55            60  
  
 Leu Thr Ile Glu Glu Val Asn Ser Ser Arg Asp Phe Asn Lys Asp Leu  
 65            70            75            80

Glu Met Leu Thr Gln Asn Val Ser Leu Ile Gln Ala Phe Ile His Asp  
85 90 95

Val Glu Thr Pro Gln Glu Lys Gln Gln Ser Val Glu Gln Trp Leu Asn  
100 105 110

Arg Leu Glu Arg Val Ala Glu Asp Ala Glu Asn Val Phe Asp Arg Phe  
115 120 125

Arg Tyr Glu Ser Leu Lys Thr Lys Val Val Arg Ser Pro Leu Lys Lys  
130 135 140

Val Gly Gly Phe Phe Ser His Ile Ala Phe Lys Arg Lys Met Ser Gln  
145 150 155 160

Lys Ile Asn Asn Ile Asn Lys Glu Leu Thr Ala Ile Asn Lys Val Ala  
165 170 175

Lys Asp Leu Gly Leu Gln Ser Leu Met Val Pro Ser Arg Lys Ile Leu  
180 185 190

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

Arg Asp Leu Asp Val Ala Glu Ile Lys Glu Lys Ile Leu Lys Met Arg  
210 215 220

Glu Glu Asp Ile Val Leu Ser Thr Ile Pro Ile Val Gly Met Gly Gly  
225 230 235 240

Leu Gly Lys Thr Thr Val Ala Lys Arg Ile Tyr Asn Asp Glu His Met  
245 250 255

Lys Gln Ile Phe Lys Lys Arg Ile Trp Leu Cys Leu Pro Glu Met Ser  
260 265 270

Glu Thr Lys Ser Phe Leu Glu Gln Ile Leu Glu Ser Leu Ile Glu Arg  
275 280 285

Lys Ile Glu Val Glu Arg Arg Asp Ile Ile Val Lys Lys Leu Gln Asp  
290 295 300

Glu Leu Gly Gly Lys Lys Tyr Leu Leu Val Leu Asp Asp Leu Trp Arg  
305 310 315 320

Val Asp Ser Thr Ser Trp His Glu Phe Val Asp Thr Leu Arg Gly Ile  
325 330 335

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

Val Ala Ser Thr Val Ala Thr Asp Leu His Ile Leu Gly Lys Leu Thr  
355 360 365

Glu Asp His Cys Trp Ser Ile Phe Lys Gln Lys Ala Phe Val Asp Gly  
370 375 380

Arg Val Pro Glu Glu Leu Ala Ser Met Gly Asn Lys Ile Val Lys Met  
385 390 395 400

Cys Gln Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Ala Leu Gly Gly Leu Leu His  
405 410 415

Asn Lys Glu Lys His Glu Trp Gln Ala Ile Leu Asp Gly Asn Leu Leu  
420 425 430

Val Ala Gly Glu Asp Asp Asn Gly Glu Asn Ser Ile Lys Lys Ile Leu  
435 440 445

Lys Leu Ser Tyr Asp Tyr Leu Pro Ser Pro His Leu Lys Lys Cys Phe  
450 455 460

Ala Tyr Phe Ala Met Phe Pro Lys Asp Tyr Met Phe Glu Lys Asp Gln  
465 470 475 480

Leu Ile Gln Leu Trp Met Ala Glu Gly Phe Leu Arg Pro Ser Gln Glu  
485 490 495

Ile Pro Val Met Glu Asp Val Gly His Arg Phe Phe Gln Ile Leu Leu  
500 505 510

Gln Asn Ser Leu Leu Gln Asp Val Val Leu Asp Glu His Asn Asn Ile  
515 520 525

Thr His Cys Lys Met His Asp Leu Val His Asp Leu Ala Gly Asp Ile  
530 535 540

Leu Lys Ser Arg Leu Phe Asp Pro Lys Gly Asp Asp Gly Glu Lys Leu  
545 550 555 560

Ser Gln Val Arg Tyr Phe Gly Cys Glu Ser Pro Thr Asp Gln Ile Asp  
565 570 575

Lys Ile Tyr Glu Pro Glu Arg Leu Cys Thr Leu Phe Trp Arg Ser Asn  
580 585 590

Tyr Thr Ser Glu Asp Met Leu Leu Asn Phe Lys Phe Leu Arg Val Leu  
595 600 605

Asp Leu Ser Ser Ser Gly Ile Lys Glu Leu Ser Ala Lys Ile Gly Lys  
610 615 620

Leu Ile Tyr Leu Arg Tyr Leu Asp Leu Ser Asn Thr Glu Ile Thr Ala  
625 630 635 640

Leu Pro Asn Ser Ile Cys Lys Leu Tyr Asn Leu Gln Thr Phe Arg Val  
645 650 655

Ile Asn Cys Phe Ser Leu Gln Lys Leu Pro Tyr Glu Met Gly Asn Met  
660 665 670

Val Ser Leu Arg His Ile Tyr Tyr Thr Ser Val Asp Lys Arg Asn Glu  
675 680 685

His Trp Gly Gly Trp Cys Ile Leu Asn Glu Arg Phe Gln Met Pro Leu  
690 695 700

Lys Met Arg Gln Leu Thr Cys Leu Gln Thr Leu Lys Phe Phe Lys Ile  
705 710 715 720

Gly Leu Lys Lys Gly Arg Gln Ile Glu Glu Leu Gly His Leu Lys Asn  
725 730 735

Leu Arg Gly Glu Leu Thr Ile Asn Gly Leu Gln Leu Val Cys Asp Lys  
740 745 750

Glu Glu Ala Arg Thr Ala Tyr Leu His Asp Lys Pro Asn Ile Phe Lys  
755 760 765

Leu Ala Phe Leu Trp Ser His Asp Glu Ser Glu Gly Cys Glu Ile Asn  
770 775 780

Asp Glu His Val Leu Asp Gly Leu Gln Pro His Pro Asn Leu Lys Thr  
785 790 795 800

Leu Ala Val Val Asp Tyr Leu Gly Thr Lys Phe Pro Ser Trp Phe Ser  
805 810 815

Glu Glu Ser Leu Pro Asn Leu Val Lys Leu Lys Leu Ser Gly Ser Lys  
820 825 830

Arg Cys Lys Glu Ile Pro Ser Leu Gly Gln Leu Lys Phe Leu Arg His  
835 840 845

Leu Glu Leu Ile Gly Phe His Glu Leu Glu Cys Ile Gly Pro Ala Leu  
850 855 860

Tyr Gly Val Glu Ile Arg Asn Ile Gly Ser Asn Ser Ile Ile Gln Val  
865 870 875 880

Phe Pro Ser Leu Lys Glu Leu Val Leu Glu Asp Met Arg Ser Leu Ile  
885 890 895

Glu Trp Lys Gly Asp Glu Val Gly Val Arg Met Phe Pro Arg Leu Glu  
900 905 910

Lys Leu Arg Ile Met Glu Cys Pro Leu Leu Lys Ser Thr Pro Ser Gln  
915 920 925

Phe Glu Ser Leu Arg Glu Leu Asp Ile Val Thr Val Asp Ser Glu Met  
930 935 940

Pro Leu Leu Asn Leu Cys Ser Asn Leu Thr Ser Leu Val Glu Leu Ser  
945 950 955 960

Val Phe Ala Val Lys Glu Leu Thr Cys Leu Pro Asp Glu Met Leu Arg  
965 970 975

Asn Asn Val Ser Leu Gln Gln Ile Thr Ile Phe Asn Cys Gly Glu Phe  
980 985 990

Arg Glu Leu Pro Gln Ser Leu Tyr Asn Leu His Ser Leu Arg Lys Leu  
995 1000 1005

Gly Ile Tyr Asn Cys Thr Asn Phe Ser Ser Leu Pro Val Pro Asn  
1010 1015 1020

Gly Asp Asn Tyr Leu Thr Ser Leu Gln Leu Phe Phe Leu Tyr Asn  
1025 1030 1035

Cys Asn Gly Leu Ile Ser Ile Pro Ile Gly Met Leu Asp Gln Cys  
1040 1045 1050

Arg Ser Leu Glu Phe Leu Asn Val Ser Cys Cys Asn Asn Leu Val  
1055 1060 1065

Ser Phe Pro Leu Arg Val Trp Glu Met Pro Ser Leu Leu Phe Leu  
1070 1075 1080

Asp Ile Thr Glu Cys Pro Lys Leu Ile Ser Val Pro Lys Val Gly  
1085 1090 1095

Leu His His Leu Thr Gly Leu Leu Arg Leu Gly Ile Gly Pro Phe  
1100 1105 1110

Ser Lys Met Val Asp Phe Asp Ala Phe Gln Leu Ile Phe Asn Gly  
1115 1120 1125

Ile Gln Gln Leu Leu Ser Leu Arg Asp Leu Glu Val Tyr Gly Arg  
1130 1135 1140

Gly His Trp Asp Ser Leu Pro Tyr Gln Ile Met Gln Leu Ser Asp  
1145 1150 1155

Leu Arg Glu Ile Thr Ile Ala Asp Phe Gly Ile Glu Ala Leu Pro  
1160 1165 1170

Pro Arg Leu Asp Asn Leu Thr Ser Leu Glu Ser Leu Thr Leu Val  
1175 1180 1185



Arg Cys Lys Gln Leu Gln His Leu Asn Phe Ser Asp Ala Met Pro  
1190 1195 1200

Lys Leu Arg Leu Leu Trp Ile Arg Asp Phe Pro Leu Leu Glu Ala  
1205 1210 1215

Leu Ser Asp Gly Leu Gly Asn Leu Val Ser Leu Glu Glu Leu Tyr  
1220 1225 1230

Leu His Asp Cys Glu Lys Leu Glu His Leu Pro Ser Arg Asp Ala  
1235 1240 1245

Met Arg Cys Leu Thr Lys Leu Trp Asn Met Gly Ile Lys Gly Cys  
1250 1255 1260

Pro Lys Leu Glu Glu Ser Tyr Thr Asn Tyr Ser Gln Trp Ser Lys  
1265 1270 1275

Ile Ser His Ile Ser Asn Ile Glu Leu Gly Gly Arg Arg Ser Thr  
1280 1285 1290

Ala Val Ser Leu Gly Phe Ser Phe Thr Phe  
1295 1300

#### ФОРМУЛА ВИНАХОДУ

- 5 1. Спосіб забезпечення принаймні часткової резистентності чи підвищення резистентності у рослини проти ооміцетної інфекції, що включає трансформацію рослини чи її частини нуклеїновою кислотою, що кодує амінокислотну послідовність Rpi-chc1 SEQ ID NO: 110, або її фрагментом, що ефективний для підвищення вказаної резистентності, або її гомологом, який ефективний для підвищення вказаної резистентності.
- 10 2. Спосіб за п. 1, де вказані ооміцети включають *Phytophthora infestans* (збудники фітофтори).
- 15 3. Спосіб за п. 1 або 2, де гомолог вибирають з групи амінокислотних послідовностей, що складається з SEQ ID NO: 182, SEQ ID NO: 194, SEQ ID NO: 198, SEQ ID NO: 203, SEQ ID NO: 205, SEQ ID NO: 207, SEQ ID NO: 209, SEQ ID NO: 211, SEQ ID NO: 212, SEQ ID NO: 216, SEQ ID NO: 219, SEQ ID NO: 221 та SEQ ID NO: 223.
- 20 4. Спосіб за будь-яким із пп. 1-3, де послідовність нуклеїнових кислот за п. 1 містить послідовність нуклеїнових кислот SEQ ID NO: 125 або послідовність нуклеїнових кислот, що вибирають з SEQ ID NO: 181, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 187, SEQ ID NO: 189, SEQ ID NO: 191, SEQ ID NO: 193, SEQ ID NO: 195, SEQ ID NO: 197, SEQ ID NO: 199, SEQ ID NO: 202, SEQ ID NO: 204, SEQ ID NO: 206, SEQ ID NO: 208, SEQ ID NO: 210, SEQ ID NO: 212, SEQ ID NO: 214, SEQ ID NO: 216, SEQ ID NO: 218, SEQ ID NO: 220, SEQ ID NO: 222, SEQ ID NO: 224, що кодує амінокислотні послідовності SEQ ID NO: 182, SEQ ID NO: 194, SEQ ID NO: 198, SEQ ID NO: 203, SEQ ID NO: 205, SEQ ID NO: 207, SEQ ID NO: 209, SEQ ID NO: 211, SEQ ID NO: 212, SEQ ID NO: 216, SEQ ID NO: 219, SEQ ID NO: 221 та SEQ ID NO: 223.
- 25 5. Спосіб селекції рослини або рослинного матеріалу або його потомства на предмет чутливості чи резистентності до ооміцетної інфекції, де зазначений спосіб включає стадії аналізу принаймні частини зазначеної рослини чи рослинного матеріалу чи її потомства на предмет наявності чи відсутності нуклеїнової кислоти за будь-яким з пп. 1-3.

6. Спосіб за п. 5, де вказаний аналіз включає детекцію наявності одного чи більше маркерів, що складаються з SEQ ID NOs: 1-103; та де вказаний аналіз виконують з праймером чи зондом, що специфічно зв'язують зазначену нуклеїнову кислоту.

5 7. Маркер для маркерної селекції при селекції рослин з отриманням резистентності проти ооміцетів, де зазначений маркер вибирають з маркерів, що складаються з SEQ ID NOs: 1-103.

8. Виділена чи рекомбінантна послідовність нуклеїнових кислот, що містить послідовність нуклеїнових кислот, яка кодує амінокислотну послідовність Rpi-chc1 SEQ ID NO: 110 або її фрагмент, який ефективний для підвищення резистентності рослини проти ооміцетної інфекції, або нуклеїнову кислоту, що кодує амінокислотну послідовність SEQ ID NO: 182, SEQ ID NO: 194, SEQ ID NO: 198, SEQ ID NO: 203, SEQ ID NO: 205, SEQ ID NO: 207, SEQ ID NO: 209, SEQ ID NO: 211, SEQ ID NO: 212, SEQ ID NO: 216, SEQ ID NO: 219, SEQ ID NO: 221 та SEQ ID NO: 223 або її фрагмент, який ефективний для підвищення резистентності рослини проти ооміцетної інфекції.

15 9. Виділена чи рекомбінантна послідовність нуклеїнових кислот за п. 8, де зазначений фрагмент містить щонайменше LRR домен амінокислотної послідовності.

10. Виділена чи рекомбінантна послідовність нуклеїнових кислот за п. 8, що містить послідовність нуклеїнових кислот SEQ ID NO: 125, SEQ ID NO: 181, SEQ ID NO: 183, SEQ ID NO: 185, SEQ ID NO: 187, SEQ ID NO: 189, SEQ ID NO: 191, SEQ ID NO: 193, SEQ ID NO: 195, SEQ ID NO: 197, SEQ ID NO: 199, SEQ ID NO: 202, SEQ ID NO: 204, SEQ ID NO: 206, SEQ ID NO: 208, SEQ ID NO: 210, SEQ ID NO: 212, SEQ ID NO: 214, SEQ ID NO: 216, SEQ ID NO: 218, SEQ ID NO: 220, SEQ ID NO: 222, SEQ ID NO: 224.

11. Вектор, що містить послідовність нуклеїнових кислот за будь-яким з пп. 8-10.

25 12. Вектор за п. 11, що додатково містить промотор та/або термінатор, з яким ген природно зв'язаний.

13. Вектор за п. 12, де промотор є укороченим промотором, що містить менш ніж 1000 нуклеотидів вище генної послідовності.

14. Трансгенна клітина-хазяїн, що містить нуклеїнову кислоту за будь-яким з пп. 9-11 чи вектор за п. 12 чи 13.

30 15. Трансгенна клітина-хазяїн за п. 14, де вказана клітина-хазяїн є клітиною *Agrobacterium* чи рослинною клітиною.

16. Трансгенна клітина-хазяїн за п. 15, де зазначена рослинна клітина є клітиною від *Solanum tuberosum*.

35 17. Трансгенна клітина-хазяїн за п. 16, де зазначена рослинна клітина є клітиною від тетраплоїдної *Solanum tuberosum*.

18. Трансгенна рослина, що містить клітину за будь-яким із пп. 14-17.

19. Частина, отримана з рослини за п. 18, де вказана частина має клітину за будь-яким із пп. 14-17.

20. Частина за п. 19, де зазначена частина є бульбою.

40 21. Білок, кодований виділеною чи рекомбінантною нуклеїною кислотою за будь-яким з пп. 8-10 чи її фрагментом, який ефективний для підвищення резистентності рослини проти ооміцетної інфекції.

22. Білок за п. 21, де вказаний білок є амінокислотою послідовністю Rpi-chc1 SEQ ID NO: 110.

45 23. Антитіло, яке специфічно зв'язує білок за п. 21 або 22.

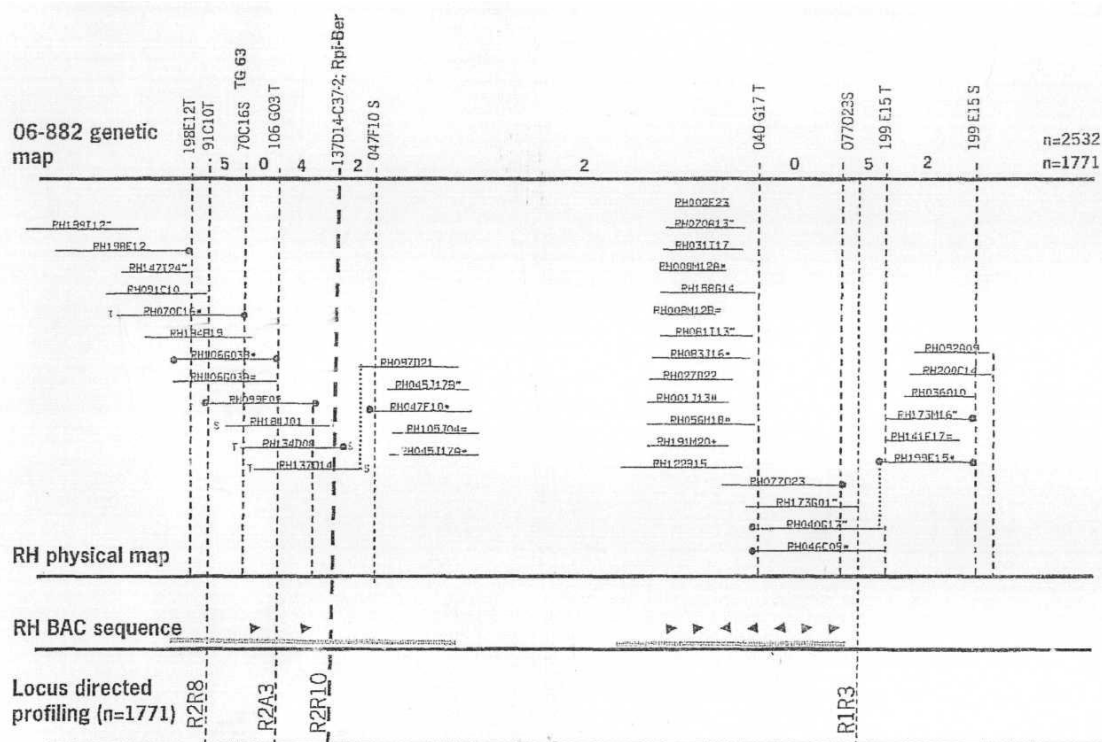
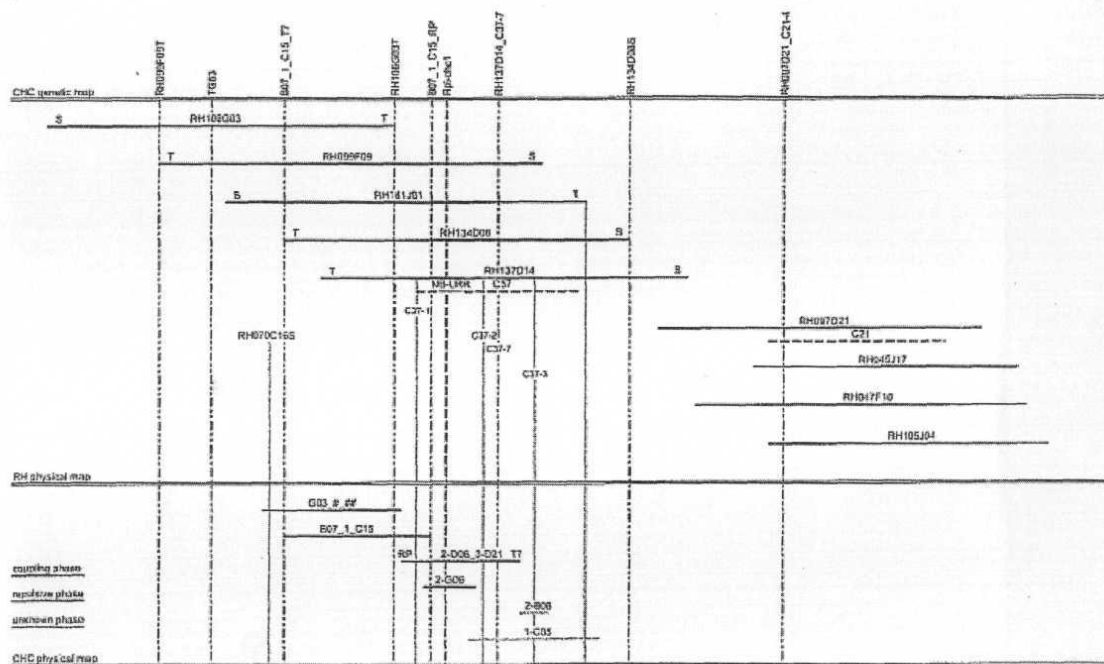


Fig. 1A



11-9-2009

Fig. 1B

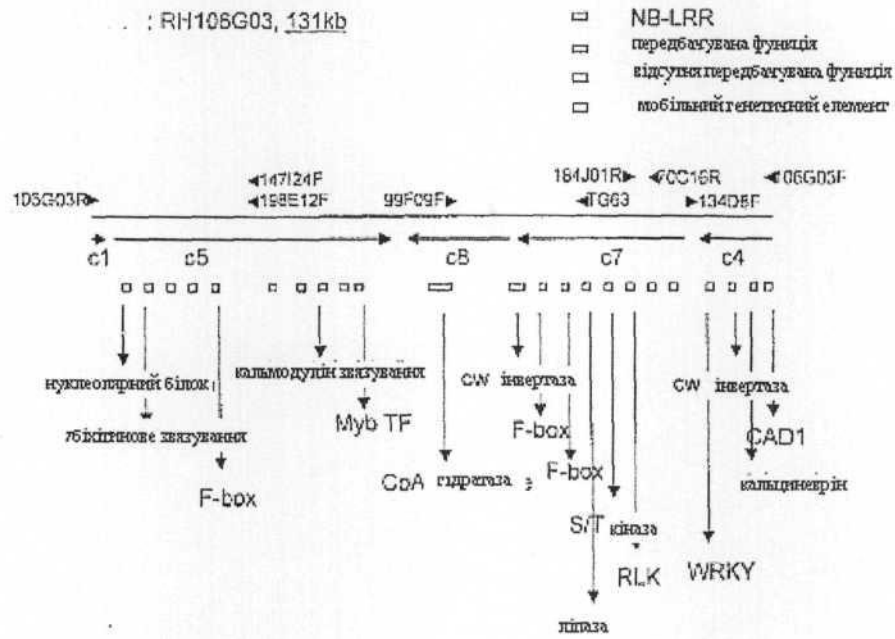


Fig. 2A

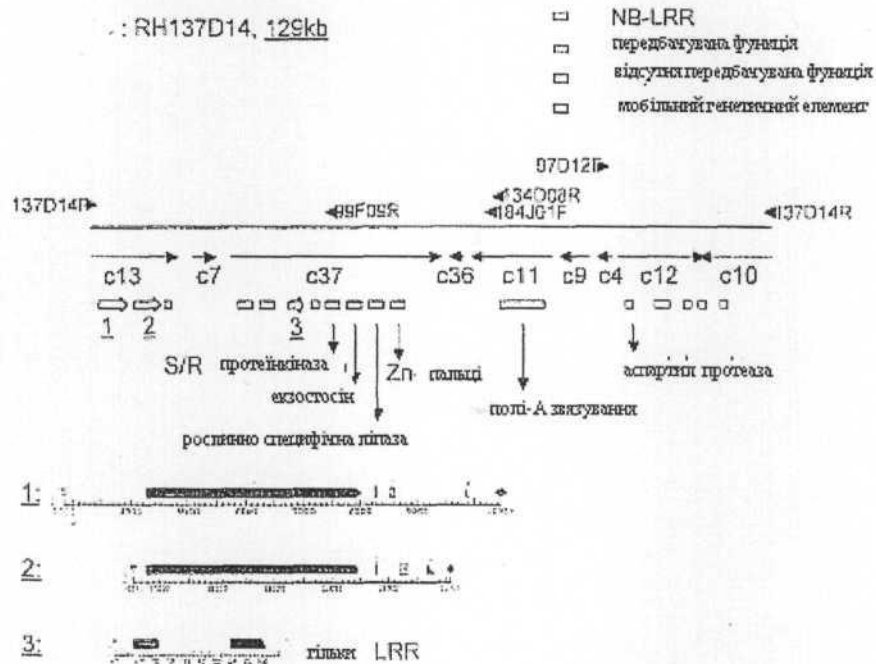
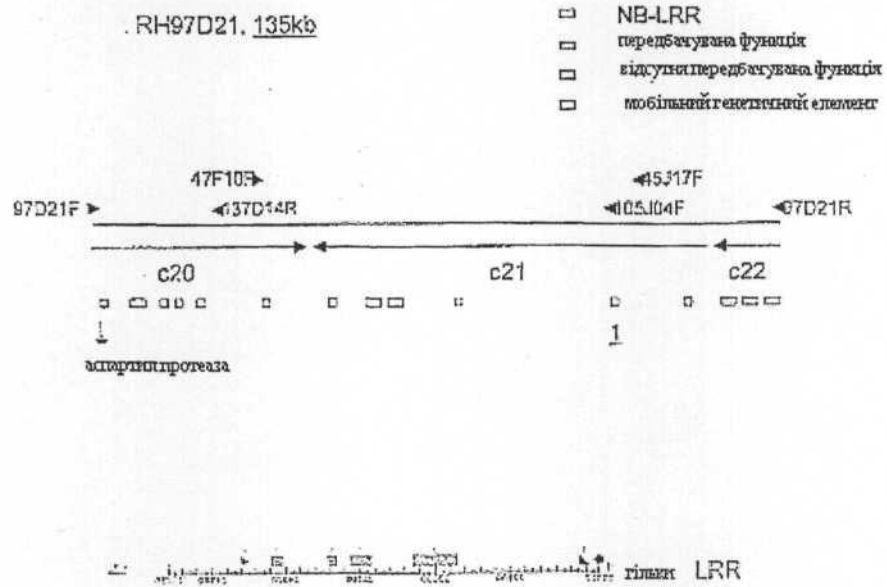
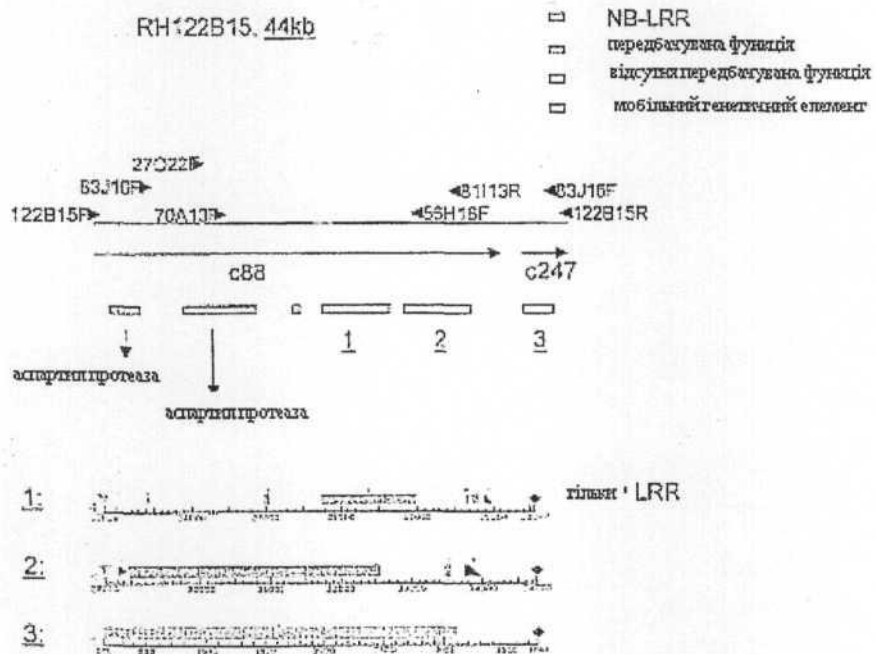


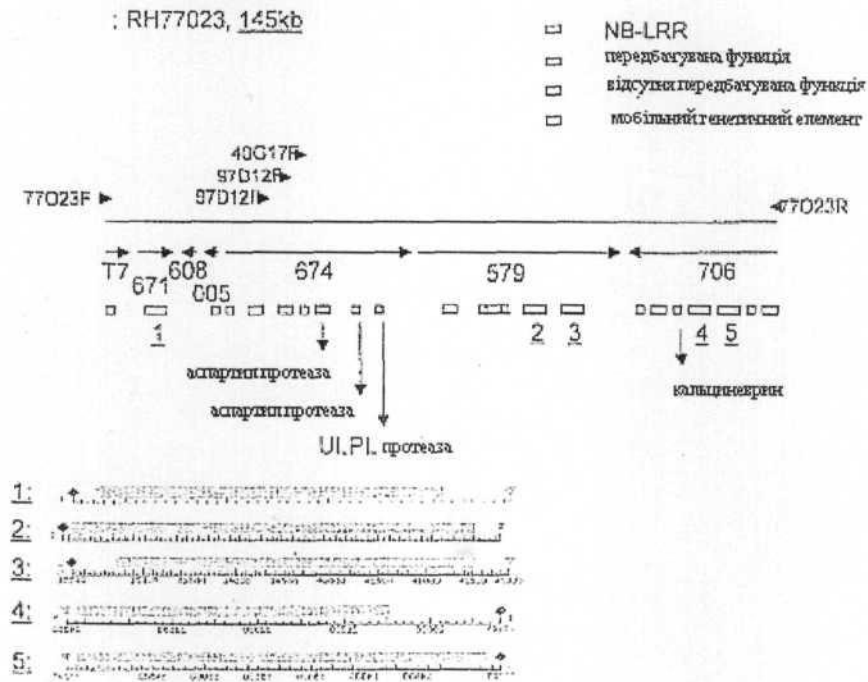
Fig. 2 B



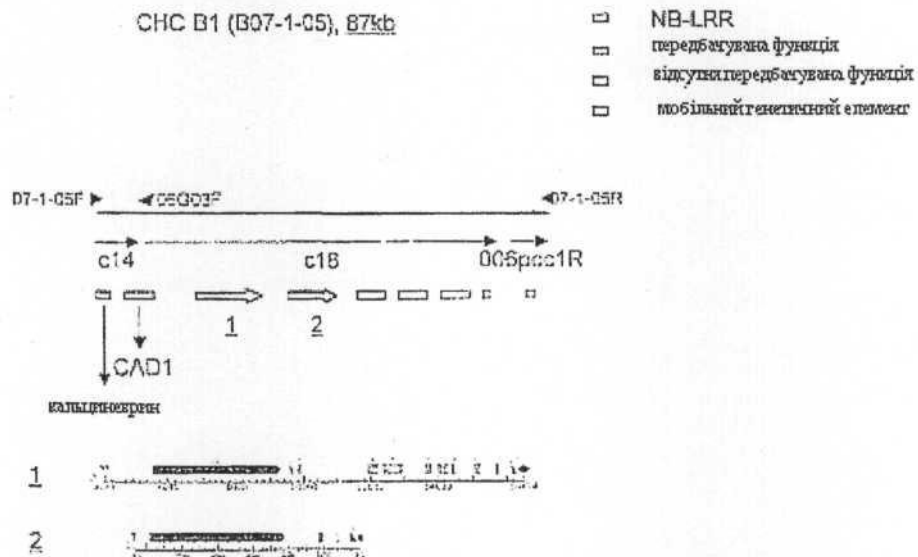
Фіг.2С



Фіг. 2D



Фіг. 2Е



Фіг. 2F

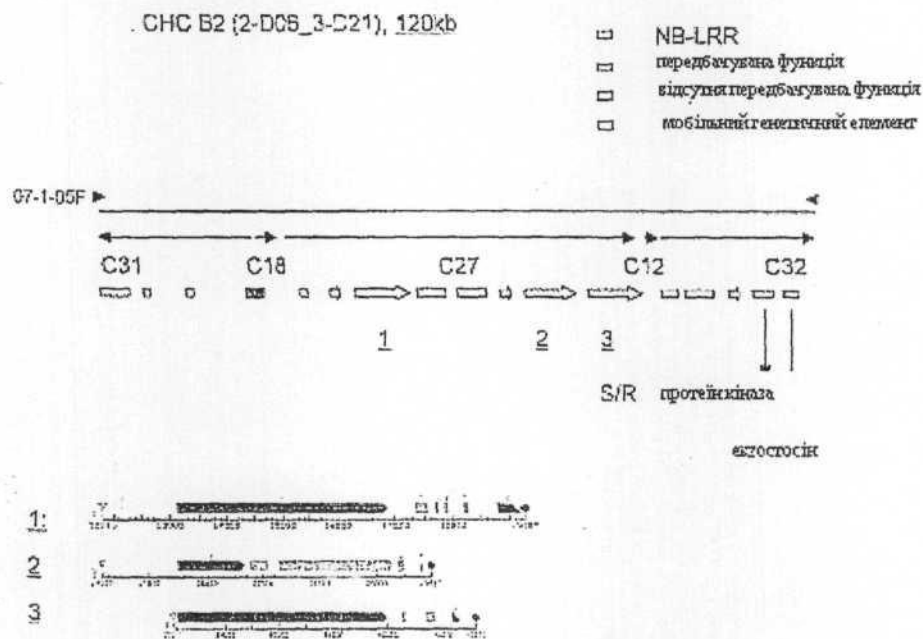


Fig.2G

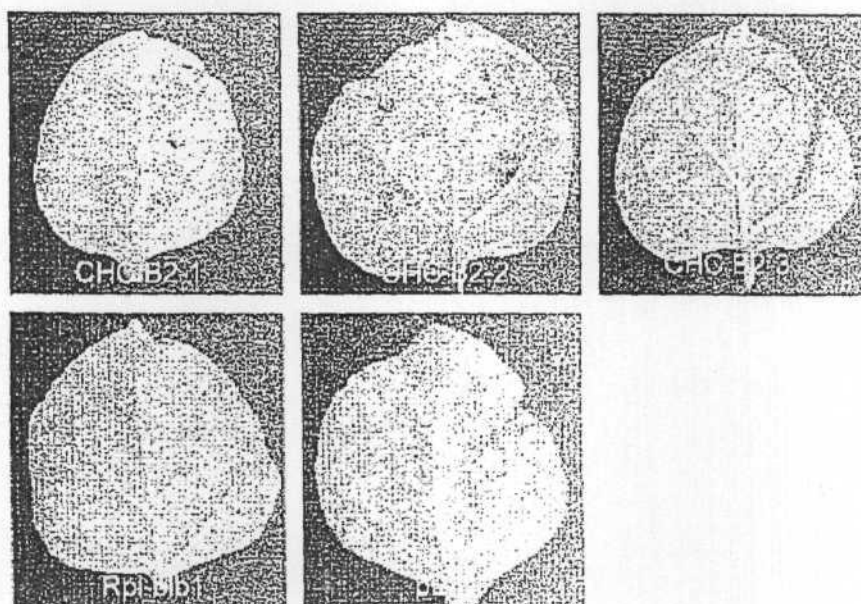


Fig. 3: Аналіз комплементарії у *N. benthamiana*

	10	20	30	40	50	60	70	80	90	100
77023c5794	.... .... .... .... .... .... .... .... .... .... .... .... .... ....									
77023c5795	-----MADPVFAATVKVLLKLLSLTIKISSSRDFEDLEMLTHNVSLIQAFIHDVETP									
77023c671	-----MADPVIGATVQVLEKLLSLTIEEARNVNRCKNRLMRLSRVVTMIQAFIHDERR									
77023c7063	-----MADPVIGATVQVLEKLLSLTIEEARNVNRCKNRLMRLSRVVTMIQAFIHDERR									
77023c7064	-----MADPVIGATVQVLEKLLSLTIEEARNVNRCKNRLMRLSRVVTMIQAFIHDERR									
122B15C88	-----MADPVIGATVQVLEKLLSLTIEEARNVNRCKNRLMRLSRVVTMIQAFIHDERR									
122B15C247	-----MADPVIGATVQVLEKLLSLTIEEARNVNRCKNRLMRLSRVVTMIQAFIHDERR									
CHC_B2-1	-----MADPVIGATVQVLEKLLSLTIEEARNVNRCKNRLMRLSRVVTMIQAFIHDERR									
CHC_B2-2	-----MADPVIGATVQVLEKLLSLTIEEARNVNRCKNRLMRLSRVVTMIQAFIHDERR									
CHC_B2-3	-----MADPVIGATVQVLEKLLSLTIEEARNVNRCKNRLMRLSRVVTMIQAFIHDERR									
CHC_B1-2	-----MADPVIGATVQVLEKLLSLTIEEARNVNRCKNRLMRLSRVVTMIQAFIHDERR									
CHC_B1-1	-----MADPVIGATVQVLEKLLSLTIEEARNVNRCKNRLMRLSRVVTMIQAFIHDERR									
137D14c131	-----MADPVIGATVQVLEKLLSLTIEEARNVNRCKNRLMRLSRVVTMIQAFIHDERR									
137D14c132	-----MADPVIGATVQVLEKLLSLTIEEARNVNRCKNRLMRLSRVVTMIQAFIHDERR									
ABF81421	-----MEGFLTFAEETLTVRISIAEGIRLAWGLEQOLQKLRQSVTMIKAVLQDAARR									
	110	120	130	140	150	160	170	180	190	200
77023c5794	.... .... .... .... .... .... .... .... .... .... .... .... ....									
77023c5795	QVEKQQSVQWLERIAERVAENAEVDFRFRYESLTKVTNIRNSPMKKVSGFFSHTAFKSKMSRKINSINKELTAINKVAKDLGLHSLVPSRKILPIRE									
77023c671	Q-----VEEWLKMELERIAEDAENAEVDFKFTYESIKAKVMNNRAKIMKVKSHFFSHTAFKSKMSRKINKINEELRDINQANNLGLQSLTVPSCRILQIRE									
77023c7063	QVEDR-AVEEWLKMELERIAEDAENAEVDFKFTYESIKAKVMNNRAKIMKVKSHFFSHTAFKSKMSRKINKINEELRDINQANNLGLQSLTVPSCRILQIRE									
77023c7064	QVEDQ-VVEQWLMELERVAEDAENAEVDFRFRYESLTKRQVKIR--NPMKKVSDFFSHTDFKRRMSRKINNINEELRAINKVAKDLGLQSLMVPSPRQILPIRE									
122B15C88	QVEKQQSVQWLERIAERVAEDAENAEVDFRFRYESLTKRQVKIR--NPMKKVSDFFSHTDFKRRMSRKINNINEELRAINKVAKDLGLQSLMVPSPRQILPIRE									
122B15C247	-FDKQQSVQWLERIAERVAEDAENAEVDFRFRYESLTKRQVKIR--NPMKKVSDFFSHTDFKRRMSRKINNINEELRAINKVAKDLGLQSLMVPSPRQILPIRE									
CHC_B2-1	QVEDK-AVEEWLKMELERIAEDAENAEVDFKFTYESIKAKVMNNRAKIMKVKSHFFSHTAFKSKMSRKINKINEELRDINQANNLGLQSLTVPSCRILQIRE									
CHC_B2-2	QVEDQ-AVKLMLNRLERIAEDAENAEVDFKFTYESIKAKVMNNRAKIMKVKSHFFSHTAFKSKMSRKINKINEELRDINQANNLGLQSLTVPSCRILQIRE									
CHC_B2-3	QVEDQ-SMKLWFTRLERIAEDAENAEVDFKFTYESIKAKVMNNRAKIMKVKSHFFSHTAFKSKMSRKINKINEELRDINQANNLGLQSLTVPSCRILQIRE									
CHC_B1-2	-QEKQQSVQWLERIAERVAEDAENAEVDFKFTYESIKAKVMNNRAKIMKVKSHFFSHTAFKSKMSRKINKINEELRDINQANNLGLQSLTVPSCRILQIRE									
CHC_B1-1	QVEDQ-SVKLWFTRLERIAEDAENAEVDFKFTYESIKAKVMNNRAKIMKVKSHFFSHTAFKSKMSRKINKINEELRDINQANNLGLQSLTVPSCRILQIRE									
137D14c131	QVEDQ-SVKWMLNRLERIAEDAENAEVDFKFTYESIKAKVMNNRAKIMKVKSHFFSHTAFKSKMSRKINKINEELRDINQANNLGLQSLTVPSCRILQIRE									
137D14c132	-QEKQQSVQWLERIAERVAEDAENAEVDFKFTYESIKAKVMNNRAKIMKVKSHFFSHTAFKSKMSRKINKINEELRDINQANNLGLQSLTVPSCRILQIRE									
ABF81421	FVTDD-SVKLWMLNRLQDVAEDAENAEVDFKFTYESIKAKVMNNRAKIMKVKSHFFSHTAFKSKMSRKINKINEELRDINQANNLGLQSLTVPSCRILQIRE									
	210	220	230	240	250	260	270	280	290	300
	.... .... .... .... .... .... .... .... .... .... .... .... ....									

Fig. 4



77023c5794  
77023c5795  
77023c671  
77023c7063  
77023c7064  
122B15C88  
122B15C247  
CHC\_B2-1  
CHC\_B2-2  
CHC\_B2-3  
CHC\_B1-2  
CHC\_B1-1  
137D14c131  
137D14c132  
ABF81421

77023c5794  
77023c5795  
77023c671  
77023c7063  
77023c7064  
122B15C88  
122B15C247  
CHC\_B2-1  
CHC\_B2-2  
CHC\_B2-3  
CHC\_B1-2  
CHC\_B1-1  
137D14c131  
137D14c132  
ABF81421

77023c5794  
77023c5795  
77023c671  
77023c7063  
77023c7064  
122B15C88  
122B15C247  
CHC\_B2-1  
CHC\_B2-2  
CHC\_B2-3  
CHC\_B1-2  
CHC\_B1-1  
137D14c131  
137D14c132  
ABF81421



[illegible]





CHC_B2-2	VCNVKLTCLPDEMLRNNVSLQYLSVTDCEEFRELPQSLYNLH-SLKRLRIHSCNTFSLFVPGNDNYLTSLQILMNCNCDGLISLPIGMJDQCRSLLEIL
CHC_B2-3	VYDMKELTCLPDEMLRNNVSLQIIIFNCGEFRELPQSLYNLH-SLRRLDIYNCNTFSLFVPGNDNYLTSLFEEFCLHNCNGLISIPIMJDQCR-LVFL
CHC_B1-2	VCNVKELTCLPDEMLRNNVSLQHLSVFHGCFRELPQSLYNLH-SIKILVIHNCNTFSLFVPGNDNYLTSLQILFQLYNCNCDGLISLPIGMJDQCRSLDFF
CHC_B1-1	VSNVKELTCLPDEMLRNNVSLQHLSVFECGFRELPQSLYNLH-SIKRLVIACCTNFSLFVPGNDNYLTSLQILQIMNCDGLISLPIGMJDQCRSLKFL
137D14c131	VSTVKELTCLPDEMLRNNVSLQRLSVNCGCFRELPQSLYNLH-SLERLVIACCTNFSLFVPGNDNYLTSLQILQIMNCDGLISLPIGMJDQCRSLKVL
137D14c132	VYDMKELTCLPDEILRNNISLQIITFECGFRELPQSLYNLH-SLYRLDIYNCNTFSLFVPGNDNYLTSLIFFLHNCNGLISIPIMJDQCRSLEYL
ABF81421	IWSCPKLPSIP--SVEHCTALVELGIECRELISIPGDFRKLKYSLKRLSVNCGKLG---ALPSGLQCCASLEVILKIHGWSLELIHND--LQELSSLOQL
77023c5794	.... ....
77023c5795	RVNYCNNLVFPLH-VGDMPSLSYLSIAHCPKLDVPTGGLH--HLTRLRELEIGPVSDMVDFAFQLT--FNGIQQLLSLRLTLVFGHLHWDLSLPYQIM
77023c671	SVSCCNLVFPLH-VGEMPSLSYLNISRCPKLISLPSGGID--HLTELSELKIGPSEMVDFAFQLI--FNGIQQLLSLRLTLVYGHGHWDLSLPYQFM
77023c7063	SVSCCNLVFPLH-VGEMPSLSYLYISQCPKLISLPSGGIH--HLTELSELEIGPSEMVDFAFQLI--FNGIQQLLSLRLTLVYGHGHWDLSLPYQFM
77023c7064	NVANKNNLVSLPIH-VWEMPSLYNISKCPKLESVPAGSLH--RLTGLRTLHTGEPSELVDFAFQLI--FNGIQQLSSLCVLVYVYGHGHWDLSLPYQLL
122B15C88	KVHNKNNLVFPLH-VCEMPSLYLGLSQCPKLISVPSGGLH--HLTRLRRESHIGPSEMVDFAFQIM--FNGIHQLSLRLTLEVWGHHLHWDLSLPYQIM
122B15C247	VVIYCNLLSLPIH-VWEMPSLYLGLSGCPKLISVPSGGLH--RLTGLTRALEIGPSEMVDFAFQLI--FNGIQQLLSLHNVGVTEGRHWDLSLPYQIM
CHC_B2-1	NVITCCNLVSLPIH-VWEMPSLSRLNISQCPKLISVPEVGLH--RFAGLQTLKIGPSEMVDFAFQLI--FNGIQQLLSLCLDAVYGRGHWDLSLPYQIM
CHC_B2-2	SVSCCNLVFPLH-VWEMPSLYLIEISRCPKLISVPEVGLH--RLTGLMKLEIGPSEMVDFAFQLI--FNGIQQLLSLRLDELEVYGRGHWDLSLPYQIM
CHC_B2-3	NVSCCNLVFPLH-VWEMPSLYLIEISRCPKLISVPEVGLH--RLTGLVRLKIGPSEMVDFAFQLI--FNGIQQLLSLRLDELEVYGRGHWDLSLPYQIM
CHC_B1-2	SVRCCNNFVSPPLH-VWEMPSLSYFIDISQCPKLISVPEVGLH--RLTGLWYLGIGPSEMVDFAFQLI--FNGIQQLLSLRLDAVYGRGHWDLSLPYQIM
CHC_B1-1	SVRCCNNLVFPLH-VWEMHSLHLCTISLCPKLISVPEVGLH--RLTGLWGLEIGPSEMVDFAFQLI--FNGIQQLLSLRLTLVYGHGHWDLSLPYQIM
137D14c131	TVRCCNNLVFPLH-VWEMHSLHLCTISLCPKLISVPEVGLH--RLTGLWGLEIGPSEMVDFAFQLI--FNGIQQLLSLRLTLVYGHGHWDLSLPYQIM
137D14c132	HVSCCNLVFPLH-VWEIPSFVLEITECPKLISVPEVGLH--HLTGLRLRGIGPSEMVDFAFQLI--FNGIQQLLSLRLDELEVYGRGHWDLSLPYQIM
ABF81421	TIAACDKLISIAWHGLRQLPISVELQITWCRSLSDFOEDDWLGSGITQLEGIRIGCYSEMEAFAGLINSFQHLNLSGSLKSLAIHGWDKLSVPHQLQ
77023c5794	1210 1220 1230 1240 1250 1260 1270 1280 1290 1300
77023c5795	.... ....
77023c671	QLSALTTHICDFGIEALPHRLDNLTSLEILHLVRCKWLQHVDFSDAMPKLYRIHCDPLLEALSDFCNLVSEELRLENCEKLEHLPSREAMRRLTK
77023c7063	QLSGLETAHICGFGIEALPHRFGNLTSLEITMLRLCKRLQNLDFSYVMPKQLYLFVYESPLLEALSDELENVLTLELHLENCEKLEYLPSPDTRHLKK
77023c7064	QLSGLTSE-----SRLFLIDLATLILIER-----
122B15C88	EFSSVTEIGITDFGIEALPHRFGNLTSLEILHLVRCKWLQHVDFSDAMPKLYRIHCDPLLEALSDFCNLVSEELRLENCEKLEHLPSREAMRRLTK
122B15C247	QLSALKEIRIYGFEGIEALPHRFGNLTSLEILHLVRCKWLQHVDFSDAMPKLYRIHCDPLLEALSDFCNLVSEELRLENCEKLEHLPSREAMRRLTK
CHC_B2-1	QLSSLTTHICDFGIEALPHRFGNLTSLEILHLVRCKWLQHVDFSDAMPKLYRIHCDPLLEALSDFCNLVSEELRLENCEKLEHLPSREAMRRLTK
CHC_B2-2	QLSALKEIRIYGFEGIEALPHRFGNLTSLEILHLVRCKWLQHVDFSDAMPKLYRIHCDPLLEALSDFCNLVSEELRLENCEKLEHLPSREAMRRLTK
CHC_B2-3	QLSALKEIRIYGFEGIEALPHRFGNLTSLEILHLVRCKWLQHVDFSDAMPKLYRIHCDPLLEALSDFCNLVSEELRLENCEKLEHLPSREAMRRLTK

CHC B1-2

CHC B1-1

137D14c131

137D14c132

ABF81421

77023c5794

77023c5795

77023c671

77023c7063

77023c7064

122B15C88

122B15C247

CHC B2-1

CHC B2-2

CHC B2-3

CHC B1-2

CHC B1-1

137D14c131

137D14c132

ABF81421

77023c5794

77023c5795

77023c671

77023c7063

77023c7064

122B15C88

122B15C247

CHC B2-1

CHC B2-2

CHC B2-3

CHC B1-2

CHC B1-1

QLSDLREITIAFGIEALPPRLVNLTSLESLTVRCCKRLOHLNFSAMPKRLRLWIGDCPLIEALSDEGIGNLVSLSEELYLQDCEKLEHLPSRDAMRRLTK  
 QLSDLREIVIGDFGIEALPPSLDNLTSLESLMSGCKRLOHLNFSAMPKRLRLWIGDCPLIEALSDEGIGNLVSLQELHLQNCCKLENLPSRDAMRRLTK  
 QLSDLREITIAFGIEALPPRLDNLTSLESLVLSGCKRLOHLNFSAMPKRLRLWIGDCPLIEALSDEGIGNLVSLQELHLQSCCKLENLPSRDAMRRLTK  
 QLSDLREITIAFGIEALPPRLDNLTSLESLTIERCKRLOHLNFSAMPKRLRLWIGDCPLIEALSDEGIGNLVSLSEELYLQDCEKLEHLPSRDAMRRLTK  
 HLTAERLYIKGFSGEG-----FEEALPDWLANLSSLOSLWIENCKNLKYLPSSTAIQRLSK  
 1310 1320 1330 1340 1350 1360 1370 1380 1390 1400  
 ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|  
 LWYL-KIKGCPKLEESCNRSGPNTQWSNISHIPKVKVGGSIIOQLHKSHF-----|....|....|....|....|....|....|....|  
 LQSL-QINGCPKLEESCNRSGPNSQWSNISHIQRIEVG-----|....|....|....|....|....|....|....|  
 LRL-L-NIKGCPQLEESCNRSGPNSQWSKISHIPQISVEFTTIQDLR-----|....|....|....|....|....|....|....|  
 LQSL-KIKGCPKLEESCNRSGPNSQWSNISHIPKVKVGRSIIQDLPQTPS-----|....|....|....|....|....|....|....|  
 LWNLR-IEGCPKLEESCNT-----SQWSKISHIPNIEVGGRIIKDRRTTVHSLWDTFEMGLWLNLFELKSTYETSKTKQKICGCMRSYTCGLSSVPFW  
 LWNL-GIEGCPKLEENCIN-----SQWSKISHIRNIEVGGRIIKDR-----|....|....|....|....|....|....|....|  
 LWNM-RIKCPKLEESFTN-----YSQWSKISHISNIEIAIIDVSVVNOAKS-----|....|....|....|....|....|....|....|  
 LWNL-EIKGCPKLEESCNT-----SQWSKISHIPNIEVGGRIIKDR-----|....|....|....|....|....|....|....|  
 LWNL-QIRGCPKLEESCNT-----SQWSKISHISNIEVGGRIIDDR-----|....|....|....|....|....|....|....|  
 LWNL-EIIGCPKLEESCNT-----SQWSKISHISYIEVGGMIINDRHICSV-----|....|....|....|....|....|....|....|  
 LWNM-RIKCPKLEESFTN-----YSQWSKISHISNIEIAIIDVSVVNOAKS-----|....|....|....|....|....|....|....|  
 LKELRIWGGCPHLSENCRKENG--SEWPKISHIPKIYIR-----|....|....|....|....|....|....|....|  
 1410 1420 1430 1440 1450 1460 1470 1480 1490 1500  
 ....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|....|  
 -----RIPLYQCLSKSLFLQFPSPRIF-----|....|....|....|....|....|....|....|  
 -----KFLFLFSQFSFNFPLELFTFEIFTPLKMCFN-----HQSLYSLS-----|....|....|....|....|....|....|  
 -----GPTNISHIPKIEWVGLPIPSKVILEHCCGISENPWAAITSGELSIR-----ILLPSLHKAG-----|....|....|....|....|....|....|  
 PCLSFYSPLIMSDPILLSQPLVSMDAVGRMLWYKNSLQIAT---FCFSGDCG-----CTKLESLS-----|....|....|....|....|....|....|  
 -----HYQS-----IASMLCFQHSACPLELI-----CCSSNS-----SSMVTSS-----|....|....|....|....|....|....|  
 -----YEQQAITGATVILYEEQSSSTVDSLWDTFMSIFGELQSTYETSKTKR-----IGCSMRSYTG-----|....|....|....|....|....|....|  
 -----LIMSDPPLSQIVRNKQILSICHIIYSKAKMKIMQIATFCFSGDCG-----CTKLESS-----|....|....|....|....|....|....|  
 -----RTMVKGEDWNVVDIGAVGDSGCTKLENSNLTSLVHLAVSNVKELTCLPDEMLRNNVSLQIMI FHCGEFRELPQSLYNLHSLKRLEI-----|....|....|....|....|....|....|





ABF81421	1710	1720	1730	1740	1750	1760	1770	1780	1790	1800
77023c5794	.... .... .... .... .... .... .... .... .... .... ....									
77023c5795										
77023c671										
77023c7063										
77023c7064										
122B15C88										
122B15C247										
CHC_B2-1										
CHC_B2-2										
CHC_B2-3										
CHC_B1-2										
CHC_B1-1										
137D14c131										
137D14c132										
ABF81421	1810	1820	1830	1840	1850	1860	1870	1880	1890	1900
77023c5794	.... .... .... .... .... .... .... .... .... .... ....									
77023c5795										
77023c671										
77023c7063										
77023c7064										
122B15C88										
122B15C247										
CHC_B2-1										
CHC_B2-2										
CHC_B2-3										
CHC_B1-2										
CHC_B1-1										
137D14c131										
137D14c132										
ABF81421	1910	1920	1930	1940	1950	1960	1970	1980		
77023c5794										
77023c5795										
77023c671										
77023c7063										
77023c7064										
122B15C88										
122B15C247										
CHC_B2-1										
CHC_B2-2										
CHC_B2-3										
CHC_B1-2										
CHC_B1-1										
137D14c131										
137D14c132										
ABF81421										



77023c5794  
77023c5795  
77023c671  
77023c7063  
77023c7064  
122B15C88  
122B15C247  
CHC\_B2-1  
CHC\_B2-2  
CHC\_B2-3  
CHC\_B1-2  
CHC\_B1-1  
137D14c131  
137D14c132  
ABF81421

HervaseMERRGHIGTFCISGAGDLGYTIKWAGSAKMTVEQLQOEVTTFGGIKVDLILDIYASNTFHPYCCLKIISKNGGS

1xx1xx1xx1x1xxCxx1xxxP

Фіг. 5 : Організація білкового домену у Rpi-chc1.

N-кінцевий СС-домен містить амінокислоти 1-231. Амінокислоти, позначені зеленим затемненням, як передбачають, згортаються у виту спіральну структуру за допомогою «витого» алгоритму з розміром вікна 14. Центральний домен NB-ARC містить амінокислоти 232-557. Амінокислоти з червоним затемненням проявляють подібність до попередньо описаних кінази 1а, кінази 2, кінази 3а, GLPL, RNBS-D та MHD доменів, відповідно. С-кінцевий LRR-домен складається з 29 недосконалих збагачених лейцином повторень. Консервативні гідрофобні амінокислоти (A, V та F) відмічені рожевим затемненням. Консенсус показано внизу.

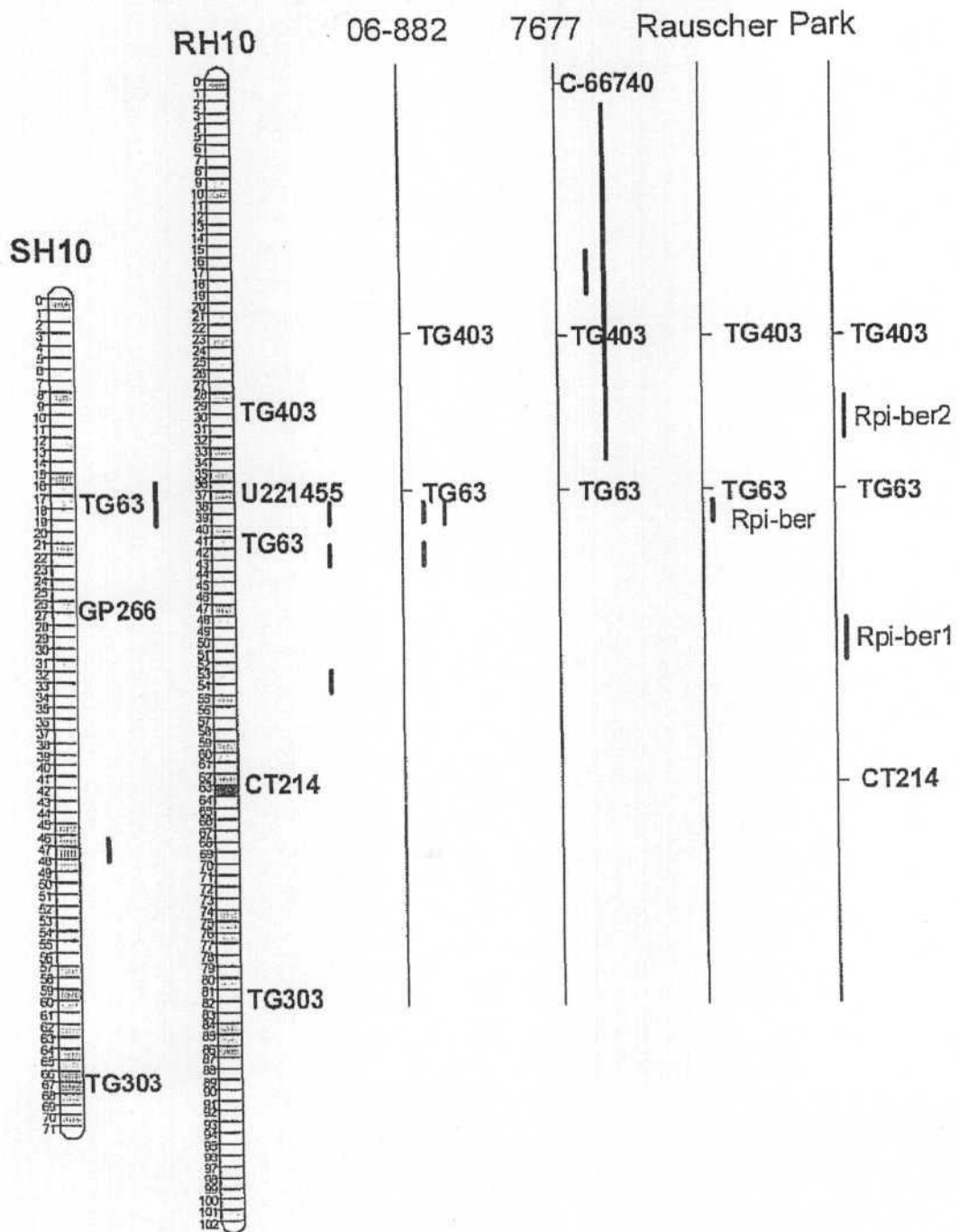


Fig. 6

Фир. 7

ACGCATCAGGAAGAGAGAGGAGATTTGTCCCTTTTCATTCCCTCTTCTTCATCATCTTTTGTGAGTAGATGT  
 TCTTTTGTCTGGGTTTGTCTCTACGTTGAAAGAAATCCACTAATGTTACAACAAGTGGAAGAGAATACA  
 TGATTGTACTGGACTTTTTTTTCCATATATAAATAAAAAATGACTCAAACAATAAATAAATTTAC  
 TTGTACAAATCATATATATATATCTATATATAAATAAGCCACAATGCAAATATATATAAAGTATTT  
 AGTTACATTGTAACATCTTGTAGCTTTCAACCAAAAGCTAACAAGATTTTTAGTTACATATTTATTA  
 TTTAGTTAAATAAATAATATGTCATTGTATGAGCTATTTATTACTCATTCCTTTTGAATTTGTTAATAT  
 GATTTTGATATGACACATAGTTTACGAAAGTAAATTAGATTTTTAGAAAAACATTATTTACGAAAGTA  
 AATTAGATTTTGGAAAAACATTAAAGTCATACTTGAAGTTGTCCCAGATTTTCAAAAAGACACCTTAA  
 CTTTGCCTGCGTCTTATTACCCCAACAAACATTCAAAATCACAATAAATACACATTTTTTACACAATAT  
 TTTTCAATTTGGACAAAAATATCCTTCGAATGTGCAATTTCTTAAAAACAAAAGTCGGACCCATTATTG  
 ATGTATTGAAGGATGCTTTGGTCATTTCCATGATGAATTAGTTTGTGTTTCTTTTAAATTTATTT  
 TACTATACTAAATAATTGTATAAAATATTCTGAATCACGATAATTAATTACTTAAATATTTAAAAAGATA  
 TAAAAATATATAAAGATCTTATTGACTCTTCAATTTTACCAGTGACACATAAATTGGGACAAATGAA  
 ATAATATATATTTTGAATTTCTTAGAAAGTACTATAAATTACAGTAATTAACAGCTAGAAATATT  
 TCAAAGACAAAAAATTTGATTGAATCTCAAAATATCTTTAGTACTACATAAATTGAGAAAGAAGAAA  
 TAACCTCTATTTTAAATGACGTAAAAATATTACAAATCATACAATAAGAATTAACAATTTAAAC  
 TTTAAAGACTTTTAAATGCTTTATACTTATTCTATTTTCACTTTGGACAAAAATATCCTCCCAATATGCA  
 TATTTTTTAAACAAAAGTGGGACCTATTATTGATGTATTCAAGGATGCTTTGGTAATTTTCCCTATGAT  
 GAATTCGTTTTGTTTGTGTTAATTTTTTTTAAATAATTGTATAAAATATTATAAATCACAATAATT  
 ATTTACTTAAATATTCAAAGATATAAAAAATATGTAAGATCTTATTAATCTTCAAATTTTATCGGT  
 GACACATAAATTGGACAAATGAAATAATATATATTATTGAAATTTACTTAGAAAGTACAAATAATTAC  
 AGTAATTAACAATAGAATATTTTAAAGACAAAAAATGATTGAATCTCGAAATTTTATTAGTACCACAT  
 AAATTGAGAAAGAAGAAATAACCTTTATTATTTCAAAATTGCGTAAAGATATTACAAATCATACAACA  
 ATAATTAGCAATTTAGAAATGTTAAAGACATAAAATCTTTTTTACCATAGCTAACAATAATTAAAAAT  
 TTAAACTATTTTAAATTAATATTAAAGTTTGATTAACACTTTAATTTTGTCTTTGCCACATAAATTGAA  
 ACAAATAATGATATATATTGGGCCCGTGTAGCACGGGCTCCGATGTCTAGTATATATATATATATATA  
 TATATAGGAGAAACATAGAGAAGGTGATGTGACACCTCTCTATGGCCTCCATTTCATATATTTTTTTTC  
 CTTTTTTTCTTATTTAAATCAATTTATTTATTGTAAAAGTAAATTGATTAATTTTTTGTAAATAAATAT  
 TTTATTAATAGAGGAACAATTACAACAAAAACCTTCATATGCCAATTAACAAAGAGTAACATCTATA  
 ACTCACACCTCTCTAATTTTCAATTTTAATAAATTTATTTTTATTTGTATCTCTTTTTTACCTTCTTC  
 TAATCGTAAATGACAACATTTTTTTAAATATCTTCTCTCTTATTATTAAATTTCTTTACAATCTATC  
 TATATCGATGTATTTTAAAGTATTAACGTTTTCAATGCTTATTTATGTTTGTATGCTTTGGATTGACTTGAA  
 AGAAGATGAAGGCTATTGAATGATGGCTATGGCTTTGTGAAATGATGTCAATAAAGCTCAAAAAAT  
 GTATATTAATTTCAATTTTAAAAATATTTTAAATAATTAAGAACATAAAAAATAACAATTATTTATTAT  
 TTTAATTTCTTTCATGATTTCTCTTTATCAAACATCAAAAGTTCATTTTATAAATGGATTGCACCTAGAG  
 TTGCATTTCCCATCATAAATATGATTATTTTAAATCATTATATGTGTAAGAGCCGTTTTTAAATTC  
 TGTATTGCGATTCTAATATTAAAAAATAAATTTATAATGTTTACTGATTTTTATAGTAACACTGTA  
 CTAATGATTTGTTTTTCTTATCTGACTATATTAATTACTTTTCATATTCTCAAATTAATGGGATAAT  
 TAATGGGTAATAATGTTTATACCTCTTCATATTTTATAACATGTTTTATGCGTGATTTCTGTAATAGC  
 TTTTCTTATATTTTATGTTGAGACTTTGAAAATATATTTTGGTTATTTATCTTTATTATTGTGAAGTTA  
 GAAGATGAAAAGGGAATATGATTGGACAATTTTCAAAGATAATGAGTAATTATGTCGGAAAGTATTTG  
 AGGAGATTAAGTTAAAAGATTAAAAATAAATATTCTGTTTTTAAATTTAGTAATACATATACCTGAA  
 AAAGAATTTGATTTTCTTGAACCTCTATCCTTTCTTTACATTCTTTTAAACAATAAATAAATATCATT  
 TCATTATATAGATTATACATTATACAAGTTTTATAGAGGCTCTGAATTTTCAAGTGCTGAAAAATC  
 ATAGAAAATGTACTAATAATATAATTGATTAGAATATTATACAAGTTTTATGGAAGGCTCTGAATTTT  
 TAAGTGCTAAAAAATCATAGAGACTTTACTAATAATATAAATTGATTAAATTTAAAAATATTTAAGAAAAA  
 ATCTAATATCAAAAATTCATACGCGCGAAGCGCGAATAAGTTCTCTGTAAAAATGTAAATAGAAGTGC  
 TTGTACAAATAAAACAAAAGCTACTTAAATAAATTAATATAAAGGGAAAAAGAGACTCAAACCTGGTT  
 TCATCCACATGTATTTTTTTTTTATTACTGTTTGAATGATTGTATATGAATTATTGTCTTCTGCTCGAGT  
 ACTCTACAAACAAGTACCAACGAGAGCTTACTTTGAGAAGACTTTGTTGCAACAGCTCAGGAAGAAG  
 ACTTTGGTGCAGACTGCAGAGGAAGAGGAAGCAACACACAATGGCCGATCCTGTAATTGGTGCCTACT  
 GTTCAAGTTTTGCTTGAAGGTTGATTCTCTCACTATCGAGGAAGTCAACAGCTCAAGGGATTTCAAC  
 AAAGATCTCGAATGTTGACACAAAATGTATCTTTAATCCAGGCTTTCAATCATGATGTTGAACACCA  
 CAAGAGAAACAACAGCTCTGTGGAACAATGGCTCAACAGGCTTGAGAGAGTTGCTGAAGATGCTCAAAAT  
 GTGTTTGTATCGATTATATATGATCTCTCAAAACAAAAGTGGTGAGGAGCCGATTGAAAAGGTCAGT  
 GGTTCCTTTTCTCATACTGCTTTTAAAGAGAAAAATGTCTCAAAAAATCAACAACATCAATAAAGAGTTG

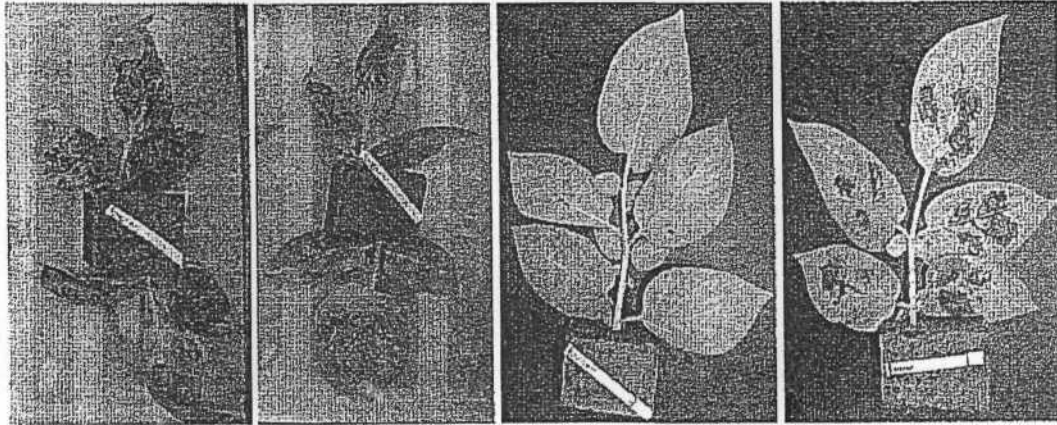


Fig. 8

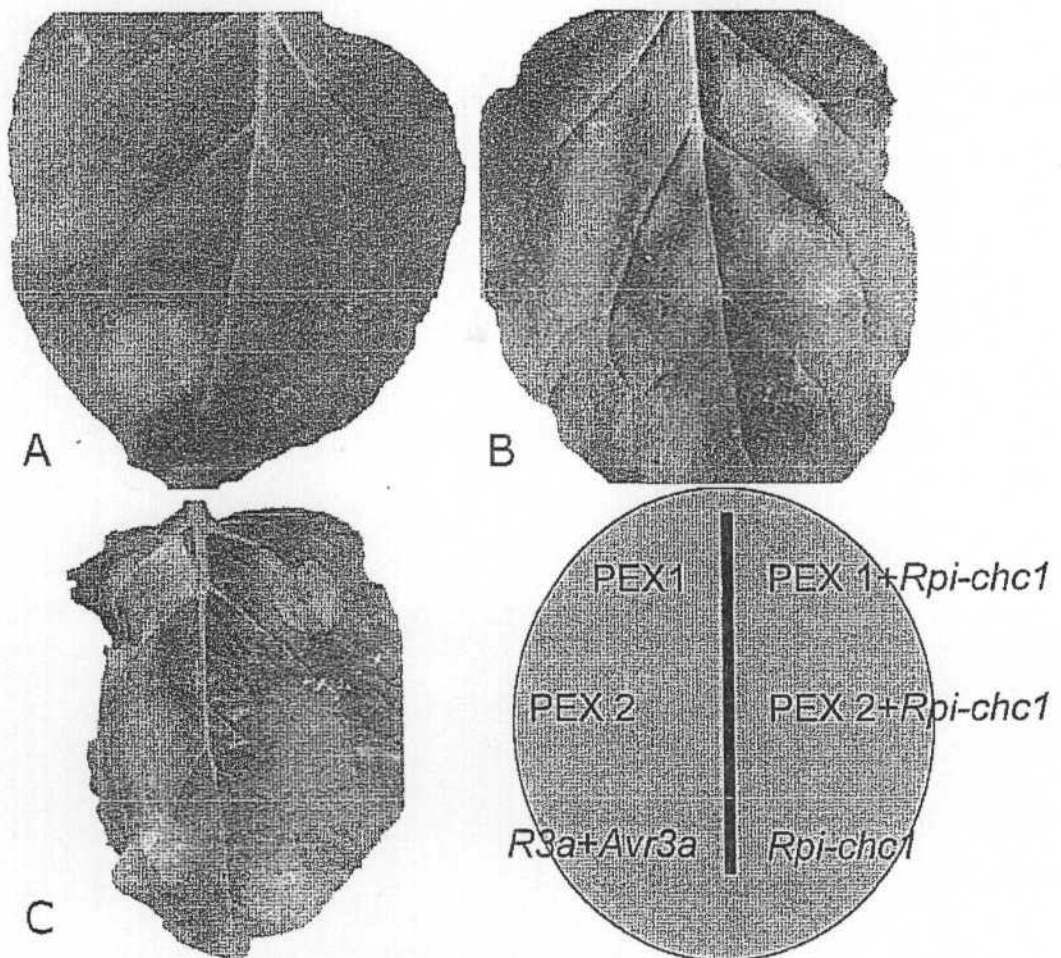


Fig. 9



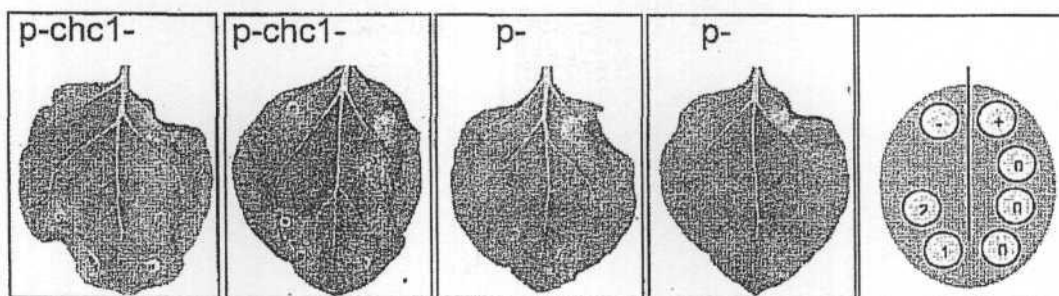


Fig. 10

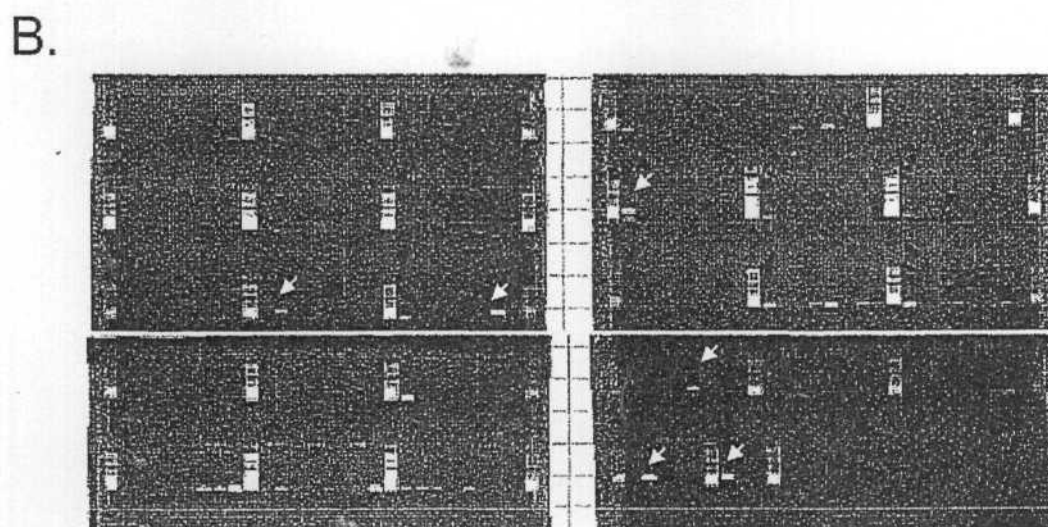
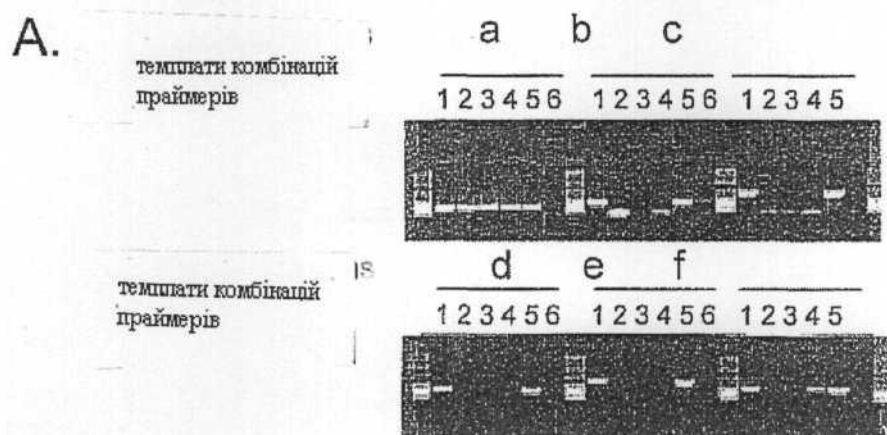


Fig. 11

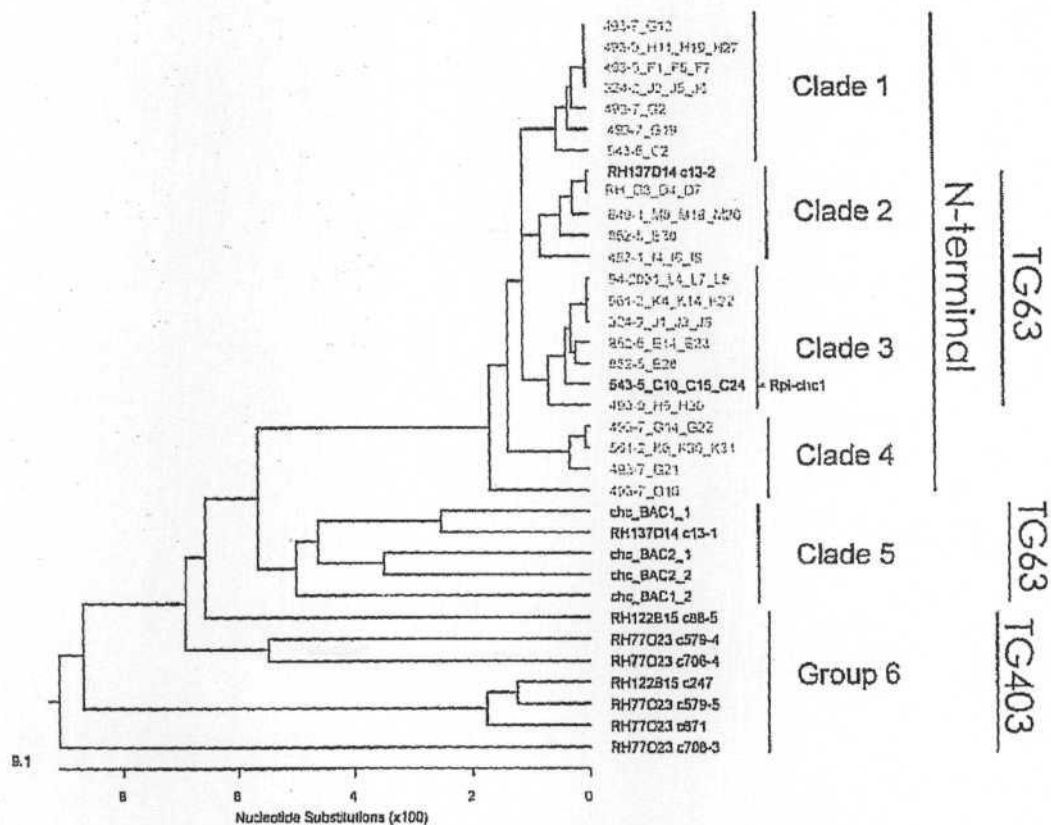


Fig. 12

>493-7\_G12

ATGAATATTGTCTTCCTTCGAGTACTCTACAAACAACTACCAAACGAAGACTTACTTTGAGAAGACTTTGTTGCA  
AACAGCTCAGGAAGAAGACTTTGGTGCAGATTGCAGAGGAAGAGGAAGCAACACAACATATGGCCGATGCTGTAAT  
TGGTGCCTACTGTTCAAGTTTGGCTTGAAAAGTTGATTCTCTCACTATCGAGGAGGTCAACAGCTCAAGGGATTTC  
AACAAAGATCTCGAAATGTTGACACAAAATGTATCTTTAATCCAAGCTTTCATTGATGTTGAAACACCACAAG  
AGAAACAAACAGTCTGTCGAACACTGGCTCAACAGGCTTGAGAGAGTTGCTGAAGATGCTGAAAATGTGTTTGATCG  
ATTGAGATATGAATCTCTCAAAACAAAAGTGGTGAGGAGCCATTGAAAAGGTGAGTGGTTCTTTCTCATACT  
GCTTTTAAAGAGAAAATGTCTCAAAAATCAACAACATCAATAAGAGTTGACGGCTATCAATAAGGTAGCCAAAG  
ACCTCGGTCTACAATCACTCATGGTACCTTCTCGGAAAATACCTACCAATTCGAGAAACAGATTCCCTCGTAGGTGC  
TTCTGATGTTGTTGGTAGAGATTTAGATGTTGCTGAGATAAAGGAGAAGATTTGAAGATGAGAGAGGAGGATGTT  
GTTCTGTCCACCATTCCCATAGTAGGTATGGGAGGTTTAGGGAAAACAACCTGTGGCTAAGAGGATTTACAATGATG  
AACACATCAAGCAAAATCTTTAAAGAGAGAATTTGGTTGTGTATACCTGAAATGTCTGAAACGAAGAGCTTTCTTGA  
ACAAATCTCGAATCGTTGATAGAGAGGAAAATTTAGGTTGAAAGGAGAGATATAATAGTCAAGAAGCTACAAGAT  
GAATTGGGAGGAAAAAATATTTGCTAGTCTGGATGATTGTGGCGTGTGACTCTACATCGTGGCATGAGTTGCG  
TCGACACCCTGAGAGGAATAATACATCCAGAGGAACTGCATTCTTGTGACTACTCGTATGAAGCGGTGGCATC  
CACAGTAGCAACAGATCTTCATATCTTGGGGAAGTTAACAGAAGATCATGTTGGTCTATTTCAAACAAAAGCA  
TTTGTGATGGCAGGTTCCAGAGGAATTAGCGAGCATGGGCAACAATATTTGTTAAAAATGTGCCAAGGTCTACCGT  
TGGCTGCAAGTGCATTGGGAGGGCTCTTACACAACAAAGAAAACATGAATGGCAAGCAATCTTGATGGCAACCT  
CCTTGTTCAGGTGAAGATGATAATGGAGAAAATAGCATAAAGAAAATCCTAAACTCAGCTATGATTATCTACCA  
TCTCCACATCTGAACAATGCTTTGCTTACTTTGCAATGTTTCCAAAAGATTATATGTTTGAAGAGGACCACTAA  
TCCAATCTGGATGGCAGAAGGCTTTCTTCGTCCAAGTCAAGAGATCCCTGTGATGGAAGACGTTGGGCACAGGTT  
TTTTCAAATCTTGTGCAgAATTCCTTGCTACAAGATGTTGTGTTAgATGAACACAACAATATAACACACTGTAAG  
ATGCACGATCTTGTGCATGATTGGCTGGAGATATCTTAAATCTAGACTATTTGATCCGAGGGGCGACAATGGAG  
AAAAACTTCTCAAGTTCGATACCTTTGGATGTGAGTCAACAAAGGATCAATAGATAAGATATATGAGCCAGAACG  
TTTGTGCACACTGTTTGGAGAAGCAATATACATCTAAAGATATGCTGTTGAACTTTAAGTTCTTGAGAGTTTGA  
GATTTGTCCAGTTCAGGAATCAAGGAGTTGTCAGCCAAAATCGGGAAGCTGATATACTTGAGATATCTTGATCTCT  
CGAACACTGAGATCACAGCCTTGCCCAACTCCATTTCGAGCTCTATAATTTGCAACATTTAGAGTCATCAACTG

Fig. 13

ACGECTATCAATAAGGTAGCCAAAGACCTCGGTCTACAATCACTCATGGTTCCTTCTCGGAAAATACTA  
 CCAATTTCGAGAAACAGATTCCCTTTGTAGTTGCTTCTGATATTGTCCGTAGAGATTGGATATTGCTGAG  
 ATAAGGAGAAGATTTTGAACATGAGAGAGGAGGATATTGTTCTGTCCACCATTCCCATAGTAGGATG  
 GGAGGTTTAGGGAAAACAACCTGTGGCTAAGAGGATTTAGAATGATGAACACATGAAGCAAATCTTTGAA  
 AAGAGAATTTGGTTGTGTCTACCTGAAATGTCTGAAACGAAGAGCTTCTTGAACAAATCCTCGAATCG  
 TTGATAGAGAGGAAAATTGAGGTTGAAAGGAGAGATATAATAGTCAAGAACCTAOCAGATGAATTGGGA  
 GGAAAAAATATTTGCTAGTCTCGGATGATTGTGGTGTGTTGACTCTACATCGGTGGCATGAGTTCAATT  
 GACACCTTGAGAGGAATAAATACATCCAGAGGAACTGCATTCTGTGACTACTCGTAGGAAGCAGGTG  
 GCATCCACAGTAGCAACAGATCTTCATATCTTGGGGAAGTTAACAGAAGATCAATTGTTGGTCTATTTTC  
 AAACAAAAAGCATTGTTGATGGCAGGCTCCAGAGGAATTAGCGAGCATGGGCAACAAGATTGTTAAA  
 ATGTCCCAAGGTCTACCGTTGGCTGCAAGTGTGTTGGGAGGGCTCTTACACAACAAAGAAAAACATGAA  
 TGGCAAGCAATTCTTGATGGCAACCCTCTGTTGCAGGTGAAGATGATAATGGAGAAAAATAGCATAAAG  
 AAAATCTTAAATCTCAGCTATGATTATCTACCATCTCCACATCTGAAAAATGCTTTGCTTACTTTGCA  
 ATGTTTCCAAAAGATTATATGTTTGAAGAGGACCACTAATCCAOTCTGGATGGCAGAAGGGTTCTT  
 CGTCCAAGTCAAGAGATCCCTGTGTGATGGAAGAGCTTGGGACAGGTTTTTCAAATCTTGTTCGAGAAT  
 TCCTTGCTACAAGATGTTCTGTGTAGATGAACACAACAATATAACACACTGCAGATGCACGATCTTGTG  
 CATGATTTGGCTGGAGATATCTTAAATCTAGACTATTTGATCCGAAGGGCCACAATGGAGAAAACTT  
 TCTCAAGTTTCGATACTTTGGATGTGAGTCCCAACGGGATCAAAATAGATAAGATATATGAGCCAGAACGT  
 TTGTGCACACTGTTTTGGAGAAGCAATTATACATCTAAAGATATGCTGTGAACTTTAAGTTCTTGAGA  
 GTTTTAGATTTGTCCAGTTGAGGAATCAAGGAGTTGTGAGCCAAATCGGGAAGCTGATATACTTGAGA  
 TATCTTGATCTCTCGAACACTGAGATCACAGCCTTGCCCAACTCCATTTGCAAGCTCTATAATTTGCAA  
 ACATTTAGAGTCATCAACTGCTTTTCACTCCAGGAAGCTTCCATATGAGATGAGAAATATGATAAGTTTG  
 AGACACATATATTACACTTCTGTTGACGAACAAGTGGGCATTGGGGAGGATGGTCTCTTACAAATGAA  
 CATTTTCAGATTCCACTTAATATGGGGCAATTGACTAGTGTTCAAACCCCTCAAGTTTTTCAAGGTAGGT  
 TTAGAGAAAGGTGCTCAATAGAAGAAATAGGTCATTTGAAAAACCTAAGAGGTGAATTGACGATCAAT  
 GGTCTCCAAATGGTCTGTGATAAAGAAGAGGCTCAACAGCATATTTACACGATAAACCAACATCTGC  
 AAGCTGGGATATTTATGGTCCCATGATGAPTCAGAAGGCTGTGAGATCAATGATGAGCATGTTTGGAT  
 GGTCTTCAACCGCATCCTAAGTTGAAAACCTTAGCAGTAGTGGACTATTTAGGGACTAAATTTCTTTCA  
 TGGTTTCAGTGAAGAGTGGCTACCAAAATTTGGTCAAGTTGAAATTAAGTGGTAGCAAAAGGTGCAAAAGAA  
 ATTCCATCCCTTGGCCAACTGAATTTCTTCCGGCATGTTGAGCTGATAGGATCCATGAGTTGGAATGC  
 ATTGGACCTGCTTTTATGGTGTGAGATGAGAAATATTGGATCAACAGCATTTATCCAACTGTTTCCCG  
 TCATTGAAAAACTAGTATTCAAGGATATGCTAGCCTTATTGAGTGAAGGGAGATGAAGTTGGAGTA  
 AGAATGTCTCCGCTCTTGAGAAGTTGGCGATTACAGACTGTCCATTGTTAAAAAGTATCCGAATCAA  
 TTTGAATCTCTCCGTCATTAATAATTACAGGAGTTGACAGTGAAATGCCATTGTTGAACTTGTGCGAGC  
 AACTTGAGATCTCTGGTAAAGCTTAGAGTCTATGATATGAAAGAGCTCACTTGTCTTCCAGATGAGATG  
 CTACGTAACACCTTCTCTTCAACAGATATATATTTCAACTGCGGAGAGTTTCGTGAATGGCCACAA  
 AGCTGTACATCTCCATTCTCTTAGGAGATTAGCAATTTACAACCTGCACCAATTTGAGTTCTCTTCT  
 GTTCCCAATGGAGACAAGTATTTGACTTCCCTCGAATTTCTTTTGCTTACATAATTGTAATGGATGATC  
 AGTATACCAATTGGAATGCTAGATCAATGCCGGCTAGTGTGTTTTGAATGTGAGCTGTATCAAGATTG  
 GTTTTCAATCCCTGTACATGTGTGGGAAATGCCTTCACTTTCATATTTGCTTATATCAGAAATGTCCAAA  
 TTGATTAGTGTACCCAAAGTGGGCTTCAACATCTCAACGGGTAGTGAGATTGGGAATTTGGTCTTTTC  
 TGAGAGATGGTGGATTTGATGCAATCCAAATGATTTTAAATGGCATTCAGCAGTTGTTGTCCTTCCGT  
 GATCTGGAGGTGTACCGAGCTGGGCACTGGGATTCTGTGJCCATATCAGCTTATGCAACTCTCTGACCTA  
 AGAGAGATCAAAATAGCTGATTTGGAATTTGAGGCTCTTCTCGTACICTTGACAACCTTACTTCTCTT  
 GAAAGTTTGACGCTAGTGAGGTGCACAGCTACAACATCTGAACCTCTCAGATGCCATGCCCAATTA  
 CGGCTCCTGTGGATACGTGATTTGTCATTGTTAGAAGCTCTGTGGATGGGCTCGGCAACCTTGTCTTCT  
 TTGGAAGAATTATATTACATGACTGCGAAAAACTAGAGCATCTACCGTCCCGAGATGCCATGCGACGC  
 CTCCTAAATTTATGGACATGAGAAATTAAGGATGCGCAAGTTAGAAGAAAGTTTACCCAACCTACTCC  
 CAGTGGTCCAAAATTTCCCATATTTCAATATTTGAATAGGTGGGTGGAGAAGGACAGGCATAAGCTCTC  
 GGTCTTCTCTTTCATTTCTGAGTCTGCTTGCAATTTTAAATAGAAATATTTTCCACGAGTTCCAAAAA  
 AGAAGTTTTGTAAGTAATGTAATAATTTTTCTTGAATTTATTTTGACATAAAAAAAGCTAGATTAT  
 CAATCAATTGCATCTGTTGCTATGCTTTCAGGATCTGCTTGTCCACTTGAAGTGAATTGCTGTTATTC  
 TAAAAATTATGTTTCTTTTCTTATAGATAGCCATTATAGACGTCTCTGTGGTAAATCAAGCCAAATCA  
 TATGAGCAGCAGGCAATTACGTAAGGTAAATTTTCAATTTATAATTTATAGGCACTTTGTAATCTACTTG  
 TTTCTATCTTTCTTTTGTGGAAACCAATTTTTGGAGGTCTATGCTGATGAATACAACATTACCTTCC  
 TTAAAAAAGTTTTAATCATGAAAAATTTATGATTTCTGCTCATAGGTTACTAGGTACAAGGACATGGTA  
 GAACATCGTTGTGGTATATCTAGTCAAAATCCATGGGCAGAAATCATGTTAGGCATTTTTATTTAGTTGT  
 TAGAGGAATGCTATAACAAGTTTGTAAAGTTTCTCTTTTTTACTTTTCTCTCATGAAATAATT  
 TTAATGTTTAAACGGGACTTGTGCTGTTTACAGAGGAACCG



CTTTTCACTCCAGGGACTTCCATATGAGATGAGAAATATGATAAGTTTGAGACACATATATTACACTTCTATTGAC  
 GAAACAAAGTGGGCATTGGGGAGGATGGTGTCTTCACAATGAACATTTTCAGATTCCACTTAATATGGGGCAATTGA  
 CTAGTCTTCAAACCCCTCAAGTTTTTCAAGGTAGGTTTAGAGAAAGGTCGTCAAATAGAAGAATTAGGTCAATTTGAA  
 AAACCTAGGAGGTGAATTGACAATCAATGGTCTCCAATTGGTCTGTGATAAAGAAGAGGCTCGAACAGCATATTTA  
 CACGATAAACCAACATCTGCAAGCTGGCATATTTATGGTCCCATGATGAATCAGAAGGCTGTGTGATCAATGATG  
 AGCATGTGTTGGATGGTCTTCAACCGCATCCTAACTTGAAAACCTTAGCAGTAGTGGACTATTTAGGGACTAAATT  
 TCCTTCATGGTTCAAGTGAAGAGTCGCTACCAAAATTTGGTTAAGTTGAAATTAAGTGGTAGCAAAAGGTGCAAGAA  
 ATTCATCCCTTGGCCAACTGAAATTCCTTCGGCATCTTGAGCTGATAGGATTCCATGAGTTGGAATGCATTGGAC  
 CTGCTTTATATGGTGTGAGATTAGAAATACCGGATCAAACAGCAATATCCAAGTGTTCCTCATTTGAAAGAACT  
 AGTATTGGAGGATATGCGTAGCCTTATTGAGTGGAAGGGAGATGAAGTCGGAGTAAGAATGTCTCCCGGCTTGAG  
 AAGTTGCGGATTACAGACTGTCCATTGTTTAAAAGTATTCCAATCAATTTGAAATCCTCTGTGAATTAGAAATTA  
 GAGGAGTTGACAGTGAAATGCCATTGTTGAACTTGTGCAGCAACTTGACATCTCTCGTAAAGCTTAGTGTCTATGA  
 TATGAATGAGCTCATTGTCTTCCAGATGAGATACTACGTAACAACGTTTCTCTTCAACAGATAACGATTTTCAAC  
 TGTGGAGAGTTTCGTGAATTGCCACAAAGCTTGTACAACTCTCCATTCTCTTAAGAGATTAGACATTTCAACTGCA  
 CCAACTCAGTTCTCTTCTGTTCCTTCCCAATGGAGACAACATATTGACTTCCCTCGAATTTCTTTCTTATATAATTG  
 TAATGGATTGATCAGTATACCAATTGGAATGCTAGATCAATGCCGGTCTCTAGAGTTTTTGCATGTGAGCTGCTGT  
 AACAACTTGGTTTTCTTCCCTTACATGTGTGGGAAATGCCTTCAATTTTCAATTTTGGATATAAGGAATGTCCCA  
 AATTGATTAGTGTACCCAAAGTGGGCTTCAACATCTCACCAGGTTATTGAGTTTGGGAATTGGTCTTTCTCAGA  
 GATGGTGGATTTTGATGCATTCCAATTGATTTTAAATGGCATTGAGCAGTTGTTGTCCCTTCGTGATCTGGAGGTG  
 TACGGACGTGGGCACCTGGGATTCTCTGCCCTATCAGCTTATGCAACTCTCTAACCTAAGAGAGATCACAATAGCTG  
 ATTTTCGGAATTGAGGCTCTTCTCTTAGACTTGACAACCTTACTTCTCTTGAAGTTTGAACGTAGACAGGTGCAA  
 ACGGCTACAACATCTGAACCTCTCAGATGCCATGCCCAAATTACGGCTTCTGTGGATAAGTGATTGTCCATTGGTA  
 GAAGCTCTGTGCGATGGGCTCGGCAACCTTGTCTTTTGAAGAATATATTTCAGGACTGCGAAAACTAGAGC  
 TTCTACCGTCCCGAGATGCCATGCGACGCCCTCACTAAATATGGAACATGGGAATTAAGGATGCCCAAAGTTAGA  
 AGAAAGTTTCAACCACTACTCCAGTGGTCCAAAATTTCCCATATTTCAAATATTGAATTAGGTGGGTGAGAAAGG  
 ACAGCCATAAGTCTCGGTTTCTCTTCACTTTCTGA

>493-9\_H11\_H19\_H27

ATGAATTATGTCTTCTTCGAGTACTCTACAAACAACCTACCAACGAAGACTTACTTTGAGAAGACTTTGTTGCA  
 AACAGCTCAGGAAGAAGACTTTGGTGCAGATTGCAGAGGAAGAGGAAGCAAAACCAACTATGGCCGATGCTGTAAT  
 TGGTGTACTGTTCAGTTTTGCTTGAAAAGTTGATTTCTCTCACTATCGAGGAGGTCAACAGCTCAAGGGATTTT  
 AACAAAGATCTCGAAATGTTGACACAAAATGTATCTTTAATCCAAGCTTTCATTATGATGTTGAAACACCACAAG  
 AGAAAACAACAGTCTGTGCGAACACTGGCTCAACAGGCTTGAGAGAGTTGCTGAAGATGCTGAAAATGTGTTTGATCG  
 ATTCAGATATGAATCTCTCAAAACAAAAGTGGTGAGGAGCCATTGAAAAGGTCAGTGGTTCTTTTCTCATACT  
 GCTTTTAAGAGAAAAATGTCTCAAAAAATCAACAACATCAATAAAGAGTTGACGGCTATCAATAAGGTAGCCAAAG  
 ACCTCGGTCTACAATCACTCATGGTACCTTCTCGGAAAATACTACCAATTCGAGAAACAGATTCTTCTGTAGGTGC  
 TTCTGATGTTGTTGGTAGAGATTTAGATGTTGCTGAGATAAAGGAGAAGATTTTGAAGATGAGAGAGGAGGATGTT  
 GTTCTGTCCACCATTCCCATAGTAGGTATGGGAGGTTTAGGGAAAACAACCTGTGGCTAAGAGGATTTACAATGATG  
 AACACATCAAGCAAACTCTTAAAGAGAGAATTTGGTGTGTATACCTGAAATGTCTGAAACGAAGAGCTTTCTTGA  
 ACAAACTCTCGAATCGTTGATAGAGAGGAAAATTGAGGTTGAAAGGAGAGATATAATAGTCAAGAACTACAGAT  
 GAAATGGGAGGAAAAAATATTGCTAGTCTGTGATGATTGTTGCGCTGTTGACTTACATCGTGGCATGAGTTGCG  
 TCGACACCCTGAGAGGAATAAATACATCCAGAGGAACTGCATTCTTGTGACTACTCGTATGAAGCGGGTGGCATC  
 CACAGTAGCAACAGATCTTCATATCTTGGGGAAGTTAACAGAAGATCATTGTTGGTCTATTTTCAAAACAAAAGCA  
 TTTGTGATGGCAGGGTTCCAGAGGAATTAGCGAGCATGGGCAACAATATTGTTAAATGTGCCAAGGTCTACCGT  
 TGGCTGCAAGTGCAATTGGGAGGGCTCTTACACAACAAGAAAAACATGAATGGCAAGCAATTCCTTGATGGCAACCT  
 CCTTGTGTCAGGTGAAGATGATAATGGAGAAAATAGCATAAAGAAAATCCTAAAACCTCAGCTATGATTATCTACCA  
 TCTCCACATCTGAAAACATGCTTTGCTTACTTTGCAATGTTTCCAAAAGATTATATGTTTGAAGAGGACCAACTAA  
 TCCAACCTCTGGATGGCAGAAGGGTTTCTCGTCCAAGTCAAGAGATCCCTGTGATGGAAGACGTTGGGCACAGGTT  
 TTTTCAAACTCTTGTGCGAATTCCTTGTCTACAAGATGTTGTTGAGATGAAACACAACATATAACACACTGTAAG  
 ATGCACGATCTTGTGCATGATTGGCTGGAGATATCTTAAAATCTAGACTATTTGATCCGAAGGGCGACAATGGAG  
 AAAAATTTCTCAAGTTGATACTTTGGATGTGAGTCAACCAAGGATCAAAATAGATAAGATATATGAGCCAGAACG  
 TTTGTGCACACTGTTTGGAGAAGCAATTATACATCTAAGATATGCTGTTGAACCTTAAGTTCTTGAGAGTTTGA  
 GATTTGTCCAGTTCAAGGAATCAAGGAGTTGTGAGCCAAAATCGGGAAGCTGATATACTTGAGATATCTTGATCTCT  
 CGAACACTGAGATCACAGCCTTGCCCAACTCCATTTCGAGCTCTATAAATTTGCAACATTTAGAGTCACTCAACTG  
 CTTTTCACTCCAAGGACTTCCATATGAGATGAGAAATATGATAAGTTTGAGACACATATATTACACTTCTATTGAC  
 GAAACAAAGTGGGCATTGGGGAGGATGGTGTCTTCACAATGAACATTTTCAGATTCCACTTAATATGGGGCAATTGA  
 CTAGTCTTCAAACCCCTCAAGTTTTTCAAGGTAGGTTTAGAGAAAGGTCGTCAAATAGAAGAATTAGGTCAATTTGAA  
 AAACCTAGGAGGTGAATTGACAATCAATGGTCTCCAATTGGTCTGTGATAAAGAAGAGGCTCGAACAGCATATTTA  
 CACGATAAACCAACATCTGCAAGCTGGCATATTTATGGTCCCATGATGAATCAGAAGGCTGTGTGATCAATGATG  
 AGCATGTGTGGATGGTCTTCAACCGCATCCTAACTTGAAAACCTTAGCAGTAGTGGACTATTTACGGACTAAATT  
 TCCTTCATGGTTCAAGTGAAGAGTCGCTACCAAAATTTGGTTAAGTTGAAATTAAGTGGTAGCAAAAGGTGCAAGAA  
 ATTCATCCCTTGGCCAACTGAAATTCCTTCGGCATCTTGAGCTGATAGGATTCCATGAGTTGGAATGCATTGGAC  
 CTGCTTTATATGGTGTGAGATTAGAAATACCGGATCAAACAGCAATATCCAAGTGTTCCTCATTTGAAAGAACT  
 AGTATTGGAGGATATGCGTAGCCTTATTGAGTGGAAGGGAGATGAAGTCGGAGTAAGAATGTCTCCCGGCTTGAG

AAGTTGCGGATTACAGACTGTCCATTGTTAAAAAGTATTCCAAATCAATTTGAAATCCTCTGTGAATTAGAAATTA  
 GAGGAGTTGACAGTGAAATGCCATTGTTGAACTTGTGCAGCAACTTGACATCTCTCGTAAAGCTTAGTGCTATGA  
 TATGAATGAGCTCACTTGTCTTCCAGATGAGATACTACGTAACAACGTTTCTCTTCAACAGATAACGATTTTCAAC  
 TGTGGAGAGTTTCGTGAATTGCCACAAAGCTTGTACAATCTCCATTCTCTTAAGAGATTAGACATTTACAACCTGCA  
 CCAACTTCAGTTCTCTTCTGTTCCCAATGGAGACAACTATTTGACTTCCCTCGAATTCTTTTTCTTATATAATTG  
 TAATGGATTGATCAGTATACCAATTGGAATGCTAGATCAATGCCGGTCTCTAGAGTTTTTGTCATGTCAGCTGCTGT  
 AACAACTTGGTTTTCAATCCCTTTACATGTGTGGGAAATGCCTTCATTTTCATTTTGGATATAAGAGAATGTCCCA  
 AATTGATTAGTGTACCCAAAGTGGGCCTTACCATTCTACCGGGTATTGAGTTTGGGAATTGGTCCTTTCTCAGA  
 GATGGTGGATTTTGTATGCATTTCAATTGATTTTTAATGGCATTTCAGCAGTTGTTGTCCCTTCGTGATCTGGAGGTG  
 TACGGACGTGGGCACCTGGGATTCTCTGCCCTATCAGCTTATGCAACTCTCTAACCTAAGAGAGATCACAATAGCTG  
 ATTTTCGGAATTGAGGCTCTTCTCTAGACTTGACAACCTTACTTCTCTTGAAGTTTGACGCTAGACAGGTGCAA  
 ACGGCTACAACATCTGAACTTCTCAGATGCCATGCCCAAATTACGGCTTCTGTGGATAAGTGATTGTCCATTGGTA  
 GAAGCTCTGTCGGATGGGCTCGGCAACCTTGTCTTCTTGGGAAGATTATATTACAGGACTGCGAAAACCTAGAGC  
 TTCTACCGTCCCGAGATGCCATGCGACGCCCTCACTAAATATGGAACATGGGAATTAAAGGATGCCCAAAGTTAGA  
 AGAAAGTTTACCAACTACTCCAGTGGTCCAAAATTTCCCATATTTCAAATATTGAATTAGGTGGGTGGAGAAGG  
 ACAGCCATAAGTCTCGGTTTCTCTTCACTTTCTGA

>493-5\_F1\_F5\_F7

ATGAATTATTGTCTTCTCTCGAGTACTCTACAAACAaCTACCAAACGAAGAcTTACTTTGAGAAGACTTTGTTGCA  
 AACAGCTCAGGAAGAAGACTTTGGTGCAGATTGCAGAGGAAGAGGAAGCAACACAACATATGGCCGATGCTGTAAT  
 TGGTGCTACTGTTCAAGTTTGGCTTGAAAAGTTGATTTCTCTCACTATCGAGGAGGTCAACAGCTCAAGGGATTTTC  
 AACAAAGATCTCGAAATGTTGACACAAAATGTATCTTTAATCCAAGCTTTCAITCATGATGTTGAAACACCACAAG  
 AGAAACAACAGTCTGTGCAACACTGGCTCAACAGGCTTGAGAGAGTTGCTGAAGATGCTGAAAATGTGTTTGATCG  
 ATTTCAGATATGAATCTCTCAAAACAAAAGTGGTGAGGAGCCCATTTGAAAAGGTCAGTGGTTTCTTTTCTCATACT  
 GCTTTTAAAGAGAAAAATGTCTCAAAAAATCAACAACATCAATTAAGAGTTGACGGCTATCAATAAGGTAGCCAAAG  
 ACCTCGGCTCTACAATCACTCATGGTACCTTCTCGGAAAATACTACCAATTTCGAGAAACAGATTTCCTTCGTAGGTGC  
 TTCTGATGTTGTTGGTAGAGATTTAGATGTTGCTGAGATAAAGGAGAAGATTTTGAAGATGAGAGAGGAGGATGTT  
 GTTCTGTCCACCATTCCCATAGTAGGTATGGGAGGTTTAGGGAACAACTGTGGCTAAGAGGATTTACAATGATG  
 AACACATCAAGCAAATCTTTAAAGAGAGAATTTGGTTGTGTATACCTGAAATGCTTGAAACGAAGAGCTTCTCTGA  
 ACAATCCTCGAATCGTTGATAGAGAGGAAAAATTGAGGTTGAAAGGAGAGATATAATAGTCAAGAAGCTACAAGAT  
 GAATTGGGAGGAAAAAATATTGCTAGTCTGGATGATTTGTGGCGTGTGACTCTACATCGTGGCATGAGTTTCG  
 TCGACACCCCTGACAGGAATAAATACATCCAGAGGAACTGCATTCTTGTGAcTACTCGTATGAAGCGGGTGGCATC  
 CACAGTAGCAACAGATCTTCATATCTTGGGGAAGTTAACCAAGATCATTTGTTGGTCTATTTTCAAAACAAAAGCA  
 TTTGTTGATGGCAGGGTTCCAGAGGAATTAGCGAGCATGGGCAACAATATTGTTAAAATGTGCCAAGGTCTACCGT  
 TGGCTGCAAGTGCAATTGGGAGGGCTCTTACACAACAAGAAAAAATGAATGGCAAGCAATTCTTGATGGCAACCT  
 CCTTGTGTGAGGTGAAGATGATAATGGAGAAAATAGCATAAAGAAAATCCTAAAACCTCAGCTATGATTATCTACCA  
 TCTCCACATCTGAAACAATGCTTTGCTTACTTTTGCAATGTTTCCAAAAGATTATATGTTTGAAGAGGACCACTAA  
 TCCAACTCTGGATGGCAGAGGGTTTCTTCTGTCAGTCAAGAGATCCCTGTGATGGAAGACGTTGGGCACAGGTT  
 TTTTCAAATCTTGTGCAAGATTCTTGTCTACAAGATGTTGTGTTAGATGAACACAACAATATAACACACTGTAAG  
 ATGCACGATCTTGTGCATGATTTGGCTGGAGATATCTTAAATCTAGACTATTTGATCCGAAGGGCGCAATGGAG  
 AAAAATCTTCTCAAGTTGATACTTTGGATGTGAGTCACCAAGGATCAAATAGATAAGATATATGAGCCAGAACG  
 TTTGTGCACACTGTTTGGAGAAGCAATTATACATCTAAGATATGCTGTGAACTTTAAGTTCTGAGAGTTTGA  
 GATTTGTCCAGTTTCAGGAATCAAGGAGTTGTGAGCCAAAATCGGGAAGCTGATATACTTGAGATATCTTGATCTCT  
 CGAACACTGAGATCACAGCCTTGCCCAACTCCATTTGCGAGCTCTATAATTTGCAACATTTAGAGTCATCAACTG  
 CTTTTCACTCCAGGACTTCCATATGAGATGAGAAATATGATAAGTTTGAGACACATATATTACACTTCTATTGAC  
 GAAACAAGTGGGCATTTGGGAGGATGGTGTCTTCAATGAACATTTTCAGATTCCACTTAATATGGGGCAATTGA  
 CTAGTCTTCAAACCCCTCAAGTTTTTCAAGGTAGGTTTAGAGAAAGGTCGTCAAATAGAAGAATTAGGTCATTTGAA  
 AAACCTAGGAGGTGAATTGACAATCAATGGTCTCCAATTGGTCTGTGATAAAGAAGAGGCTCGAACAGCATATTTA  
 CACGATAAACCAACATCTGCAAGCTGGCATATTTATGGTCCCATGATGAATCAGAAGGCTGTGTGATCAATGATG  
 AGCATGTGTGGATGGTCTTCAACCGCATCTTAACCTTGAAAACCTTAGCAGTAGTGGACTATTTAGGGACTAAATT  
 TCCTTCATGGTTCAAGTGAAGAGTCGCTACCAAATTTGGTTAAGTTGAAATTAAGTGGTAGCAAAAGGTGCAAGGAA  
 ATTCATCCCTTGGCCAACTGAAATTCCTTCGGCATCTTGAGCTGATAGGATTCATGAGTTGGAATGCATTGGAC  
 CTGCTTTATATGGTGTGAGATTAGAAATACCGGATCAACAGCAATATCCAAGTGTTCCTCGTGAAGAACT  
 AGTATTGGAGGATATGCGTAGCCTTATTGAGTGAAGGAGATGAAGTCGGAGTAAGAATGTCTCCCGGGCTTGAG  
 AAGTTGCGGATTACAGACTGTCCATTGTTAAAAAGTATTCCAAATCAATTTGAAATCCTCTGTGAATTAGAAATTA  
 GAGGAGTTGACAGTGAAATGCCATTGTTGAACTTGTGCAGCAACTTGACATCTCTCGTAAAGCTTAGTGCTATGA  
 TATGAATTGAGCTCACTTGTCTTCCAGATGAGATACTACGTAACAACGTTTCTCTTCAACAGATAACGATTTTCAAC  
 TGTGGAGAGTTTCGTGAATTGCCACAAAGCTTGTACAATCTCCATTCTCTTAAAGAGATTAGACATTTACAACCTGCA  
 CCAACTTCAGTTCTCTTCTGTTCCCAATGGAGACAACTATTTGACTTCCCTCGAATTCTTTTTCTTATATAATTG  
 TAATGGATTGATCAGTATACCAATTGGAATGCTAGATCAATGCCGGTCTCTAGAGTTTTTGTCATGTCAGCTGCTGT  
 AACAACTTGGTTTCATTCCTTTACATGTGTGGGAAATGCCTTCATTTTCATTTTGGATATAAGAGAATGTCCCA  
 AATTGATTAGTGTACCCAAAGTGGGCCTTACCATTCTACCGGGTATTGAGTTTGGGAATTGGTCCTTTCTCAGA  
 GATGGTGGATTTTGTATGCATTTCAATTGATTTTTAATGGCATTTCAGCAGTTGTTGTCCCTTCGTGATCTGGAGGTG  
 TACGGACGTGGGCACCTGGGATTCTCTGCCCTATCAGCTTATGCAACTCTCTAACCTAAGAGAGATCACAATAGCTG

ATTTCCGAATTGAGGCTCTTCTCCTAGACTTGACAACCTTACTTCTCTTGAAAGTTTGACGCTAGACAGGTGCAA  
ACGGCTACAACATCTGAACCTTCTCAGATGCCATGCCAAATTACGGCTTCTGTGGATAAGTGATTGTCCATTGGTA  
GAAGCTCTGTGGATGGGCTCGGCAACCTTGTCTTTGGAAGAATTATATTTACAGGACTGCGAAAACTAGAGC  
TTCTACCGTCCCGAGATGCCATGCCACGCTCACTAAATTATGGAACATGGGAATTAAGGATGCCAAAGTTAGA  
AGAAAGTTTCACCAACTACTCCAGTGGTCCAAAATTTCCCATATTTCAAATATTGAATTAGGTGGGTGGAGAAGG  
ACAGCCATAAGTCTCGGTTTCTCTTTCACTTTCTGA

>324-2\_J2\_J5\_J6

ATGAATTATTGTCTTCTTCTCGAGTACTCTACAAACAACCTACCAAACGAAGACTTACTTTGAGAAGACTTTGTTGCA  
AACAGCTCAGGAAGAAGACTTTGGTGCAGATTGCAGAGGAAGAGGAAGCAAAACAACCTATGGCCGATGCTGTAAAT  
TGGTGTCTACTGTTCAAGTTTTGCTTGAAAAGTTGATTTCTCTCACTATCGAGGAGGTCAACAGCTCAAGGGATTTT  
AACAAAGATCTCGAAATGTTGACACAAAATGTATCTTTAATCCAAGCTTTCAATTCATGATGTTGAAACACCACAAG  
AGAAACAACAGTCTGTGCAACACTGGCTCAACAGGCTTGAGAGAGTTGCTGAAGATGCTGAAAATGTGTTTGATCG  
ATTGAGATATGAATCTCTCAAAACAAGTGGTGAGGAGCCCATTTGAAAAGGTGAGTGGTTTTCTTTCTCATACT  
GCTTTTTAAGAGAAAAATGTCTCAAAAATCAACAACATCAATAAAGAGTTGACGGCTATCAATAAGGTAGCCAAAG  
ACCTCGGTCTCAAACTCACTCATGGTACCTTCTCGGAAAATACTACCAATTCGAGAAACAGATTCCTTCGTAGGTGC  
TTCTGATGTTGTTGGTAGAGATTGATGTTGCTGAGATAAAGGAGAAGATTTTGAAGATGAGAGAGGAGGATGTT  
GTTCTGTCCACCATTCCCATAGTAGGTATGGGAGGTTTAGGGAAAACAACCTGTGGCTAAGAGGATTTACAATGATG  
AACACATCAAGCAATCTTTAAGAGAGAAATTTGGTTGTGTATACCTGAAATGTCTGAAACGAAGAGCTTTCTTGA  
ACAAATCCTCGAATCGTTGATAGAGAGGAAAATTGAGGTTGAAAGGAGAGATATAATAGTCAAGAAGCTACAAGAT  
GAATTGGGAGGAAAAAATATTTGCTAGTCTCGATGATTTGTGGCGTGTGACTCTACATCGTGGCATGAGTTCTG  
TCGACACCCCTGAGAGGAATAAATACATCCAGAGGAACTGCATTCTTGTGACTACTCGTATGAAGCGGGTGGCATC  
CACAGTAGCAACAGATCTTCATATCTTGGGGAAGTTAACAAGAGATCATTGTTGGTCTATTTTCAAACAAAAGCA  
TTTGTGATGAGCAGGTTCCAGAGGAATTAGCGAGCATGGGCAACAATATTTGTTAAAATGTGCCAAGGTTACCCGT  
TGGCTGCAAGTGCATTGGGAGGGCTCTTACACAACAAGAAAACATGAATGGCAAGCAATTCCTTGATGGCAACCT  
CCTGTTGTCAGGTGAAGATGATAATGGAGAAAATAGCATAAAGAAAATCCTAAAACCTCAGCTATGATTATCTACCA  
TCTCCACATCTGAAACAATGCTTTGCTTACTTTGCAATGTTTCCAAAAGATTATATGTTTGAAAAGGACCACTAA  
TCCAACCTCTGGATGGCAGAGGGTTTCTTCTGTCAGTCAAGAGATCCCTGTGATGGAAGAGCTTGGGCACAGGTT  
TTTTCAAATCTGTTGTCAGAAATCTTGTCTACAAGATGTTGTGTTAGATGAACACAACAATATAACACACTGTAAG  
ATGCACGATCTTGTGATGATTGCTGAGATATCTTAAAATCTAGACTATTTGATCCGAGGGCGCAATGGAG  
AAAACTTTCTCAAGTTGATACTTTGGATGTGAGTCACCAAAGGATCAAATAGATAAGATATATGAGCCAGAACG  
TTTGTGCACACTGTTTGGAGAAGCAATTATACATCTAAGATATGCTGTTGAACCTTTAAGTTCTTGAGAGTTTGA  
GATTTGTCCAGTTTCAGGAATCAAGGAGTTGTGAGCAAAAATCGGGAAGCTGATATACTTGAGATATCTTGATCTCT  
CGAACACTGAGATCACAGCCTTGCCCAACTCCATTTGCGAGCTCTATAATTTGCAAAACATTTAGAGTCATCAACTG  
CTTTTCACTCCAGGACTTCCATATGAGATGAGAAATATGATAAGTTTGAGACACATATATTACACTTCTATTGAC  
GAAACAAGTGGGCATTGGGAGGATGGTGTCTTCACAATGAACATTTTCAGATTCACCTTAATATGGGGCAATTGA  
CTAGTCTTCAAACCTCAAGTTTTTCAAGGTAGGTTTAGAGAAAGGTCGTCAAATAGAAAGATTAGGTCATTTGAA  
AAACCTAGGAGGTGAATTGACAATCAATGGTCTCCAATTTGGTCTGTGATAAAGAAGAGGCTCGAACAGCATATTTA  
CACGATAAACCAACATCTGCAAGCTGGCATATTTATGGTCCCATGATGAATCAGAAGGCTGTGTGATCAATGATG  
AGCATGTGTTGGATGGTCTTCAACCGCATCTAAGTTGAAAACCTTAGCAGTAGTGGACTATTTAGGGACTAAATTT  
TCCTTCAAGTTTCAGTGAAGAGTCGCTACCAAAATTTGGTTAAGTTGAATTAAGTGGTAGCAAAAGGTGCAAAAGAA  
ATTTCCATCCCTTTGGCCAACGAAATTCCTTCGGCATCTTGAGCTGATAGGATTCATGAGTTGGAATGCATTGGAC  
CTGCTTTATATGGTGTGAGATTAGAAATACCGGATCAAACAGCAATATCCAAGTGTTCCTGTCATTGAAAGAACT  
AGTATTGGAGGATATGCGTAGCCTTATTGAGTGAAGGGAGATGAAGTCGGAGTAAGAATGTCTCCCGGGCTTGAG  
AAGTTGCGGATTCAGACTGTCCATTGTTAAAAAGTATTCCAAATCAATTTGAAATCCTCTGTGAATTAGAAATTA  
GAGGAGTTGACAGTGAAATGCCATTGTTGAACCTTGTGACGCAACTTGACATCTCTCGTAAAGCTTAGTGTCTATGA  
TATGAATGAGCTCACTTGTCTTCCAGATCAGATACTACGTAACAACGTTTCTCTTCAACAGATAACGATTTTCAAC  
TGTGGAGAGTTTCTGTAATTGCCACAAAGCTTGTACAATCTCCATTCTCTTAAAGAGATTAGACATTTACAACCTGCA  
CCAACCTTCAGTTCTCTCTCCTGTTCCCAATGGAGACAACATTTGACTTCCCTCGAATTTCTTTCTTATATAATTG  
TAATGGATTGATCAGTATACCAATTGGAATGCTAGATCAATGCCGGTCTCTAGAGTTTTTGATGTCAGCTGCTGT  
AACAACTTGGTTTTCAATTCCTTTACATGTGTGGGAAATGCCCTTCAATTTTCAATTTTGGATATAAGAGAATGTCCCA  
AATTGATTAGTGTACCCAAAGTGGGCCTTCAACCATCTCACCGGTTATTGAGTTTGGGAATTTGGTCTTTCTCAGA  
GATGGTGGATTTTGTGATTCATTCATTTTAAATGGCATTCAGCAGTTGTGTGCTTCTGATCTGGAGGTG  
TACGGACGTGGGCACTGGGATTCTCTGCCCTATCAGCTTATGCAACTCTCTAACCTAAGAGAGATCACAATAGCTG  
ATTTCCGAATTGAGGCTCTTCTCCTAGACTTGACAACCTTACTTCTCTTGAAAGTTTGACGCTAGACAGGTGCAA  
ACGGCTACAACATCTGAACCTCTCAGATGCCATGCCAAATTTACGGCTTCTGTGGATAAGTGATTGTCCATTGGTA  
GAAGCTCTGTGGATGGGCTCGGCAACCTTGTCTTTTGAAGAATTATATTTACAGGACTGCGAAAACTAGAGC  
TTCTACCGTCCCGAGATGCCATGCCACGCTCACTAAATTATGGAACATGGGAATTAAGGATGCCCAAAGTTAGA  
AGAAAGTTTCACCAACTACTCCAGTGGTCCAAAATTTCCCATATTTCAAATATTGAATTAGGTGGGTGGAGAAGG  
ACAGCCATAAGTCTCGGTTTCTCTTTCACTTTCTGA

>493-7\_G2

ATGAATTATTGTCTTCTTCTCGAGTACTCTACAAACAACCTACCAAACGAAGACTTACTTTGAGAAGACTTTGTTGCA  
AACAGCTCAGGAAGAAGACTTTGGTGCAGATTGCAGAGGAAGAGGAAGCAAAACAACCTATGGCCGATGCTGTAAAT



TGGTGTACTGTTCAAGTTTGGCTTGAAGTTGATTCTCTCACTATCGAGGAGGTCAACAGCTCAAGGGATTTC  
 AACAAAGATCTCGAAATGTTGACACAAAATGTATCTTTAATCCAAGCTTTCATTATGATGTTGAAAACCCACAAG  
 AGAAACAACAGTCTGTGCAACAATGGCTCAACAGGCTTGAGAGAGTTGCTGAAGATGCTGAAAATGTGTTTGATCG  
 ATTACAGATATGAATCTCTCAAAAACAAAAGTGGTGAGGAGCCCATTTGAAAAGGTCCGTGGTTTCTTTCTCATACT  
 GCTTTTAAAGAGAAAATGTCTCAAAAATCAACAACATCAATAAGAGTTGACGGCTATCAATAAGGTAGCCAAAAG  
 ACCTCGGTCTACAATCACTCATGGTACCTTCTCGGAAAATACTACCAATTCGAGAAAACAGATTCCCTTAGTAGTTGC  
 TTCTGATATTGTCCGTAGAGATTTGGATGTTGCTGAGATAAAGGAGAAGATTTTGAAGATGAGAGAGGAGGATATT  
 GTTCTGTCCACCATTCCCATTGTAGGTATGGGAGGTTTAGGGAAAACAACCTGTGGCTAAGAGGATTTACAATGATG  
 AACACATGAAGCAAATCTTTAAAAAGAGAATTTGGTTGTGTCTACCTGAAATGTCTGAAACGAAGAGCTTTCTTGA  
 ACAAATCCTCGAATCGTTGATAGAGAGGAAAATTGAGGTTGAAAGGAGAGATATAATAGTCAAGAAGCTACAAGAT  
 GAATTGGGAGGAAAAAATATTGCTAGTCTGGATGATTTGTGGCGTGTGACTCTACATCGTGGCATGAGTTCCG  
 TCAACACCCTGAGAGGAATAAATACATCCAGAGGAACTGCATTCTTGTGACTACTCGTATGAAGTGGGTGGCATC  
 CACAGTAGCAACAGATCTTCATATCTTGGGGAAGTTAACAGAAAGATCATTGTTGGTCTATTTCAAAACAAAAGCA  
 TTTGTTGATGGCAGGGTTCCAGAGGAATTAGCGAGCATGGGCAACAAGATTGTTAAATGTGCCAAGGTCTACCGT  
 TGGCTGCAAGTGTGTTGGGAGGGCTCTTACAACAAGAAAACATGAATGGCAAGCAATTCTTGATGGCAACCT  
 CCTTGTGCAAGTGAAGATGATAATGGAGAAAATAGCATAAAGAAAATCCTAAACTCAGCTATGATTATCTACCA  
 TCTCCACATCTGAAACAATGCTTGTCTTACTTTGCAATGTTTCCAAAAGATTATATGTTTGAAAAGGACCAACTAA  
 TCCAACCTCTGGATGGCAGAAGGGTTTCTTCGTCCAAGTCAAGAGATCCCTGTGATGGAAGACGTTGGGCACAGGTT  
 TTTTCAAATCTTGTGTCAGAATTCCTTGCTACAAGATGTTGTGTTAGATGAACACAACAATATAACACACTGTAAG  
 ATGCACGATCTTGTGATGATTTGGCTGGAGATATCTTAAATCTAGACTATTTGATCCGAAGGGCGACAATGGAG  
 AAAAATCTTCTCAAGTTCGATACTTTGGATGTGAGTCAACAAAGGATCAATAGATAAGATATATGAGCCAGAACG  
 TTTGTGCACACTGTTTTGGAGAAGCAATTATACATCTAAAGATATGCTGTTGAACCTTTAAGTTCTTGAGAGTTTTA  
 GATTTGTCCAGTTCCAGGAATCAAGGAGTTGTGAGCCAAAATCGGGAGCTGATATACTTGAGATCATCTTGATCTCT  
 CGAACACTGAGATCACAGCCTTGCCCACTCCATTGTGCGAGCTCTATAATTTGCAACATTTAGAGTCACTCAACT  
 CTTTTCACTCCAGGACTTCCATATGAGATGAGAAATATGATAAGTTTGAGACACATATATTACACTTCTATTGAC  
 GAAACAAGTGGGCATTGGGGAGGATGGTGTCTTACAATGAACATTTTCAGATTCCACTTAATATGGGGCAATTGA  
 CTAGTCTTCAAACCTCAAGTTTTTCAAGGTAGGTTTLAGAGAAAGGTCGTCAAATAGAGAATTAGGTCATTTGAA  
 AAACCTAGGAGGTGAATTGACAATCAATGGTCTCCAATTGGTCTGTGATAAAGAGAGGCTCGAACAGCATATTTA  
 CACGATAAAACCAAAATCTGCAAGCTGGCATATTTATGGTCCCATGATGAATCAGAAGGCTGTGTGATCAATGATG  
 AGCATGTGTTGGATGGTCTTCAACCGCATCCTAACTTGAAAACCTTAGCAGTAGTGGACTATTTAGGGACTAAATT  
 TCCTTCATGGTTCAAGTGAAGAGTCCGTACCAATTTGGTTAAGTTGAAATTAAGTGGTAGCAAAAGGTGCAAAGAA  
 ATTCCATCCCTTGGCCAACTGAAATTCCTTCGGCATCTTGAGCTGATAGGATCCATGAGTTGGAATGCATTGGAC  
 CTGCTTTATATGGTGTGAGATTAGAAATACCGGATCAACAGCAATATCCAAGTGTTCCTCTCATTTGAAAGAACT  
 AGTATTGGAGGATATGCGTAGCCTTATTGAGTGAAGGGAGATGAAGTCGGAGTAAGAATGTCTCCCGGGCTTGAG  
 AAGTTGCGGATTACAGACTGTCCATTGTTAAAAAGTATTCCAAATCAATTTGAAATCCTCTGTGAATTAGAAATTA  
 GAGGAGTTGACAGTGAATGCCATTGTTGAACCTGTGACAGCAACTTGACATCTCTCGTAAAGCTTAGTGTCTATGA  
 TATGAATGAGCTCACTGTCTTCCAGATGAGATACTACGTAACAACGTTTCTCTCAACAGATAACGATTTTCAAC  
 TGTGGAGAGTTTCGTGAATTGCCACAAGCTTGTACAATCTCCATTCTCTTAAGAGATTAGACATTTACAACCTGCA  
 CCAACTTCAGTTCTCTTCTGTTCCCAATGGAGACAACATTTGACTTCCCTCGAATTCCTTTTCTTATATAATTG  
 TAAATGGATTGATCAGTATACCAATTGGAATGCTAGATCAATGCCGGTCTCTAGAGTTTTCATGTCAGTGTCTGT  
 AACAACTTGGTTTCATTTCCCTTTACATGTGTGGGAAATGCTTTCATTTTCATTTTGGATATAAGAGAATTCCTCA  
 AATPGATTAGTGTACCCAAAGTGGGCCCTTACCATCTCACCGGGTATTGAGTTTGGGAATTGGTCTTTCTCAGA  
 GATGGTGGATTTTGATGCATTCCAATTGATTTTTAATGGCATTCAGCAGTTGTTGTCCCTTCGTGATCTGGAGGTG  
 TACGGACGTGGGCACTGGGATTCTCTGCCCTATCAGCTTATGCAACTCTTAACCTAAGAGAGATCACAATAGCTG  
 ATTTCCGAATTGAGGCTCTTCTCTAGACTTGACAACCTTACTTCTCTGAAAGTTTGACGCTAGACAGGTGCAA  
 ACGGCTACAACATCTGAACCTCTCAGATGCCATGCCCAAATTACGGCTTCTGTGGATAAGTGAATTGTCCATTGGTA  
 GAAGCTCTGTCCGATGGGCTCGGCAACCTTGTTTCTTTGGAAGAATTATATTTACAGGACTGCCAAAAACTAGAGC  
 TTTTACCCTGCCGAGATGCCATGCGACGCCCTCACTAAATTATGGAACATGGGAATTAAGGATGCCCAAAGTTAGA  
 AGAAAGTTTACCAACTACTCCCAAGTGGTCCAAAATTTCCATATTTCAAATATTGAATTAGGTGGGTGGAGAAGG  
 ACAGCCATAAGTCTCGGTTTCTCTTTCACTTTCTGA

>493-7\_G19

ATGAATTATTGTCTTCTTCGAGTACTCTACAAACAACTACCAAACGAAGACTTACTTTGAGAAGACTTTGTTGCA  
 AACAGCTCAGGAAGAAGACTTTGGTGCAGATTGCAGAGGAAGAGGAAGCAACACAACATATGGCCGATGCTGTAAT  
 TGGTGTCTACTGTTCAAGTTTGGCTTGAAGAGTTGATTTCTCTCACTATCGAGGAGGTTCAACAGCTCAAGGGGATTTT  
 AACAAAGATCTCGAAATGTTGACACAAAATGTATCTTTAATCCAAGCTTTCATTATGATGTTGAAAACCCACAAG  
 AGAAACAACAGTCTGTGCAACAATGGCTCAACAGGCTTGAGAGAGTTGCTGAAGATGCTGAAAATGTGTTTGATCG  
 ATTACAGATATGAATCTCTCAAAAACAAAAGTGGTGAGGAGCCCATTTGAAAAGGTCCGTGGTTTCTTTCTCATACT  
 GCTTTTAAAGAGAAAATGTCTCAAAAATCAACAACATCAATAAGAGTTGACGGCTATCAATAAGGTAGCCAAAAG  
 ACCTCGGTCTACAATCACTCATGGTACCTTCTCGGAAAATACTACCAATTCGAGAAAACAGATTCCCTTAGTAGTTGC  
 TTCTGATATTGTCCGTAGAGATTTGGATGTTGCTGAGATAAAGGAGAAGATTTTGAAGATGAGAGAGGAGGATATT  
 GTTCTGTGCCACCATTCCCATTGTAGGTATGGGAGGTTTAGGGAAAACAACCTGTGGCTAAGAGGATTTACAATGATG  
 AACACATGAAGCAAATCTTTAAAAAGAGAATTTGGTTGTGTCTACCTGAAATGTCTGAAACGAAGAGCTTTCTTGA  
 ACAAATCCTCGAATCGTTGATAGAGAGGAAAATTGAGGTTGAAAGGAGAGATATAATAGTCAAGAAGCTACAAGAT

GAATTGGGAGGAAAAAATATTTGCTACTCCTGGATGATTGTGGCGTGTGACTCTACATCGTGGCATGAGTTCCG  
TCAACACCCCTGAGAGGAATAAATACATCCAGAGGAACTGCATTCTTGTGACTACTCGTATGAAGTGGGTGGCATC  
CACAGTAgCAACAGATCTTCATATCTTGGGGAAGTTAACAGAAgATCATTGTTGGTCTATTTTCAAACAAAAGCA  
TTTGTGTGATGGCAGGGTTCCAGAGGAATTAGCGAGCATGGGCAACAGATTGTTAAAATGTGCCAAGGTCTACCGT  
TGGCTGCAAGTGTGTGGGAGGGCTCTTACACAACAAAGAAAAACATGAATGGCAAGCAATTTCTTGATGGCAACCT  
CCTTGTGTGCAAGTGAAGATGATAATGGAGAAAATAGCATAAAGAAAATCCTAAAACCTCAGCTATGATTATCTACCA  
TCTCCACATCTGAAAAATGCTTTGCTTACTTTGCAATGTTTCCAAAAGATTATATGTTTGAAGGACCAACTAA  
TCCAACTCTGGATGGCAGAGGGTTTCTTCGTCCAAGTCAAGAGATCCCTGTGATGGAAGACGTGGGCGACAGGTT  
TTTTCAAATCTTGTGCGAATTCTTGTCTACAAGATGATGTGTAGATGAACACAACAATATAACACACTGCAAG  
ATGCACGATCTTGTGCATGATTGGCTGGAGATATCTTAAAATCTAGACTATTTGATCCGAAGGGCGACAATGGAG  
AAAACTTTCTCAAGTTCGATACTTTGGATGTGAGTCAACACGGATCAAATAGATAAGATATATGAGCCAGAACG  
TTTGTGCACACTGTTTGGAGAAGCAATTATACATCTAAAGATATGCTGTTGAACTTAAGTTCCTGAGAGTTTGA  
GATTTGTCTCAGTTCAGGAATCAAGGAGTTGTGAGCCAAAATCGGGAAGCTGATATACTTGAGATATCTTGATCTCT  
CGAACACTGAGATCACAGCCTTGCCCAACTCCATTTGCAAGCTCTATAATTTGCAAACTTTAGAGTCACTCAACTG  
CTTTTCACTCCAGGAACCTCCATATGAGATGAGAAATATGATAAGCTTGAGACACATATATTACACTTCTGTGAGAC  
GAAACAAAGTGGGCTTGGGAGGATGGTCTTCCAACTTTTCAAGATTTCAGATTCCACTTAAATGAGGCAATTGA  
CTAGTCTTCAAACCCCTCAAGTTTTCAGGTAGGTTTAGAGAAAGGTCGTCAAATAGAAGAATTAGGTCAATTTGAA  
AAACCTAAGAGGTGAATTGACGATCAATGGTCTCCAATTGGTCTGTGATAAAGAAGAGGCTCAAACAGCATATTTA  
CACGATAAAACCAACATCTGCAAGCTGGCATATTTATGGTCCCATGATGAATCAGAAGGCTGTGAGATCAATGATG  
AGCATGTGTTGGATGGTCTTCAACCGCATCTAACTTGAAAACCTTAGCAGTAGTGGACTATTTAGGGACTAAAT  
TCCTTCATGGTTCAAGTGAAGAGTGCCTACCAATTTGGTTAAGTTGAAATTAAGTGGTAGCAAAAGGTGCAAGAA  
ATTCATCCCTTGGCCAACTGAAATTCCTTCGGCATCTTGAGCTGATAGGATTCCATGAGTTGGAATGCATTGGAC  
CTGCTTTATATGTTGTTGAGATTAGAAATACCGGATCAAACAGCAATATCCAAGTGTTCCTGTCATTGAAAGAACT  
AGTATTTGAGGATATGCGTAGCCTTATTGAGTGGAAAGGAGATGAAGTCGGAGTAAGAATGTCCTACCGGGCTTGAG  
AAGTTGCGGATTACAGACTGTCCATTGTTAAAAGTATTCCAATCAATTTGAAATCCTCTGTGAATTAGAAATTA  
GAGGAGTTGACAGTGAAATGCCATTGTTGAACCTGTGACAGCAACTTGACATCTCTCGTAAAGCTTAGTGTCTATGA  
TATGAATGAGCTCACTTGTCTTCCAGATGAGATACTACGTAACAACGTTTCTCTTCAACAGATAACGATTTTCAAC  
TGTGGAGAGTTTCTGTAATTGCCACAAAGCTTGTACAATCTCCATTCTCTTAAGAGATTAGACATTACAACCTGCA  
CCAACCTCAGTTCTCTCTCTGTTCCCAATGGAGACAACATTTGACTTCCCTCGAATTTCTTTTCTTATATAATTG  
TAATGGATTGATCAGTATACCAATTGGAATGCTAGATCAATGCCGGTCTCTAGAGTTTTCGATGTCAGCTGCTGT  
AACAACTTGGTTTTCATTCCCTTTACATGTGTGGGAAATGCCTTCATTTTCATTTTGGATATAAGAGAATGTCCCA  
AATTGATTAGTGTACCCAAAGTGGGCTTACCATTCTCACCGGGTATTGAGTTTGGGAATTGGTCTTTCTCAGA  
GATGGTGGATTGATGCAATTCGAATTGATTMTAATGGCATTGAGCAGTTGTTGTCCCTTCGTGATCTGGAGGTG  
TACGGACGTGGGCACTGGGATTCTCTGCCCTATCAGCTTATGCAACTCTCTAACCTAAGAGAGATCACAATAGCTG  
ATTTCCGAATTGAGGCTCTTCTCTTAGACTTGACAACCTTACTTCTTGAAGTTTGAAGCTAGACAGGTGCAA  
ACGGCTACAACATCTGAACCTCTCAGATGCCATGCCCAATACGGCTTCTGTGGATAAGTGATTGTCCATTGGTA  
GAAGCTCTGTGCGATGGGCTCGGCAACCTTGTCTTTTGGAGAATTATATTTACAGGACTGCGAAAACTAGAGC  
TTCTACCGTCCCGAGATGCCATGCCAGCGCTCACTAAATATGGAACATGGGAATTAAAGGATGCCCAAGTTAGA  
AGAAAGTTTCAACCACTACTCCAGTGGTCCAAAATTTCCCATATTCAAATATTGAATTAGGTGGGTGGAGAAGG  
ACAGCCATAAGTCTCGGTTTCTCTTCACTTTCTGA

>543-5\_C2

ATGAATTATTGTCTTCTTCGAGTACTCTACAAACAACACCAACGAAGACTTACTTTGAGAAGACTTTGTTGCA  
AACAGCTCAGGAAGAAGACTTTGGTGCAGACTGCAGAGGAAGAGGAAGCAACACACAATGGCCGATCCTGTAAT  
TGGTGCTACTGTTCAAGTTTGTCTGAAAAGTTGATTCTCTCACTATCGAGGAAGTCAACAGCTCAAGGGATTTT  
AACAAAGATCTCGAAATGTTGACACAAAATGTATCTTTAATCCAAGCTTTCATTATGATGTTGAAACACCACAAG  
AGAAACAACAGTCTGTGGAACAATGGCTCAACAGGCTTGAGAGAGTTGCTGAAGATGCTCAAAATGTGTTGATCG  
ATTTCATATATGAATCTCTCAAAACAAGTGGTGGAGAGCCCATTTGAAAAGGTCAGTGGTTCTTTTCTCATACT  
GCTTTTAAGAGAAAAATGTCTCAAAAAATCAACAACATCAATAAAGAGTTGACGGCTATCAATAAGGTAGCCAAAG  
ACCTCGGTCTACAATCACTCATGGTTCTTCTCGGAAAATACTACCAATTCGAGAAACAGATTCTTTGTAGTTGC  
TTCTGATATTGTGGTAGAGATTGGATATTGCTGAGATAAAGGAGAAGATTTTGAACATGAGAGAGGAGGATATT  
GTTCTGTCCACCATTCCTATAGTAGGTATGGGAGGTTTAGGGAAAACAACCTGTGGCTAAGAGGATTTACAATGATG  
AACACATGAAGCAAATCTTTGAAAAGAGAATTTGGTTGTGTCTACCTGAAATGTCTGAAACGAAGAGCTTTCTTGA  
ACAAATCCTCGAATCGTTGATAGAGAGGAAAATTGAGGTTGAAAGGAGAGATATAATAGTCAAGAAGCTACAAGAT  
GAATTGGGAGGAAAAAATATTTGCTAGTCTCGATGATTTGTGGTGTGTTGACTCTACATCGTGGCATGAGTTCA  
TTGACACCTTGAGAGGAATAAATACATCCAGAGGAACTGCATTCTTGTGACTACTCGTAGGAAGCAGGTGGCATC  
CACAGTAGCAACAGATCTTCATATCTTGGGGAAGTTAACAGAAGATCATTGTTGGTCTATTTTCAAACAAAAGCA  
TTTGTGTGATGGCAGGGTTCCAGAGGAATTAGCGAGCATGGGCAACAAGATTGTTAAAATGTGCCAAGGTCTACCGT  
TGGCTGCAAGTGTGTTGGGAGGGCTCTTACACAACAAAGAAAAACATGAATGGCAAGCAATTTCTTGATGGCAACCT  
CCTTGTGTCAGGTGAAGATGATAATGGAGAAAATAGCATAAAGAAAATCCTAAAACCTCAGCTATGATTATCTACCA  
TCTCCACATCTGAAAAATGCTTTGCTTACTTTGCAATGTTTCCAAAAGATTATATGTTTGAAGGACCAACTAA  
TCCAACTCTGGATGGCAGAGGGTTTCTTCGTCCAAGTCAAGAGATCCCTGTGATGGAAGACGTGGGCGACAGGTT  
TTTTCAAATCTTGTGCGAATTCTTGTCTACAAGATGTTCTGTGTAGATGAACACAACAATATAACACACTGCAAG  
ATGCACGATCTTGTGCATGATTGGCTGGAGATATCTTAAAATCTAGACTATTTGATCCGAAGGGCGACAATGGAG

AAAAATCTTCTCAAGTTCGATACTTTGGATGTGAGTCACCAACGGATCAAATAGATAAGATATATGAGCCAGAACG  
 TTTGTGCACACTGTTTTGGAGAAGCAATTATACATCTAAAGATATGCTGTTGAACCTTTAAGTTCTTGAGAGTTTGA  
 GATTTGTCCAGTTTCAGGAATCAAGGAGTTGTGAGCCAAAATTCGGGAAGCTGATATACCTTGAGATATCTTGATCTCT  
 CGAACACTGAGATCACAGCCTTGCCCCAAGCTCCATTTGCAAGCTCTATAATTTGCAAACATTTAGAGTCATCAACTG  
 CTTTTCACTCCAGGAACCTCCATATGAGATGAGAAATATGATAAGTTTGAGACACATATATTACACTTCTATTGAC  
 GAAACAAGTGGGCATTGGGGAGGATGGTGTCTTCACAATGAACATTTTCAGATTCCACTTAATATGGGGCAATTGA  
 CTAGTCTTCAAACCTCAAGTTTTTCAGGTAGGTTTAGAGAAAGGTCGTCAAATAGAAGAATTAGGTCATTGAA  
 AAACCTAGGAGGTGAATTGACAATCAATGGTCTCCAATTGGTCTGTGATAAAGAAGAGGCTCGAACAGCATATTTA  
 ACGGATAAACCAAACATCTGCAAGCTGGCATATTTATGGTCCCATGATGAATCAGAAGGCTGTGAGATCAATGATG  
 AGCATGTGTTGGATGGTCTTCAACCGCATCTTAACCTTGAACCTTAGCAGTAGTGGACTATTTAGGGACTAAATT  
 TCCTTCATGGTTTCAGTGAAGAGTCGCTACCAAATTTGGTTAAGTTGAAATTAAGTGGTAGCAAAGGTCGAAAGAA  
 ATTCATCCCTTGCCCAACTGAAATTCCTTCGGCATCTTGAGCTGATAGGATTCATGAGTTGGAATGCATTGGAC  
 CTGCTTTATATGGTGTGAGATTAGAAATACCGGATCAAACAGCAATATCCAAGTGTCCCCTCATTTGAAAGAACT  
 AGTATTTGGAGGATATGCATAGCCTTATTGAGTGGAGGGAGATGAAGTCGGAGTAAGAATGTCTCCCGGGCTTGAG  
 AAGTTGCGGATTACAGACTGTCCATTGTTAAAAAGTATTCCGAATCAATTTGAAATCTCCGTGAATTAGAAATTA  
 GAGGAGTTGACAGTGAAATGCCATTGTTGAACCTTGTCAGCAACTTGACATCTCTCGTAAAGCTTAGTGTCTATGA  
 TATGAATGAGCTCACTTGTCTTCAGATGAGATACCTACGTAACAACGTTTCTCTTCAACAGATAACGATTTTCAAC  
 TGTGGAGAGTTTCGTGAATTGCCACAAGCTTGTACAATCTCCATTCTCTTAAGAGATTAGACATTTACAACCTGCA  
 CCAACTTCAGTTCTCTCTCTGTTCCCAATGGAGACAACTATTGACTTCCCTCGAATTTCTTTACTTATATAAATTG  
 TAATGGATTGATCAGTATACCAATTGGAATGCTAGATCAATGCCGGTCTCTAGAGTTTTTGCATGTGAGTTGCTGT  
 AACAACCTGGTTCATTTCCCTTTACATGTGTGGGAAATGCCTTCATTTTCATTTTGGGATATAAGAGAATGTCCCA  
 AATTGATTAGTGTACCCAAAGTGGGCCTTCAACATCTCACGGGTTATTGAGTTTGGCAATTGGTCTTTCTCAGA  
 GATGGTGGATTTTGATGCATTCCAATTGATTTTAAATGGCAATCAGCAGTTGTTGTCCCTTCGTGATCTGGCGGTG  
 TACGGACGTGGGCACCTGGGATTCTCTGCCCTATCAGCTTATGCAACTCTCTAACCTAAGAGAGATCACAATAGCTG  
 ATTTTCGAATTGAGGCTCTCTCTCTAGACTTGACAACCTTACTTCTCTTGAAGTTTGACGCTAGAGAGGTGCAA  
 ACGGCTACAACATCTGAACCTTCTCAGATGCCATGCCCAAATTACGGCTTCTGTGGATAAGTGATTGTCCATTGGTA  
 GAAGCTCTGTGCGATGGGCTCGGCAACCTTGTCTCTTGGGAAGAATTATATTTACAGGACTGCGAAAACTAGAGC  
 TTCTACCGTCCCAGATGCCATGCGACGCTCACTAAATTATGGAACATGGGAATTAAGGATGCCCAAAGTTAGA  
 AGAAAGTTTCAACCACTACTCCAGTGGTCCAAAATTTCCCATATTTCAAATATTGAATTAGGTGGGTGGAGAAGG  
 ACAGCCATAAGTCTCGGTTTCTCTTTCACTTTCTGA

>RH\_D3\_D4\_D7

ATGAATTATTGTCTTCTTCGAGTACTCTACAAACAACCTAGCAACACGAAGACTTACTTTGAGAAGACTTTGTTGCA  
 TACAGCTCAGGAAGAAGACTTTGGTGCAGATTGCAGAGGAAGAGCAACACAAACAATGGCCGATCTCTGTAAT  
 TGGTGCTACTGTTCAAGTTTTGCTTGAAAAGTTGATTTCTCTCACTATCGAGGAGGTCAACAGCTCAAGGGATTTT  
 AACAAAGATCTCGAAATGTTGACACAAAATGTATCATTTAATCCAAGCTTCTCATTCATGATGTTGAAACACCA  
 AGAACAACAGTCTGTGCAACAATGGCTCAACAGGCTTGAGAGAGTTGCTGAAGATGCTGAAAATGTGTTGATCG  
 ATTCAGATATGAATCTCTCAAACAAAAGTGGTGAGGAGCCCATTTGAAAAGGTCGGTGGTTTCTTTTCTCATACT  
 GCTTTTAAGAGAAAAATGTCTCAAAAATCAACAACATCAATAAAGAGTTGACGGCTATCAATAAGGTAGCCAAAG  
 ACCTCGGTCTACAATCACTCATGGTACCTTCTCGGAAAATACTACCAATTGAGAGAAACAGATTCTTAGTAGTTGC  
 TTCTGATATTGTGCGGTAGAGATTGGATGTTGCTGAGATAAAGGAGAAGATTTTGAAGATGAGAGAGGAGGATATT  
 GTTCTGTCCACCATTCCCATTTGATAGGTATGGGAGGTTTAGGGAAAACAACCTGTGGCTAAGAGGATTTACAATGATG  
 AACACATGAGCAAAATCTTTAAAAGAGAAATTGGTTGTGCTTACCTGAAATGTCTGAAACGAAGAGCTTTCTTGA  
 ACAAATCTCGAATCATGATAGAGAGGAAAATTGAGGTTGAAAGGAGAGATATAATAGTCAAGAAGCTACAAGAT  
 GAATTGGGAGGAAAAAATATTTGCTAGTCTTGGATGATTTGTGGCGTGTGACTCTACATCGTGGCATGAGTTG  
 TCGACACCTTGAGAAGAATAAATACATCCAGAGGAACTGCATTCTTGTGACTACTCGTAGGAAGCAGGTGGCATC  
 CACAGTAGCAACAGATCTTCATATCTTGGGGAAGTTAACAGAAGATCATTTGTTGTTCTATTTTCAAACAAAAGCA  
 TTTGTTGATGGCAGGGTTCCAGAGGAATTAGCGAGCATGGGCAACAAGATTGTTAAAATGTGCCAAGGTCTACCGT  
 TGGCTGCAAGTGCAATTGGGAGGGCTCTACACAACAAGAAAAACATGAATGGCAAGCACTCTTGATGGCAACCT  
 CCTTGTACTGTGAAGATGATAATGGAGAAAAATAGCATATAAGAAAAATCCTAAAACCTCAGCTATGATTATCTACCA  
 TCTCCACATCTGAAAAAATGTTTTGCTTACTTTGCAATGTTTCCAAAAGATTATATGTTTGAAGAGGACCACTAA  
 TCCAACCTCTGGATGGCAGAAGGGTTTCTTCTGTCAGTCAAGAGATCCCTGTGATGGAAGACGTTGGGCACAGGTT  
 TTTTCAAATCTTGTGCAAGATTCTTGTCTACAAGATGTTGTGTTAGATGAACACAACAATATAACACACTGTAA  
 ATGCACGATCTTGTGCATGATTTGGCTGGAGATATCTTAAAATCTAGACTATTTGATCCGAAGGGCGACAATGGAG  
 AAAAATCTTCTCAAGTTCGATACTTTGGATGTGAGTCACCAACGGATCAAATAGATAAGATATATGAGCCAGAACG  
 TTTGTGCACACTGTTTTGGAGAAGCAATTATACATCTAAAGATATGCTGTTGAAATATAAGTTCTTGAGAGTTTGA  
 GATTTGTCCAGTTTCAGGAATCAAGGAGTTGTCAACCAAATTCGGGAAGCTGATATACCTTGAGATATCTTGATCTCT  
 CGAATCTGAGTACAGCCTTGCCCAACTCCATTTGCGAGCTCTATAATTTGCAAACATTTAGAGTCATCAACTG  
 CTTTTCACTCCAGGAACCTCCATATGAGATGAGAAATATGATAAGTTTGAGACACATATATTACACTTCTGTTGAC  
 GAAACAAGTGGGCATTGGGGAGGATGGTGTCTTCACAATGAACATTTTCAGATTCCACTTAATATGGGGCAATTGA  
 CTAGTCTTCAAACCTCAAGTTTTTCAAGGTAGGTTTAGAGAAAGGTCGTCAAATAGAAGAATTAGGTCAATTGAA  
 AAACCTAAGAGGTGAATTGACGATCAATGCTCCAAATTTGGTCTGTGATAAAGAAGAGGCTCGAACAGCATATTTA  
 CACGATAAACCAAACATCTGCAAGCTGGCATATTTATGGTCCCACGATGAATCAGAAGGCTGTGAGATCAATGATG  
 AGCATGTGTTGGATGGTCTTCAACCGCATCTTAACCTTGAACCAATAGCAGTAGTGGACTATTTAGGGACTAAATT



TCCTTCATGGTTCCGTGAAGAGTCGCTACCAAATTTGGTCAAGTTGAAATTAAGTGGGAAGCAAAGGTGC AAAGAA  
 ATTCATCCCTTGGCCAACTGAAATTCCTTCGGCATCTTGAGCTGATAGGATCCCATGAGTTGGAATGCATTGGAC  
 CTGCTTTTTATGGTGTGAGATTAGAAATATTGGATCAAACAGCATTATTCAAGTGTCCCGTCATTGAAAAGAACT  
 AGTATTGGAGGATATGCGTAGCCTTATTGAGTGGGAAGGAGATGAAGTTGGAGTAAGAATGTCTCCCGGCTTGAG  
 AAGTTGCGGATTACAGACTGTCCATTGTTAAAAAGTATTCGAATCAATTTGAAATCCTCCGTGAATTAGAAATTA  
 GAGGAGTTGACAGTGAATGCCATTGTTGAACTTGTGCAAGCAACTTGACATCTCTCGTGAATCTTAGTGTCTATGA  
 TATGAAAGAGCTCACTTGTCTTCCAGATGAGATACTACGTAAACAACATTTCTCTTCAACAGATAACGATTTTCGAA  
 TGTGGAGAGTTTCGTGAATTGCCACAAAGCTTGTACAATCTCCATTCTCTTTATAGATTAGACATTTACAACCTGCA  
 CCAATTTCACTTCTCTTCTGTTCCCAAGGGAGACAACATTTGACTTCCCTCATATTTCTTTTCTTACATAATTG  
 TAATGGATTGATCAGTATACCAATTGGAATGCTAGATCAATGCCGGTCTCTAGAGTATTTGCATGTGAGCTGCTGT  
 AACAACTTGGTTTCATTCCTCTTACATGTGTGGGAAATTCCTTCATTTTCAGTTTGGAAATAACAGAATGTCCCA  
 AATTGATTAGTGTaCCcGAAGTGGGCTTCACcATCTCACCGGGTTATGAGATTGGGAATTGGTCTTTCTCAGA  
 GATGGTGGATTGATGCAATTCGAATTGATTTTAATGGCATTGAGAAGTTGTTGTCTCTTCGTGATCTGGAGGTG  
 TACGGACGTGGGCACTGGGATTCTCTGCCCTATCAGCTTATGCAACTCTCTAACCTAAGAAAGATCACAAATAGCTG  
 ATTTTCGGAATTGAGGCTCTTCTCTAGACTTGACAACCTTACTTCTCTTGAAAGTTTGACGCTAGAGAGGTGCAA  
 ACGGCTACAACATCTGAACCTCTCAGATGCCATGCCAAATTACGGCATCTGTGGATAAGTGATTGTCCATTGTTA  
 GAAGCCCTGTCGAGTGGGCTCGGCAGCATTGTTTCTTTGGAAGAATTATATTTACAGGATCGCAAAAACATAGAG  
 ATCTACCGTCCCGAGATGCCATGCGACGCCCTCACTAAATTTGGAACATGAGAATTAAAGGATGCCCAAAGTTAGA  
 AGAAAGTTTACCAACTACTCCAGTGGTCCAAAATTTCCCATATTTCAAATATTGAATTAGGTGGGTGGAGAAGG  
 ACAACCATAAGTCTCGGTTTCTCTTCACTTTCTGA

>849-1\_M8\_M18\_M20

ATGAATTATTGTCTTCTTCGAGTACTCTACAAACAACCTACCAAACGAAGACTTACTTTGAGAAGACTTTGTTGCA  
 AACAGCTCAGGAAGAAGACTTTGGTGCAGACTGCAGAGGAAGGAAGCAAACACAACCTATGGCCGATCCTGTAAAT  
 TGGTGTCTACTGTTCAAGTTTTCCTTGAAAAGTTGATTTTCTCTCACTATCGAGGAGGTCAACAGCTCAAGGGATTTT  
 AACAAAGATCTCGAAATGTTGACACAAAATGTATCTTTAATCCAAGCTTTCATTCATGATGTTGAAAACCCACAAG  
 AGAAACAACAGTCTGTGCAACAATGGCTCAACAGGCTTGAGAGAGTTGCTGAAGATGCTGAAAATGTGTTTGATCG  
 ATTCAGATATGAATCTCTCAAAACAAAAGTGGTGGAGAGCCCATTTGAAAAGGTCCGTGGTTTCTTTTCTCATACT  
 GCTTTTAAAGAGAAAATGTCTCAAAAATCAACAACATCAATAAGAGTTGACGGCTATCAATAGGTAGCCAAAAG  
 ACCTCGGTCTACAATCACTCATGGTACCTTCTCGGAAAATACTACCAATTCGAGAAAACAGATTCCCTAGTGGTTGC  
 TTCGTGATATTGTCCGTAGAGATTGGATGTTGCTGAGATAAAGGAGAAGATTTTGAACATGAGAGAGGAGGATATT  
 GTTCTGTCCACCATTCCCATTGTAGGTATGGGAGGTTTAGGGAAAACAACTGTGGCTAAGAGGATTTACAATGATG  
 AACACATGAAGCAAATCTTTAAAAAGAGAATTTGGTGTGTGCTTACCTGAAATGCTGAAAACGAAGAGCTTTCTTGA  
 ACAATCCTCGAATCGTTGATAGAGAGGAAAATTTAGGTTGAAAAGGAGAGATATAATAGTCAAGAAGCTACAAGAT  
 GAATTGGGAGGAAAAAATATTTGCTAGTCTCGGATGATTTGTGGCGTGTGACTCTACATCGTGGCATGAGTTTCG  
 TCGACACCCTGAGAGGAATAAATACATCCAGAGGAACTGCATTCTTGTGACTACTCGTAGGAAGCAGGTGGCATC  
 CACAGTAGCAACAGATCTTCATATCTTGGGGAAGTTAACAGAAGATCATTTGTTGGTCTATTTTCAAAACAAAAGCA  
 TTTGTTGATGGCAGGGTTCCAGAGGAATTAGCGAGCATGGGCAACAAGATTGTTAAAATGTGCCAAGGTCTACCGT  
 TGGCTGCAAGTGCATTGGGAGGGCTCTTACACAACAAGAAAAACATGAATGGCAAGCAATTTCTGATGGCAACCT  
 CCTTGTGTGCTGGTGAAGATGATAATGGAGAAAATAGCATAAAGAAAATCCTAAAACCTCAGCTATGATTATCAACCA  
 TCTCCACATCTGTAAGAAATGTTTGTCTTACTTTGCAATGTTTCCAAAAGATTATATGTTTGAAGAGGACCAACTAA  
 TCCAACCTCTGGAATGGCAGAAGGGTTTCTTCGTCCAAGTCAAGAGATCCCTGTGATGGAAGACGTTGGGCACAGGTT  
 TTTTCAAATCTTGTGTCAGAATTCCTTGCTACAAGATGTTGTGTTAGATGAACACAACCTATATAACACACTGTAG  
 ATGCACGATCTTGTGATGATTTGGCTGGAGATATCTTAAATCTAGACTATTTGATCCGAAGGGCGACAATGGAG  
 AAAAATTTCTCAAGTTCGATACCTTGGATGTGAGTCAACAACGGATCAATAGATAAGATATATGAGCCAGAACG  
 TTTGTGCACACTGTTTGGAGAGCAATTATACATCTAAAGATATGCTGTTGAAATATAAGTTCTTGAGAGTTTTA  
 GATTTGTCCAGTTTCAGGAATCAAGGAGTTGTCAACCAAAATCGGGAAGCTGATATACTTGAGATATCTTGATCTCT  
 CGAACACTGAGATCACAGCCTTGCCCAACTCCATTTGCGAGCTCTATAATTTGCAAAACATTTAGAGTCATCAACTG  
 CTTTTCACTCCAGGAACCTTCCATATGAGATGAGAAATATGATAAGTTTGAAGACACATATATTACATCTCTGTTGAC  
 AAAAGAACCTGCAATGGGAGGATGGTGTCTTCACAATGAACATTTTCAGATTCCACTTAATATGGGGCAATTGA  
 CTAGTCTTCAAACCTCAAGTTTTTCAAGGTAGGTTTAGAGAAAAGGTCGTCAAAATAGAAGAAATTAGGTCAATTTGAA  
 AAACCTAAGAGGTGAATTGACGATCAATGGTCTCCAATTTGGTCTGTGATAAAGAAGAGGCTCGAACAGCATATTTA  
 CACGATAAACCAAAACATCTGCAAGCTGGCATATTTATGGTCCACGATGAATCAGAAGGCTGTGAGATCAATGATG  
 AGCATGTGTTGGATGGTCTTCAACCGCATCCTAACTTGAAAACCTTAGCAGTAGTGGACTATTTAGGGACTAAAT  
 TCCTTCATGGTTCCGTGAAGAGTCGCTACCAAATTTGGTCAAGTTGAAATTAAGTGGGAAGCAAAAGGTGCAAGAA  
 ATTCATCCCTTGGCCAACTGAAATTCCTTCGGCATCTTGAGCTGATAGGATTCCATGAGTTGGAATGGAATGAGGAC  
 CTGCTTTTTATGGTGTGAGATTAGAAATATTGGATCAAACAGCATTATTCAAGTGTCCCGTCATTGAAAGAACT  
 AGTATTGGAGGATATGCGTAGCCTTATTGAGTGAAGGGAGATGAAGTTGGAGTAAGAATGTCTCCCGGCTTGAG  
 AAGTTGCGGATTACAGACTGTCCATTGTTAAAAAGTATTCGAATCAATTTGAAATCCTCCGTGAATTAGAAATTA  
 GAGGAGTTGACAGTGAATGCCATTGTTGAACTTGTGCAAGCAACTTGACATCTCTCGTGAATCTTAGTGTCTATGA  
 TATGAAAGAGCTCACTTGTCTTCCAGATGAGATACTATGTAAACAACATTTCTCTTCAACAGATAACGATTTTCGAA  
 TGTGGAGAGTTTCGTGAATTGCCACAAAGCTTGTACAATCTCCATTCTCTTTATAGATTAGACATTTACAACCTGCA  
 CCAATTTCACTTCTCTTCTGTTCCCAAGGGAGACAACATTTGACTTCCCTCATATTTCTTCTTACATAAATTTG  
 TAATGGATTGATCAGTATACCAATTGGAATGCTAGATCAATGCCGGTCTCTAGAGTATTTGCATGTGAGCTGTGT

AACAACCTTGGTTTCATTCCCTTTACATGTGTGGGAAATTCCTTTCATTTTCAGTTTGGAAATAACAGAATGTCCCA  
 AATTGATTAGTGTACCCGAAGTGGGCTTCACCATCTCACC GGTTATTGAGATTGGGAATTGGTCTTTCTCAGA  
 GATGTTGGATTTCATGCATTCCAATTGATTTTAAATGGCATTCAGAAGTTGTTGCTCTTCGTGATCTGGAGGTG  
 TACGGACGTGGGCACTGGGATTCTCTGCCCTATCAGATTATGCAACTCTCTAACCTAAGAAAGATCACAATAGCTG  
 ATTTCCGAATTGAGGCTCTTCTCTAGACTTGACAACCTTACTTCTCTTGAAGTTTGACGCTAGAGAGGTGCAA  
 ACGGCTACAACATCTGAACCTCTCAGATGCCATGCCAAATTACGGCATCTGTGGATAAGTGATGTCCATTGTTA  
 GAAGCCCTGTGCGATGGGCTCGGCAACATTGTTTCTTTGGAAGAATTATATTTACAGGACTGCGAAAAACTAGAGC  
 ATCTACCGTCCCGAGATGCCATGCGACGCCTCACTAAATTTATGGAACATGAGAATTAAAGGATGCCCAAAGTTAGA  
 AGAAAGTTTACCAACTACTCCAGTGGTCCAAAATTTCCCATATTTCAAATATTGAATTAGGTGGGTGGAGAAGG  
 ACAACCATAAGTCTCGGTTTCTCTTTCACTTTCTGA

>852-5\_E30

ATGAATTATTGTCTTCTTTCGAGTACTCTACAAACAACTCCCAAAAGAAAACCTTACTTTGAGAAGACTTTGGTGCA  
 AACAGCTCAGGAAGAAGACTTTGGTGCAGACTGCAGAGGAAGGAAGCAACACAACCTATGGCCGATCCTGTAAT  
 TGGTGCTACTGTTCAAGTTTGTCTTGAAGTTGATTTCTCTCACTATCGAGGACGTCAACAGCTCAAGGGATTTC  
 AACAAAGATCTCGAAATGTTGACACAAAA TGTATCCTTAATCCAAAGCTTTTCATTCTATGATGTTAAACACCACAAG  
 TTGAGAAACAACAGTCTTTTGAACAATGGCTCAACAGGCTTGAGAGAGTTGCTGAAGATGCTCAAAATGTGTTGA  
 TCGATTTCAGATATGAATCTCTCAAAACAAAAGTGGTGAGGAGCCATTGAAAAGGTCAAGTGGTTTCTTTCTCAT  
 TCTGCTTTTAAAGAGAAAAATGTCTCAAAATATCAACAACATAAATAAAGAGTTGACGGCTATCAATAAGGTAGCCA  
 AAGACCTCGGTCTACAATCACTCATGGTACCTTCTCGGAAAATACTACCAATTCGAGAAACAGATTCTCTCGTAGG  
 TGCTTCTGATGTTGTTGGTAGAGATTGGATGTTGCTGAGATAAAGCAGAAGATTTTGAAGATGAGAGAGGAGGAT  
 GTTGTCTGTGCCCATTTCCCATAGTAGGTATGGGAGGTTTAGGGAAAACAACCTGTGGCTAAGAGGATTTACAATG  
 ATGAACACATCAAGCAAATCTTTAAAGAGAGAATTGGTTGTGTATACCTGAAATGTCTGAAACGAAGAGCTTTCT  
 TGAACAAATCCTCGAATCGTTGATAGAGAGGAAAATTGAGGTTGAAGGAGAGATATAATAGTCAAGAAGCTACAA  
 GATGAATTTGGGAGGAAAAAATATTTGCTAGTCTCGGATGATTTGTGGCGTTGACTCTACATCGTGGCATGAGT  
 TCGTTCGACACCCCTGAGAGGAATAAATACATCCAGAGGAACTGCATTTCTGTGACTACTCGTAGGAAGCAGGTGGC  
 ATCCACAGTAGCAACAGATCTTCATATCTTGGGGAAGTTAAACAGAAGATCATTTGTTGGTCTATTTTCAACAAAA  
 GCATTTGTTGATGGCAGGGTTCCAGAGGAATTAGCGAGCATGGGCAACAAGATTGTTAAATGTGCCAAGGTCTAC  
 CGTTGGCTGCAAGTGTGTTGGGAGGGCTCTTACACAACAAAGAAAAACATGAATGGCAGCAATTTCTGATGGCAA  
 CCTCCTTGTGCTGGTGAAGATGATAATGGAGAAAATAGCATAAAGAAAATCCTAAAACCTCAGCTATGATTATCTA  
 CCATCTCCACATCTGAAAAAATGTTTGTCTACTTTGCAATGTTTCCAAAAGATTATATGTTTGAAGAGGACCAAC  
 TAATCCAACCTCTGGATGGCAGAAGGGTTTCTTCGTCCAAGTCAAGAGATCCCTGTGATGGAAGACGTTGGGCACAG  
 GTTTTTTCAAATCTTGTGCAAGATTCCTTGCTACAAGATGTTGTGTTAGATGAACACAACATATAACACACTGT  
 AAGATGCACGATCTTGTGATGATTGGCTGAGATATCTTAAATCTAGACTATTTGATCCGAAGGGCGACAATG  
 GAGAAAAACTTTCTCAAGTTCGATACCTTTGGATGTGAGTCAACCAACGGATCAAATAGATAAGATATATGAGCCAGA  
 ACGTTTGTGCACACTGTTTTGGAGAAGCAATTATACATCTAAAGATATGCTGTTGAAATATAAGTTCTTGAGAGTT  
 TTAGATTGTCCAGTTTCAAGGAATCAAGGAGTTGTCAACCAAAATCGGGAAGCTGATATACTTGAGATATCTTGATC  
 TCTCGAACACTGAAATCACAGCCTTGCCCAACTCCATTGTCGAGCTCTATAATTTGCAACATTTAGAGTTCATCAA  
 CTGCTTTTCACTCCAGGAACCTCCATATGAGATGAGAAATATGATAAGTTTGAGACACATATATTACACTTCTGTT  
 GACGAAACAAGTGGGCATTGGGGAGGATGGTGTCTTCACAATGAACATTTTCAGATTCCACTTAATATGGGGCAAT  
 TGACTAGTCTTCAAACCTCAAGTTTTCAGGTAGGTTTAGAGAAAGGTCGTCAAATAGAAGAATTAGGTCAATTT  
 GAAAAACCTAAGAGGTGAATTGACGATCAATGGTCTCCAATTGGTCTGTGATAAAGAAGAGGCTTGAACAGCATAT  
 TTACACAGATAAACCAACATCTGCAAGCTGGCATATTTATGGTCCCACGATGAATCAGAAGGCTGTGAGATCAATG  
 ATGAGCATGTGTTGGATGGTCTTCAACCGCATCTTAACCTTGAAAAACCATAGCAGTAGTGGACTATTTAGGGACTAA  
 ATTTCTCTCATGGTTCCGTGAAGAGTCGCTACCAAAATTTGGTCAAGTTGAATTAAGTTGGAAGCAAAAGGTGCAAA  
 GAAATTCATCCCTTGGCCAACTGAAATTCCTTCGGCATCTTGAGCTGATAGGATCCATGAGTTGGAATGCATTG  
 GACCTGCTTTTATGGTGTGAGATTAGAAATATTTGGATCAAACAGCATTATTCAAGTGTTCCTGTCATTGAAAGA  
 ACTAGTATTGGAGGATATGCGTAGCCTTATTGAGTGGGAAGGAGATGAAGTTGGAGTAAGAATGTCTCCCGGCTT  
 GAGAAGTTGCGGATTACAGACTGTCCATTGTTAAAAAGTATCCGAATCAATTTGAAATCCTCCGTGAATTAGAAA  
 TTAGAGGTGAGTTGACAGTGAATGCCATTGTTGAACCTTGTCAGCAACTTGACATCTCTCGTGAATCTTAGTGCTA  
 TGATATGAAAGAGCTCACTTGTCTTCCAGATGAGATACTACGTAACAACATTTCTCTTCAACAGATAACGATTTTC  
 GAATGTGGAGAGTTTCGTGAATTGCCACAAAGCTTGTACAATCTCCATTCTCTTTATAGATTAGACATTTACAAC  
 GCACCAATTTCACTTCTCTCTGTTCCCAAGGGAGACAATTTGACTTCCCTCATATTCTTTTCTTACATAA  
 TTGTAATGGATTGATCAGTATACCAATTGGAATGCTAGATCAATGCCGGTCTCTAGAGTATTTGCATGTGAGCTGC  
 TGTAAACAACTTGGTTTCATTCCCTTTACATGTGTGGGATATTCCTTTCATTTTCAGTTTGGAAATAACAGAATGTC  
 CCAAATTGATTAGTGTACCCGAAGTGGGCTTCACCATCTCACC GGTTATTGAGATTGGGAATTGGTCTTTCTCTC  
 AGAGATGGTGGATTTGATGCATTCCAATTGATTTTAAATGGCATTGAGAAGTTGTTGCTCTCTGATCTGGAG  
 GTGTACGGACGTGGGCACTGGGATTCTCTGCCCTATCAGCTTATGCAACTCTCTAACCTAAGAAAGATCACAATAG  
 CTGATTTCCGAATTGAGGCTCTTCTCTAGACTTGACAACCTTACTTCTCTTGAAGTTTGACGCTAGAGAGGTG  
 CAAACGGCTACAACATCTGAACCTCTCAGATGCCATGCCAAATTACGGCATCTGTGGATAAGTGATTGTCCATTG  
 TTAGAAGCCCTGTGCGATGGGCTCGGCAACATTGTTTCTTTGGAAGAATTATATTTACAGGACTGCGAAAAACTAG  
 AGCATCTACCGTCCCGAGATGCCATGCGACGCCTCACTAAATTTATGGAACATGAGAATTAAAGGATGCCCAAAGTT  
 AGAAGAAAGTTTACCAACTACTCCAGTGGTCCAAAATTTCCCATATTTCAAATATTGAATTAGGTGGGTGGAGA  
 AGGACAACCATAAGTCTCGGTTTCTCTTTCACTTTCTGA



&gt;487-1\_I4\_I6\_I8

ATGAATTATTGCTTCTCCTTCGAGTACTCTACAAACAACCTACCAAACGAAGACTTACTTTGAGAAGACTTTGTTGCA  
 AACAGCTCAGGAAGAAGACTTTGGTGCAGATTGCAGAGGAAGAGGAAGCAAACAACCTATGGCCGATGCTGTAAT  
 TGGTGCTACTGTTCAAGTTTGGCTTGAAAAGTTGATTTCTCTCACTATCGAGGAGGTCAACAGCTCAAGGGATTTC  
 AACAAAGATCTCGAAATGTTGACACAAAATGTATCTTTAATCCAAGCTTTCATTATGATGTTGAAACACCACAAG  
 AGAAACAACAGTCTGTGCAACAATGGCTCAACAGGCTTGAGAGAGTTGCTGAAGATGCTGAAAATGTGTTTGATCG  
 ATTCAGATATGAATCTCTCAAAACAAAAGTGGTGAGGAGCCCATTTGAAAAGGTCAGTGGTTTCTTTCTCATACT  
 GCTTTTAAGAGAAAAATGTCTCAAAAAATCAACAACATCAATAAAGAGTTGACGGCTATCAATAAGGTAGCCAAAG  
 ACCTCGGTCTACAATCACTCATGGTACCTTCTCGGAAAATACTACCAATTCGAGAAACAGATTCCCTTAGTAGTTGC  
 TTCTGATATTGTGCGGTAGAGATTGGATGTTGCTGAGATAAAGGAGAAGATTTTGAAGATGAGAGAGGAGGATATT  
 GTTCTGTCCACCATTCCCATTGTAGGTATGGGAGGTTTAGGGAAAACAACCTGTGGCTAAGAGGATTACAAATGATG  
 AACACATGAAGCAAATCTTTAAAAGAGAATTTGGTTGTGTCTACCTGAAATGTCTGAAACGAAGAGCTTTCTTGA  
 ACAAACTCTCGAATCGTTGATAGAGAGGAAAATTGAGGTTGAAGAGAGATATAATAGTCAAGAGCTACAAGAT  
 GAATTGGGAGGAAAAAATATTGCTAGTCTGGATGATTTGTGGAGTGTGACTCTACATTGTGGCATGAGTTCG  
 TCGACACCCTGAGAGGAATAAATACATCCAGAGGAACTGCATTCTTGTGACTACTCGTAGGAAGCAGGTGGCATC  
 CACAGTAGCAACAGATCTTCATATCTTGGGAAGTTAACAGAAGATCATTTGTTGGTCTATTTTCAAAACAAAAGCA  
 TTTGTTGATGGCAGGGTTCCAGAGGAATTAGCGAGCATGGGCAACAAGATTGTTAAAATGAGTCCCAAGGTCTACCGT  
 TGGCTGCAAGTGCCTTGGGAGGGCTCTTACAACAAGAAAAACATGAATGGCAAGCAATTCTTGATGGCAACCT  
 CCTTGTGTCAGGTGAAGATGATAATGGAGAAAATAGCATAAAGAAAATCCTAAAACCTCAGCTATGATTATCTACCA  
 TCTCCACATCTGAAAAATGCTTTGCTTACTTTTGCAATGTTTCCAAAAGATTATATGTTTGAAGAGGACCAACTAA  
 TCCAACCTCTGGATGGCAGAAGGATTCTTTCGTCCAAGTCAAGAGATCCCTGTGATGGAAGACGTTGGGCAAGGTT  
 TTTTCAAACTCTTGTGTCAGAAATTCCTTGCTACAAGATGTTGTGTTAGATGAACACAACAATATAACAACACTGTAAG  
 ATGCACGATCTTGTGATGATTGGCTGGACATATCTTAAAATCTAGACTATTTGATCCGAAGGGCGACGATGGAG  
 AAAAATTTCTCAAGTTCGATACTTTGGATGTGAGTCAACAACGATCAAAATAGATAAGATATGTGAGCCAGAAGC  
 TTTGTGCACTGTTTGGAGAGCAATTATACATCTGAAGATATGCTGTTGAACCTTAAGTTCTTGAGAGTTTGA  
 GATTTGTCCAGTTTCCGAATCAAGGAGTTGTGAGCCAAAATCGGGAAGCTGATATACTTGAGATACCTTGATCTCT  
 CGAACACTGAGATCACAGCCTTGCCCAACTCCATTTGCGAGCTCTATAATTTGCAACATTTAGAGTCATCAACTG  
 CTTTTCACTCCAGAACTTCCATATGAGATGGGAAATATGGTAAGTTTGAAGACATATATTACACTTCTGTTGAC  
 AAAAGAAATGAGCATTTGGGAGGATGGTGTATTCTCAATGAACGTTTTCAGATGTCACTTAAGATGCGACAATTGA  
 CTTGTCTTCAAACCTCAAGTTTTTCAAGATAGGTTTTAAAGAAAGGTCGTCAAATAGAAGAATTAGGTCATTTGAA  
 AAACCTAAGAGGTGAATTGACGATCAATGGTCTCCAATTGGTCTGTGATAAAGAAGAGGCTCGAACAGCTTATTTA  
 CACGATAAAACCAACATCTGCAAGCTGGCATTTTATGGTCCCATGATGAATCAGAAGGCTCTGAGATCAATGATG  
 AGCATGTGTTGGATGGTCTTCAACCGCATCTAATTTGAAAACCTTAGCAGTAGTGGACTATTTAGGGACTAAAT  
 TCCTTCATGGTTCCATGAAGAGTCGCTACCAATTTGGTCAAGTTGAAATTAAGTGGTAGCAAAAGGTGCAAGAA  
 ATTCATCCCTTGGCCAACTGAATTCCTTCGGCATCTTGAGCTGATAGGATTCCATGAGTTGGAATGCATTGGAC  
 CTGCTTTTATGGTGTGAGATTAGAAATATGGATCAACAACATTATTCAAGTGTCCCGTCATTGAAAGAAC  
 AGTATTGGAGGATATGCGTAGCCTTATTGAGTGGAAAGGAGATGAAGTTGGAGTAAGAATGTCTCCCGGCTTGAG  
 AAGTTGCGGATTACAGACTGTCCATTGTTAAAAGATATCCGAATCAATTTGAATCCTCCGTGAATTAGAAATTA  
 GAGGAGTTGACAGTGAATGCCATTGTTGAACCTGTGTCAGCAACTTGACATCTCTCGTGAATCTTAGTGTCTATGA  
 TATGAAGAGCTCACTTGTCTTCCAGATGAGTACTACGTAACAACATTTCTCTTCAACAGATAACGATTTTCAAC  
 TGCGGAGAGTTTCGTGAATTGCCACAAAGCTTGTACAACCTCCCATTTCTTTATAGATTAGACATTTACACTGCA  
 CCAATTTAGTTCTCTTCTGTTCCAAAGGAGACAACTATTGACTTCCCTCATATTCTTTTCTTACATAATTG  
 TAATGGATTGATCAGTATACCAATTGGAAATGCTAGATCAATGCCGGTCTCTAGAGTATTGATGTGAGCTGTGT  
 AACAACTTGGTTTCATTCCCTTTACATGTGTGGGAAATTCCTTCATTTTCAGTTTGGAAATAACAGAATGTCCCA  
 AATTGATTAGTGTACCCGAAGTGGGCTTCCACATCTCACCGGTTATTGAGATTGGGAATTGGTCTTTTCTCAGA  
 GATGGTGGATTTTGATGCATTCGAATTGATTTTAATGGCATTGAGAAGTTGTTGTCTCTTCTGATCTGGAGGTG  
 TACGGACGTGGGCACTGGGATTCTCTGCCCTATCAGCTTATGCAACTCTCTAACCTAAGAAGATCACAATAGCTG  
 ATTTCCGAATTGAGGCTCTTCTCTAGACTTGACAACCTTACTTCTCTTGAAGTTTGAAGCTAGAGAGGTGCAA  
 ACGGCTACAACATCTGAACCTCTCAGATGCCATGCCCAAATTACGGCTTCTGTGGATAAGTGATTGTCCATTGTTA  
 GAAGCCCTGTGGATGGGCTCGGCAACATTGTTTCTTTGGAAGAATTATATTTACAGGACTGCGAAAACATAGAGC  
 ATCTACCGTCCCGAGATGCCATGCCAGCCTCACTAAATTATGGAACATGAGAATTAAAGGATGCCCAAAGTTAGA  
 AGAAAGTTTCACTCAACTACTCCAGTGGTCCAAAATTTCCCATATTTCAAATATTGAATTAGTGGGTGGAGAAGG  
 ACAGCCATAAGTCTCGGTTTCTCTTTCACTTTCTGA

&gt;94-2031\_L4\_L7\_L8

ATGAATTATTGCTTCTCCTTCGAGTACTCTACAAACAACCTACCAAACGAAGACTTACTTTGAGAAGACTTTGTTGCA  
 AACAGCTCAGGAAGAAGACTTTGGTGCAGATTGCAGAGGAAGAGGAAGCAAACAACCTATGGCCGATGCTGTAAT  
 TGGTGCTACTGTTCAAGTTTGGCTTGAAAAGTTGATTTCTCTCACTATCGAGGAGGTCAACAGCTCAAGGGATTTC  
 AACAAAGATCTCGAAATGTTGACACAAAATGTATCTTTAATCCAAGCTTTCATTATGATGTTGAAACACCACAAG  
 AGAAACAACAGTCTGTGGAACAATGGCTCAACAGGCTTGAGAGAGTTGCTGAAGATGCTGAAAATGTGTTTGATCG  
 ATTCAGATATGAATCTCTCAAAACAAAAGTGGTGAGGAGCCCATTTGAAAAGGTCAGTGGTTTCTTTCTCATACT  
 GCTTTTAAGAGAAAAATGTCTCAAAAAATCAACAACATAAATAAAGAGTTGACGGCTATCAATAAGGTAGCCAAAG  
 ACCTCGGTCTACAATCACTCATGGTACCTTCTTGGAAAATACTACCAATTCGAGAAACAGATTCCCTTCGTAGGTGC

TTCTGATGTTGTTGGTAGAGATTTGGATGTTGCTGAGATAAAGGAGAAGATTTTGAACATGAGAGAGGAGGATGTT  
 GTTCTGTCCACCATTCCCATAGTAGGTATGGGAGGTTAGGGGAAAACAACGTGGCTAAGAGGATTTACAATGATG  
 AACACATCAAGCAATCTTTAAAGAGAGAAATTTGGTTGTGTATACCTGAAATGTCTGAAACGAAGAGCTTTCTTCA  
 ACAAATCCTCGAATCGTTGATAGAGAGGAAAATTTGAGGTTGAAAGGAGAGATATAATAGTCAAGAAGCTACAAGAT  
 GAATTTGGGAGGAAAAAATATTTGCTAGTCTGGATGATTTGTGGCGTGTGACTCTACATCGTGGCATGAGTTTCG  
 TCGACACCCTGAGAGGAATAAATACATCCAGAGGAACTGCATTCTTGTGACTACTCGTAGGAAGCAGGTGGCATC  
 CACAGTAGCAACAGATCTTCATATCTTGGGGAAGTTAACAGAAGATCATTGTTGGTCTATTTTCAAACAAAAGCA  
 TTTGTTGATGGCAGGGTTCCAGAGGAATTAGCGAGCATGGGCAACAAGATTGTTAAATGTGCCAAGGTCTACCGT  
 TGGCTGCAAGTGTGTTGGGAGGGCTCTTACACAACAAGAAAAACATGAATGGCAAGCAATTCTTGATGGCAACCT  
 CCTTGTTCAGGTGAAGATGATAATGGAGAAAATAGCATAAAGAAAATCCTAAAACCTCAGCTATGATTATCTACCA  
 TCTCCACATCTGAAAAAATGCTTGGCTTACTTTGCAATGTTTCCAAAAGATTATATGTTTGAAAAGGACCAACTAA  
 TCCAACCTCTGGATGGCAGAAGGGTTTCTTCGTCCAAGTCAAGAGATCCCTGTGATGGAAGACGTTGGGCAAGGTT  
 TTTTCAAATCTTGTTCGAGAATTCCTTGCTACAAGATGTTCTGTTAGATGAACACAACAATAACACACTGCAAG  
 ATGCACGATCTTGTGCATGATTTGGCTGGAGATATCTTAAATCTAGACTATTTGATCCGAAGGGCAACAATGGAG  
 AAAAATCTTCTCAAGTTCGATACCTTGGATGTGAGTCAACAACGGATCAAAATAGATAAGATATATGAGCCAGAACG  
 TTTGTGCACACTGTTTTGGAGAAGCAATTATACATCTAAAGATATGCTGTTGAACCTTTAAGTTCCTTGAGAGTTTTA  
 GATTTGTCCAGTTTCAAGGAATCAAGGAGTTGTGAGCCAAAATCGGGAGGCTGATATACTTGAGATATCTTGATCTCT  
 CGAACATGAGATCAAGCCTTGCCCAACTCCATTTCAGCTCTATAATTTGCAAAACATTTAGAGTCATCAACTG  
 CTTTTCACTCCAGGAACCTTCCATATGAGATGAGAAATAGATAAGTTTGAGACACATATATTACACTTCTGTTGAC  
 GAAACAAGTGGGCATTGGGAGGATGGTGTCTTCAATGAACATTTTCAGATTCCACTTAATATGGGGCAATTGA  
 CTAGTCTTCAAACCTCAAGTTTTTCAAGGTAGGTTTAGAGAAAAGGTCGTCAAATAGAAGAATTAGGTCAATTTGAA  
 AAACCTAAGAGGTGAATGACGATCAATGGTCTCCAATTTGGTCTGTGATAAAGAAGAGGCTCAAACAGCATATTTA  
 CACGATAAACCAAAACATCTGCAAGCTGGCATATTTATGGTCCCATGATGAATCAGAAGGCTGTGAGATCAATGATG  
 AGCATGTGTTGGATGGTCTTCAACCGCATCCTAACTTGAAAACCTTAGCAGTAGTGGACTATTTAGGGACTAAAT  
 TCCTTCATGGTTCAAGTGAAGAGTCGCTACCAAAATTTGGTCGAGTTGAAATTAAGTGGTAGCAAAAGGTGCAAGAA  
 ATTCCATCCCTTGGCCAACTGAAATTCCTTCGGCATCTTGAGCTGGTAGGATTCCATGAGTTGGAATGCATTGGAC  
 CTGCTTTTTATGGTGTGAGATGAGAAATATTGGATCAACAGCATTATCCAAGTGTTCCTGATGAAAAACT  
 AGTATTGAAGGATATGCGTAGCCTTATTGAGTGGAAAGGGAGATGAGTTGGAGTAAGAATGTCTCCCGGTCTTGAG  
 AAGTTGCGGATTACAGACTGTCCATTGTTAAAAAGTATTTCCGAATCAATTTGAAATCCTCCGTCAATTAATAATTA  
 CAGGAGTTGACAGTGAAATGCCATTGTTGAACCTTGTGACGAACTTGACATCTCTCGTAAAGCTTAGAGTCTATGA  
 TATGAAAAGAGCTCACTTGTCTTCCAGATGAGATGCTACGTAAACAACGTTTCTCTTCAACAGATAAATAATTTCAAC  
 TGCGGAGAGTTTCGTGAATTGCCACAAGCTTGTACAATCTCCATTCTCTTAGGAGATTAGACATTTACAACCTGCA  
 CCAATTTCAAGTCTCTTCTGTTCCCAATGGAGGCAACTATTTGACTTCCCTCGAATCTTTTGTCTATATAATTTG  
 TAATGGATTGATCAGTATACCAATTTGGAATGCTAGATCAATGCCGGCTAGTGTTTTGAATGTCAGTGTCTGTAAAC  
 AACTTGGTTTCACTTCCCTGTACATGTGTGGGAAATGCCTTCACTTTCATATTTGGTTATATCAGAATGTCCCAAT  
 TGATTAGTGTACCCAAAGTGGGCCTTCAACATCTCACCGGTTAGTGAGATTGGGAATTGGTCTTCTCAGAGAT  
 GGTGATTTTGTGATTCATTCATTTGATTTTAAATGGCATTCAAGCAGTTGTTGTCCCTTCGTGATCTGGAGGTGTAC  
 GGACGTGGGCACCTGGGATTCTCTGCCCTATCAGCTTATGCAACTCTCTGACCTAAGAGAGATCACAATAGCTGATT  
 TCGGAATTGAGGCTCTTCTCCTACTCTTGACAACCTTACTTCTCTTGAAAGTTTGACGCTAGTGAGGTGCAACA  
 GCTACAACATCTGAACTTCTCAGATGCCATGCCCAATTAACGGCTCCTGTGGATACGTGATTGTCATTGTTAGAA  
 GCTCTGTGCGGATGGGCTCGGCAACCTTGTCTTGTGGAAGAATTATATTACATGACTGCGCAAAACCTAGAGCATC  
 TACCGTCCCGAGATGCCATGCGACGCCCTCACTAAATTTAGGAACATGAGAATTAAGAGATGCCCAAGTTAGAGA  
 AAGTTTCAACCACTACTCCAGTGCTCCAAATTTCCCATATTTCAAATATTGAATTAGGTGGGTGGAGAAGGACA  
 GCCATAAGTCTCGGTTTCTCTTTCATTTCTGA

>561-2\_K4\_K14\_K22

ATGAATTATTGTCTTCCTTCGAGTACTCTACAAACAACCTACCAAACGAAGACTTACTTTGAGAAGACTTTGTTGCA  
 AACAGCTCAGGAAGAAGACTTTGGTGAGATTGCGAGGGAAGAGGAAGCAAAACACAATATGCCCGATGCTGTAAT  
 TGGTGTCTACTGTTCAAGTTTTGCTTGAAAAGTTGATTTCTCTCACTATCGAGGAGGTCAACAGCTCAAGGGATTTC  
 AACAAAGATCTCGAAATGTTGACACAAAATGTATCTTTAATCCAAGCTTTCATTTCATGATGTTGAAACACCACAAG  
 AGAAACAACAGTCTGTGGAACAATGGCTCAACAGGCTTGAGAGAGTTGCTGAAGATGCTGAAAATGTGTTGATCG  
 ATTCAGATATGAATCTCTCAAAACAAGTGGTGAGGAGCCCATGAAAAGGTCAAGTGGTTTCTTTCTCATACT  
 GCTTTTAAAGAGAAAATGTCTCAAAAATCAACAACATAAATAAAGAGTTGACGGCTATCAATAAGGTAGCCAAAG  
 ACCTCGGTCTACAATCACTCATGGTACCTTCTTGGAAAATACTACCAATTCGAGAAACAGATTCTTCTGATGGTGC  
 TTCTGATGTTGTTGGTAGAGATTTGGATGTTGCTGAGATAAAGGAGAAGATTTTGAACATGAGAGAGGAGGATGTT  
 GTTCTGTCCACCATTCCCATAGTAGGTATGGGAGGTTTGGGAAAACAACCTGTGGCTAAGAGGATTTACAATGATG  
 AACACATCAAGCAATCTTTAAAGAGAGAAATTTGGTTGTGTATACCTGAAATGTCTGAAACGAAGAGCTTTCTTCA  
 ACAAATCCTCGAATCGTTGATAGAGAGGAAAATTTGAGGTTGAAAGGAGAGATATAATAGTCAAGAAGCTACAAGAT  
 GAATTTGGGAGGAAAAAATATTTGCTAGTCTGGATGATTTGTGGCGTGTGACTCTACATCGTGGCATGAGTTTCG  
 TCGACACCCTGAGAGGAATAAATACATCCAGAGGAACTGCATTCTTGTGACTACTCGTAGGAAGCAGGTGGCATC  
 CACAGTAGCAACAGATCTTCATATCTTGGGGAAGTTAACAGAAGATCATTGTTGGTCTATTTTCAAACAAAAGCA  
 TTTGTTGATGGCAGGGTTCCAGAGGAATTAGCGAGCATGGGCAACAAGATTGTTAAATGTGCCAAGGTCTACCGT  
 TGGCTGCAAGTGTGTTGGGAGGGCTCTTACACAACAAGAAAAACATGAATGGCAAGCAATTCCTTGATGGCAACCT  
 CCTTGTTCAGGTGAAGATGATAATGGAGAAAATAGCATAAAGAAAATCCTAAAACCTCAGCTATGATTATCTACCA

TCTCCACATCTGAAAAAATGCTTTGCTTACTTTGCAATGTTTCCAAAAGATTATATGT1TGAAAAGGCCAACCTAA  
TCCAACCTCTGGATGGCAGAAGGGTTTCTTCGTCCAAGTCAAGAGATCCCTGTGATGGAAGACGTTGGGCACAGGTT  
TTTTCAAATCTTGTGTCAGAAATTCCTTGCTACAAGATGTTCTGTTAGATGAACACAACAATATACACACTGCAAG  
ATGCACGATCTTGTGCATGATTTGGCTGGAGATATCTTAAATCTAGACTATTTGATCCGAAGGGCAACAATGGAG  
AAAAACTTTCTCAAGTTCGATACTTTGGATGTGAGTCACCAACGGATCAAATAGATAAGATATATGAGCCAGAACG  
TTTGTGCACACTGTTTGGAGAAGCAATTATACATCTAAAGATATGCTGTTGAACCTTAAAGTCTTGAGAGTTTTA  
GATTTGTCCAGTTCAGGAATCAAGGAGTGTGTCAGCCAAAATCGGGAAGCTGATATACTTGAGATATCTTGATCTCT  
CGAACACTGAGATCAAGCCCTTGCCCAACTCCATTTGCAAGCTCTATAATTTGCAAAACATTTAGAGTCATCAACTG  
CTTTTCACTCCAGGAACCTCCATATGAGATGAGAAATATGATAAGTTTGAGACACATATATTACACTTCTGTTGAC  
GAAACAAGTGGGCATTTGGGGAGGATGGTGTCTTCAATGAACATTTTCAGATTCCTTAATATGGGGCAATTTGA  
CTAGTCTTCAAACCCCTCAAGTTTTCAAGGTAGGTTTAGAGAAAAGGTCGTCAAATAGAGAATTAGGTCAATTTGAA  
AAACCTAAGAGGTGAATTGACGATCAATGGTCTCCAATTGGTCTGTGATAAAGAAGAGGCTCAAACAGCATATTTA  
CACGATAAACCACATCTGCAAGCTGGCATATTTATGGTCCCATGATGAATCAGAAGGCTGTGAGATCAATGATG  
AGCATGTGTTGGATGGTCTTCAACCGCATCTAATTTGAAAACCTTAGCAGTAGTGGACTATTTAGGGACTAAATTT  
TCCTTCATGGTTTCAAGAGATCGCTACCAAATTTGGTTCGAGTTGAAATTAAGTGGTAGCAAAAGGTGCAAGAA  
ATTCATCCCTTGGCCAACTGAAATTCCTTCGGCATCTTGAGCTGGTAGGATTCATGAGTTGGAATGCATTGGAC  
CTGCTTTTATGGTGTGAGATGAGAAATATGGATCAAACAGCATATCCAAAGTGTCCCGTCATTGAAAAAAT  
AGTATTGAAGGATATGCGTAGCCTTATTTAGTTCGAAGGAGATGAAGTTGGAGTAAGAATGCTCTCCCGTCTTGAG  
AAGTTGCGGATTACAGACTGTCCATTGTTAAAAAGTATTCGGAATCAATTTGAAATCCCTCCGTCAATTTAAAAATTA  
CAGGAGTTGACAGTGAATGCCATTGTTGAACTTGTGCAGCACTTGACATCTCTCGTAAAGCTTAGAGTCTATGA  
TATGAAAGAGCTCACTTGTCTTCCAGATGAGATGCTACGTAACACGTTTCTCTTCAACAGATAATAATTTCAAC  
TGCGGAGAGTTTCGTGAATTGCCACAAAGCTTGTAATCTCCATTCTCTTAGGAGATTAGACATTTACAACCTGCA  
CCAATTTCAAGTCTCTTCTGTTCCCAATGGAGGCAACTATTTGACTTCCTCGAATTCCTTTGCTTATATAATTG  
TAATGGATTGATCAGTATACCAATTGGAATGCTAGATCAATGCCGGCTAGTGTTTTGAATGTGAGCTGCTGTAAC  
AACTTGGTTTCACTCCCTGTACATGTGTGGGAAATGCTTCACTTTTCAATTTGGTTATATCAGAATGTCCCAAT  
TGATTAGTGTACCCAAAGTGGGCTTCAACATCTCACCGGTTAGTGAGATTGGGAATGGTCTTCTCAGAGAT  
GGTGGATTTGATGCAATCCAATTGATTTTAAATGGCATTCAGCAGTTGTTGTCCTTCGTGATCTGGAGGTGTAC  
GGACGTGGGCACCTGGGATTCTCTGCCCTATCAGCTTATGCAACTCTCTGACCTAAGAGAGATCACAATAGCTGATT  
TCGGAATTGAGGCTCTTCTCTTACTCTTGACAACCTTACTTCTCTTGAAGTTTGACGCTAGTGAGGTGCAACA  
GCTACAACATCTGAACCTCTCAGATGCCATGCCAAATTACGGCTCCTGTGGATACGTGATTGTCCATTGTTAGAA  
GCTCTGTGCGATGGGCTCGGCAACCTTGTTCTTTGGAAGAATTATATTTACATGACTGCGAAAACTAGAGCATC  
TACCGTCCCAGATGCCATGCGACGCTCACTAAATATGGAACATGAGAAATTAAGGATGCCCAAGTTAGAAGA  
AAGTTTCAACCACTACTCCAGTGGTCCAAATTTCCCATATTTCAAATATTTGAATTAGGTGGGTGGAGAAGGACA  
GCCATAAGTCTCGGTTTCTCTTCACTTTCTGA

>324-2\_J1\_J3\_J8

atgaattattgtcttccCTTCGagTACTCTACAAACAACCTACCAACGAAGACTTACTTTGAGAAGACTTTGTTGCA  
AACAGCTCAGGAAGAAGACTTTGGTGCAGATTCAGAGGAAGAGGAAGCAACACAACCTATGGCCGATGCTGTAAT  
TGGTGCTACTGTTCAAGTTTGTCTGAAAAGTTGATTTCTCTCACTATCGAGGAGGTCAACAGCTCAAGGGATTTT  
AACAAAGATCTCGAAATGTTGACACAAAATGTATCTTTAATCCAAGCTTTCATTGATGTTGAAAACACCACAAG  
AGAAACAACAGTCTGTGGAACAATGGCTCAACAGGCTTGAGAGAGTTGCTGAAGATGCTGAAAATGTGTTTGATCG  
ATTCAGATATGAATCTCTCAAAACAAGTGGTGAGGAGCCCATTTGAAAAGGTCAGTGGTTCTTTCTCATACT  
GCTTTTAAGAGAAAAATGTCTCAAAAATCAACAATAAATAAGAGTTGACGGCTATCAATAAGTACGCAAAAG  
ACCTTCGGTCTCAATCACTCATGTACCTTCTTGGAAAAATCTACCAATTCGAGAAAACAGATTTCCTTCGTAGGTGC  
TTCTGATGTTGTTGGTAGAGATTGGATGTTGCTGAGATAAAGGAGAAGATTTTGAACATGAGAGAGGAGGATGTT  
GTTCTGTCCACCATTCCATAGTAGGTATGGGAGGTTTAGGGAAAACAACCTGTGGCTAAGAGGATTTACAATGATG  
AACACATCAAGCAAATCTTTAAAGAGAGAATTTGGTTGTGTATACCTGAAATGTCTGAAACGAGAGCTTTCTTCA  
ACAAATCCTCGAATCGTTGATAGAGAGGAAAAATGAGGTTGAAAGGAGAGATATAATAGTCAAGAAGCTACAAGAT  
GAATTGGGAGGAAAAAATATTTGCTAGTCTGGATGATTTGTTGGCGTGTGACTCTACATCGTGGCATGAGTTG  
TCGACACCCTGAGAGGAATAAATACATCCAGAGGAACTGCAATTCCTGTGACTACTCGTAGGAAGCAGGTGGCATC  
CAGATGACCAACAGATCTTCATATCTTGGGGAAGTTAACAGAAGATCATGTTGGTCTATTTTCAAAACAAAAGCA  
TTTGTGATGGCAGGGTTCCAGAGGAATTAGCGAGCATGGGCAACAAGATTGTTAAAAATGTGCCAAGGCTTACCGT  
TGGCTGCAAGTGTGTTGGGAGGGCTCTTACACAACAAAGAAAAATGAATGGCAAGCAATTCCTGATGGCAACCT  
CCTTGTGTCAGGTGAAGATGATAATGGAGAAAAATAGCATAAAGAAAAATCCTAAAACCTCAGCTATGATTATCTACCA  
TCTCCACATCTGAAAAAATGCTTTGCTTACTTTGCAATGTTTCCAAAAGATTATATGTTTGAAGAGGACCAACTAA  
TCCAACCTCTGGATGGCAGAAGGGTTTCTTCGTCCAAGTCAAGAGATCCCTGTGATGGAAGACGTTGGGCACAGGTT  
TTTTCAAATCTTGTGTCAGAAATTCCTTGCTACAAGATGTTCTGTTAGATGAACACAACAATATAACACACTGCAAG  
ATGCACGATCTTGTGCATGATTTGGCTGGAGATATCTTAAATCTAGACTATTTGATCCGAAGGGCAACAATGGAG  
AAAAACTTTCTCAAGTTCGATACTTTGGATGTGAGTCACCAACGGATCAAATAGATAAGATATATGAGCCAGAACG  
TTTGTGCACACTGTTTGGAGAAGCAATTATACATCTAAAGATATGCTGTTGAACCTTAAAGTCTTGAGAGTTTTA  
GATTTGTCCAGTTCAGGAATCAAGGAGTTGTGTCAGCCAAAATCGGGAAGCTGATATACTTGAGATATCTTGATCTCT  
CGAACACTGAGATCAAGCCCTTGCCCAACTCCATTTGCAAGCTCTATAATTTGCAAAACATTTAGAGTCATCAACTG  
CTTTTCACTCCAGGAACCTCCATATGAGATGAGAAATATGATAAGTTTGAGACACATATATTACACTTCTGTTGAC  
GAAACAAGTGGGCATTGGGGAGGATGGTGTCTTCAATGAACATTTTCAGATTCCACTTAATATGGGGCAATTTGA



CTAGTCTTCAAACCTCAAGTTTTTCAAGGTAGGTTTAGAGAAAGGTCGTCAAATAGAAGAATTAGGTCATTTGAA  
 AAACCTARGAGGTGAATTGACRATCAATGGTCTCCAATTGGTCTGTGATAAAGAAGAGGCTCRAACAGCATATTTA  
 CACGATAAACCAACATCTGCAAGCTGGCATATTTATGGTCCCATGATGAATCAGAAGGCTGTGAGATCAATGATG  
 AGCaTGTGTTGGATGGTCTTCAACCGCATCCTAACTTGAAAACCTTAGCAGTAGTGGACTATTTAGGGACTAAATT  
 TCCTTCATGGTTTCAGTGAAGAGTCGCTACCAAAATTTGGTCCAGTTGAAATTAAGTGGTAGCAAAAGGTCAAAGAA  
 ATTCATCCCTTGGCCAACTGAAATTCCTTCGGCATCTTGAGCTGGTAGGATTCATGAGTTGGAATGCATTGGAC  
 CTGCTTTTATGGTGTGAGATGAGAAATATTGGATCAAACAGCATTATCCAAGTGTTCCTGTCATTTGAAAAACT  
 AGTATTGAAGGATATGCGTAGCCTTATTGAGTGGAGGGAGATGAAGTTGGAGTAAGAATGTCTCCCGGTCTTGAG  
 AAGTTGCGGATTACAGACTGTCCATTGTAAAAAGTATTCGAATCAATTTGAAATCCTCCGTCAATTAATAATTA  
 CAGGAGTTGACAGTGAAATGCCATTGTTGAACTTGTGCAGCAACTTGACATCTCTCGTAAAGCTTAGAGTCTATGA  
 TATGAAAGAGCTCACTTGTCTTCAGATGAGATGCTACGTAACAACGTTTCTCTTCAACAGATAATAATTTTCAAC  
 TGCGGAGAGTTTCGTGAATTGCCACAAAGCTTGTACAATCTCCATTCTCTTAGGAGATTAGACATTTACAACCTGCA  
 CCAATTTTCAGTTCTCTTCTGTTCCCAATGGAGGCACATTTGACTTCCCTCGAATTCCTTTGCTTATATAATTG  
 TAATGGATTGATCAGTATACCAATTGGAATGCTAGATCAATGCCGGCTAGTGTTTTTGAATGTGAGCTGCTGTAAC  
 AACTTGGTTTCATTCCTGTACATGTGTGGGAAATGCCCTTCACTTTTCATATTTGGTTATATCAGAATGTCCCAAT  
 TGATTAGTGTACCCAAAGTGGGCTTCACTCTCACCGGGTTAGTGAGATTGGGAATTTGGTCTTTCTCAGAGAT  
 GGTGGATTGATGCAATTCGAATGATTTTAATGGCATTGAGCAGTTGTTGTCCCTTCGTGATCTGGAGGTGTAC  
 GGACGTGGGCACTGGGATTTCTCTGCCCTATCAGCTTATGCAACTCTCTGACCTAAGAGAGATCACAAATAGCTGATT  
 TCGGAATTGAGGCTCTTCTCTACTCTTGACAACCTTACTTCTCTTGAAGTTTGACGCTAGTGAGGTGCAACA  
 GCTACAACATCTGAACCTTCTCAGATGCCATGCCCAAATTACGGCTCCTGTGGATACGTGATTGTCCATTGTTAGAA  
 GCTCTGTCCGATGGGCTCGGCAACCTTGTCTTTGGGAATTAATTTATCATGACTGCGAAAACTAGAGCATC  
 TACCGTCCCAGATGCCATGCGACGCTCACTAAATTAAGAATGAGAATTAAGGATGCCCAAAGTTAGAAGA  
 AAGTTTCACCAACTACTCCCAGTGGTCCAAATTTCCCATATTTCAAATATTGAATTAGGTGGGTGGAGAAGGACA  
 GCCATAAGTCTCGGTTTCTCTTCACTTTCTGA

>852-5\_E14\_E23

ATGAATTATGTCTTCTTCGAGTACTCTACAAACAACCTCCCAAAGAAAACCTTACTTTGAGAAGACTTTGGTGCA  
 AACAGCTCAGGAAGAAGACTTTGGTGCAGACTGCAGAGGAAGGAAGCAACACAACCTATGGCCGATCCTGTAAT  
 TGGTGCTACTGTTCAAGTTTTCGTTGAAAAGTTGATTTCTCTCACTATCGAGGACGTCAACAGCTCAAGGGATTTC  
 AACAAAGATCTCGAAATGTTGACACAAAATGTATCCTTAATCCAAGCTTTCATTATGATGTTAAACACCACAAG  
 TTGAGAAACAACAGTCTTTTCGAACAATGGCTCAACAGGCTTGAGAGAGTTGCTGAAGATGCTCAAATGTGTTTGA  
 TCGATTGAGATATGAATCTCTCAAAACAAGTGGTGAGGAGCCCATTTGAAAAGGTGAGTGGTTCTTTTCTCAT  
 TCTGCTTTTAAAGAGAAAATGTCTCAAAATATCAACAACATAAATAAGAGTTGACGGCTATCAATAAGGTAGCCA  
 AAGACCTCGGTCTACAATCACTCATGGTACCTTCTCGGAAAATACCTACCAATTCGAGAAACAGATTCTTTCGTAGG  
 TGCTTCTGATGTTGTTGGTAGAGATTGGATGTTGCTGAGATAAAGGAGAAGATTTGAAGATGAGAGAGGAGGAT  
 GTTGTCTGTCCACCATTCCCATAGTAGGTATGGGAGGTTTAGGGAAAACAACCTGTGGCTAAGAGGATTTACAATG  
 ATGAACACATCAAGCAAACTCTTAAAGAGAGAATTTGGTGTGTATACCTGAAATGTCTGAAACGAAGAGCTTTCT  
 TGAACAAATCCTCGAATCGTTGATAGAGAGGAAAATTGAGGTTGAAAGGAGAGATATAATAGTCAAGAAGCTACAA  
 GATGAATTTGGGAGGAAAAAATATTTGCTAGTCTGGATGATTTGTGGCGTGTGACTCTACATCGTGGCATGAGT  
 TCGTCGACACCTTGAGAGGAATAAATACATCCAGAGGAACTGCATTCTTGTGACTACTCGTAGGAAGCAGGTGGC  
 ATCCACAGTAGCAACAGATCTTCATATCTTGGGGAAGTTACAGAAGATCATTGTTGGTCTATTTTCAAACAAAAA  
 GCATTTGTTGATGGCAGGGTTCCAGAGGAATTAGCGAGCATGGGCAACAAGATTGTTAAAAATGTGCCAAGGTCTAC  
 CGTTGGCTGCAAGTGTGTTGGGAGGGCTCTTACACAACAAGAAAAACATGAATGGCAAGCAATCTTGTATGGCAA  
 CCTCCTTGTGTCAGGTGAAGATGATAATGGAGAAAATAGCATAAAGAAAATCCTAAAACCTCAGCTATGATTATCTA  
 CCATCTCCACATCTGAAAAAATGCTTTGCTTACTTTGCAATGTTTCCAAAGATTATATGTTTGAAGAGGCAAC  
 TAATCCAACCTCTGGATGGCAGAAAGGGTTCTTCTGTCGAAGTCAAGAGATCCCTGTGATGGAAGCAGTTGGGCACAG  
 GTTTTTTCAAATCTGTTGCAGAATTCCTTGCTACAAGATGTTCTGTTAGATGAACACAACAATATAACACACTGC  
 AAGATGCACGATCTTGTGCATGATTTGGCTGGAGATATCTTAAAATCTAGACTATTTGATCCGAAGGGCGACAATG  
 GAGAAAAACTTTCTCAAGTTGATACCTTGGATGTGAGTCACCAACGGATCAAATAGATAAGATATATGAGCCAGA  
 ACGTTTGTGCACACTGTTTTGGAGAAGCAATTATACATCTAAGATATGCTGTTGAACCTTTAAGTCTTGTAGAGTT  
 TTAGATTTGTCCAGTTCAGGAATCAAGGAGTGTGTCAGCCAAAATCGGGAAGCTGATATACTTGAGATATCTTGATC  
 TCTCGAACATCGAGATCACAGCCTTGGCCAACTCCATTTGCAAGCTCTATAATTTGCAACATTTAGAGTCATCAA  
 CTGCTTTTCACTCCAGGAACCTCCATATGAGATGAGAAATATGATAAGTTTGAGACACATATATACACTTCTGTT  
 GACGAAACAAGTGGGCATTGGGGAGGATGGTGTCTTCACAATGAACATTTTCAGATTCCACTTAATATGGGGCAAT  
 TGACTAGTCTTCAAACCTCAAGTTTTTCAAGGTAGGTTTAGAGAAAGGTCGTCAAATAGAAGAATTAGGTCACCT  
 GAAAAACCTAAGAGGTGAATTGACGATCAATGGTCTTCCAATTTGGTCTGTGATAAAGAGAGGCTCAAACAGCATAT  
 TTACACGATAAACCAACATCTGCAAGCTGGCATATTTATGGTCCCATGATGAATCAGAAGGCTGTGAGATCAATG  
 ATGAGCATGTGTTGGATGGTCTTCAACCGCATCTTAACTTGAAAACCTTAGCAGTAGTGGACTATTTAGGGACTAA  
 ATTTCTTCATGGTTTCAGTGAAGAGTCGCTACCAAAATTTGGTCAAGTTGAAATTAAGTGGTAGCAAAAGGTGCAAA  
 GAAATTCATCCCTTGGCCAACCTGAAATTCCTTCGGCATCTTGAGCTGATAGGATTCATGAGTTGGATGTCATTG  
 GACCTGCTTTTATGGTGTGAGATGAGAAATATTGGATCAAACAGCATTATCCAAGTGTTCCTGTCATTTGAAAAA  
 ACTAGTATTGAAGGATATGCGTAGCCTTATTGAGTGGAGGGAGATGAAGTTGGAGTAAGAATGTCTCCCGGTCTT  
 GAGAAGTTGCGGATTACAGACTGTCCATTGTTAAAAAGTATTCGAATCAATTTGAAATCCTCCGTCAATTAATAA  
 TTACAGGAGTTGACAGTGAAATGCCATTGTTGAACCTTGTGCAGCAACTTGACATCTCTCGTAAAGCTTAGAGTCTA

TGATATGAAAGAGCTCACTTGTCTTCCAGATGAGATGCTACGTAACAACGTTTCTCTTCAACAGATAATAATTTTC  
 AACTGCGGAGAGTTTCGTGAATTGCCACAAAGCTTGTACAATCTCCATTCTCTTAGGAGATTAGACATTTACAAC  
 GCACCAATTTCAAGTTCTCTTCTGTTCCCAATGGAGACAACATTTGACTTCCCTCGAATTTCTTTGCTTACATAA  
 TTGTAATGGATTGATCAGTATACCAAGTTGGAATGCTAGATCAATGCCGGCTAGTGTCTTTGAAATGTCAGCTGCTGT  
 AACAACTTGGTTTCATTCCCTGTACATGTGTGGGAAATGCCCTTCACTTTCATATTTGGTTATATCAGAATGTCCCA  
 AATTGATTAGTGTACCCAAAGTGGGCCTTCACCATCTCACCAGGTTAGTGAGATTGGGAATTTGGTCTCTTCTCAGA  
 GATGGTGGATTTTGTATGCATTCCAATTGATTTTAAATGGCAATTCAGCAGTTGTTGTCCCTTCGTGATCTGGAGGTG  
 TACGGACGTGGGCACTGGGATTCTCTGCCCTATCAGCTTATGCAACTCTCTGACCTAAGAGAGATCACAATAGCTG  
 ATTTCCGAATTGAGGCTCTTCTCTTACTCTTGACAACCTTACTTCTCTTGAAGTTTGAAGCTAGTGAGGTGCAA  
 ACAGCTACAACATCTGAACCTCTCAGATGCCATGCCCAAAATACGGCTCTGTGGATACGTGATTTGTCATTTGTTA  
 GAAGCTCTGTGGATGGGCTCGGCAACCTTGTCTTTTGGAGAATTATATTTACATGACTGCGAAAAACTAGAGC  
 ATCTACCGTCCCGAGATGCCATGCGACGCTCACATAAATTATGGAACATGAGAATTAAAGGATGCCAAAGTTAGA  
 AGAAAGTTTCAACCACTACTCCAGTGGTCCAAATTTCCCATATTTCAAATATTGAATTAGGTGGGTGGAGAAGG  
 ACAGCCATAAGTCTCGGTTTCTCTTCACTTTCTGA

>852-5\_E28

ATGAATTATTGTCTTCTTCCGAGTACTCTACAAACAACACCAACGAAGACTTACTTTGAGAAGACTTTGTTGCA  
 AACAGCTCAGGAAGAAGACTTTGGTGCAAGTGCAGAGGAAGGAAGCAAAACACAACATATGGCCGATGCTGTAA  
 TGGTGCTACTGTTCAAGTTTGTCTGAAAAGTTGATTTCTCTCACTATCGAGGACGTCACAGCTCAAGGGATTT  
 AACAAAGATCTCGAATGTTGACACAAAATGTATCTTTAATCCAAGCTTTCATTGATGTTGAAACACCAAG  
 AGAAACAACAGTCTGTGCAACATGGCTCAACAGGCTTGAGAGAGTTGCTGAAGATGCTGAAAATGTTGTTGATCG  
 ATTCAGATATGAATCTCTCAAAACAAAAGTGGTGAGGAGCCCATGAAAAGGTGAGTGGTTTCTTTCTCATACT  
 GCTTTTAAAGAGAAAATGTCTCAAAAATCAACAACATCAATAAAGAGTTGACGGCTATCAATAAGGTAGCCAAAG  
 ACCTCGGTCTACAATCACTCATGGTACCTTCTCGGAAAATACTACCAATTCGAGAAACAGATTCTTCTCGTAGGTGC  
 TTCTGATGTTGTTGGTAGAGATTGGATGTTGCTGAGATAAAGGAGAAGATTGGAAGATGAGAGAGGAGGATGTT  
 GTTCTGTCCACCATTCCCATAGTAGGTATGGGAGGTTTAGGGAAAAACAACGTGTGGCTAAGAGGATTACAAATGATG  
 AACACATGAAGCAAATCTTTAAAAAGAGAATTTGGTTGTGTCTACCTGAAATGTCTGAAACGAAGAGCTTTCTTGA  
 ACAATCTCGAATCATTTGATAGAGAGGAAAATTTGAGGTTGAAAGGAGAGATATAATAGTCAAGAAGCTACAAGAT  
 GAATTGGGAGGAAAAAATATTTGCTAGTCTCGATGATTTGTGGCGTGTGACTCTACATCGTGGCATGAGTTG  
 TCGACACCTCGAGAGGAATAAATACATCCAGAGGAACTGCAATCTTGTGACTACTCGTAGGAAGCAGGTGGCATC  
 CACAGTAGCAACAGATCTTCATATCTTGGGGAAGTTAACAGAAGATCATTGTTGGTCTATTTTCAAACAAPAGCA  
 TTTGTTGATGGCAGGGTTCCAGAGGAATTAGCGAGCATGGGCAACAAGATTGTTAAATGTGCCAAGGTCTACCGT  
 TGGCTGCAAGTGTGTTGGGAGGCTCTTACACAACAAGAAAAACATGAATGGCAAGCAATTCTTGATGGCAACCT  
 CCTGTTGTGCAAGGTGAAGATGATAATGGAGAAAATAGCATAAAGAAAATCCTAAAACTCAGCTATGATTTATCTACCA  
 TCTCCACATCTGAAAAAATGCTTTGCTTACTTTGCAATGTTTCCAAAAGATTATATGTTTGAAGAGCAACTAA  
 TCCAACCTCTGGATGGCAGAAGGGTTTCTTCGTCCAAGTCAAGAGATCCCTGTGATGGAAGACGTTGGGCACAGGTT  
 TTTTCAAATCTTGTGTCAGAAATCTTGTCTACAAGATGTTCTGTTAGATGAACACAACAATATAACACACTGCAAG  
 ATGCACGATCTTGTGATGATTTGGCTGGAGATATCTTAAATCTAGACTATTGATCCGAAGGGCGACAATGGAG  
 AAAAACTTTCTCAAGTTGATACCTTTGGATGTGAGTCACCAACGGATCAAAATAGATAAGATATATGAGCCAGAACG  
 TTTGTGCACACTGTTTGGAGAAGCAATTATACATCTAAAGATATGCTGTTGAACCTTAAAGTTCTTGAGAGTTTAA  
 GATTTGTCCAGTTCAAGGAATCAAGGAGTTGTGAGCCAAATCGGGAAGCTGATATACTTGAGATATCTTGATCTCT  
 CGAACACTGAGATCAGACCTTGGCCAACTCCATTGCAAGCTCTATAATTTGCAAAACATTTAGAGTCATCAACTG  
 CTTTCTCACTCCAGGAACCTTCATATGAGATGAGAAATATGATAAGTTTGAGACACATATTTACACTTCTGTTGAC  
 GAAACAAGTGGGCATTGGGAGGATGGTGTCTTCAATGAACAATTTTCAAGATTCACCTTAATATGGGGCAATTGA  
 CTAGTCTTCAAAACCTCAAGTTTTCAGGTAGGTTTAGAGAAAGGTCGTCAATAGAAGAAATTAGGTCACTTGAA  
 AAACCTAAGAGGTGAATTGACGATCAATGGTCTCCAATTTGGTCTGTGATAAAGAGAGGCTCAACAGCATATTTA  
 CACGATAAACCAACATCTGCAAGCTGGCATATTTATGGTCCCATGATGAATCAGAAGGCTGTGAGATCAATGATG  
 AGCATGTGTTGGATGGTCTTCAACCGCATCCTAAGTTGAAAACCTTAGCAGTAGTGGACTATTTAGGGACTAAAT  
 TCTTTCATGTTTCAGTGAAGAGTCGCTACCAATTTGGTCAAGTTGAAATTAAGTGGTAGCAAAAGGTGCAAGAA  
 ATTCATCCCTTGGCCAACTGAAATTCCTTCCGTCATCTTGAGCTGATAGGATTCATGAGTTGGAATGCATTTGGAC  
 CTGCTTTTATGGTGTGAGATGAGAAATATTGGATCAACAGCATTTATCCAAGTGTTCCTGTCATTTGAAAAACT  
 AGTATTGAAGGATATGCGTAGCCTTATGAGTGAAGGGAGATGAAGTTGGAGTAAGAATGTCTCCCGGTCTTGAG  
 AAGTTGCGGATTACAGACTGTCCATTGTTAAAAAGTATTCCGAATCAATTTGAAATCCTCCGTCAATTTAAAAATTA  
 CAGGAGTTGACAGTGAAATGCCATTGTTGAACCTGTGACGCAACTTGACATCTCTCGTAAAGCTTAGAGTCTATGA  
 TATGAAAAGAGCTCACTTGTCTTCCAGATGAGATGCTACGTAACAACGTTTCTCTTCAACAGATAATAATTTTCAAC  
 TGGGAGAGTTTCGTGAATTGCCACAAAGCTTGTACAATCTCCATTCTCTTAGGAGATTAGACATTTACAACCTGCA  
 CCAATTTCACTTCTCTTCTGTTTCCCAATGGAGACAACATTTGACTTCCCTCGAATTTCTTGTCTTATTTGATG  
 TAATGGATTGATCAGTATACCAAGTTGGAATGCTAGATCAATGCCGGCTAGTGTCTTTGAAATGTCAGCTGCTGTAAC  
 AACTTGGTTTCACTTCCCTGTACATGTGTGGAAATGCCTTCACTTTTCAATTTGGTTATATCAGAATGTCCCAAT  
 TGATTAGTGTACCCAAAGTGGGCCTTCAACATCTCACCAGGTTAGTGAGATTGGGAATTTGGTCTTTCTCAGAGAT  
 GGTGGATTTTGTGATTCATTTCAATTTAATGGCATTCAGCAGTTGTTGTCCCTTCGTGATCTGGAGGTGTAC  
 GGACGTGGGCATGGGATTCTCTGCCCTATCAGCTTATGCAACTCTCTGACCTAAGAGAGATCACAATAGCTGAT  
 TCGGAATTGAGGCTCTTCTCTTACTCTTGACAACCTTACTTCTCTTGAAGTTTGAAGCTAGTGAGGTGCAAAACA  
 GCTACAACATCTGAACCTCTCAGATGCCATGCCAAATACGGCTCTGTGGATACGTGATTTGTCATTTGTAGAA

GCTCTGTGCGATGGGCTCGGCAACCTTGTCTTCTTGGGAAGAATTATATTTACATGACTGCCAAAACTAGAGCATC  
 TACCGTCCCGAGATGCCATGCGACGCTCACTAAATTATGGAACATGAGAATTAAAGGATGCCCAAAGTTAGAAGA  
 AAGTTTACCAACTACTCCAGTGGTCCAAATTTCCCATATTTCAAATATTGAATTAGGTGGGTGGAGAAGGACA  
 GCCATAAGTCTCGGTTTCTCTTTCACTTTCTGA

>543-5\_C10\_C15\_C24=Rpi-chc1

ATGAATTATTTGCTCTCCCTCGAGTACTCTACAAACAACCTACCAAACGAAGACTTACTTTGAGAAGACTTTGTTGCA  
 AACAGCTCAGGAAGAAGACTTTGGTGCAGACTGCAGAGGAAGAGGAAGCAAACACAACATGGCCGATCCTGTAAT  
 TGGTGTCTACTGTTCAAGTTTGTCTTGAAGTTGATTCTCTCACTATCGAGGAAGTCAACAGCTCAAGGGATTTC  
 AACAAAGATCTCGAAATGTTGACACAAAATGTATCTTTAATCCAAGCTTTCATTTCATGATGTTGAAACACCAAG  
 AGAAACAACAGTCTGTGGACAATGGCTCAACAGGCTTGAGAGAGTTGCTGAAGATGCTCAAAATGTGTTGATCG  
 ATTCATATATGAATCTCTCAAAACAAAAGTGGTGAGGAGCCCATTTGAAAAGGTAGTGGTTCTTTCTCATACT  
 GCTTTTAAGAGAAAAATGTCTCAAAAATCAACAACATCAATAAGAGTTGACGGCTATCAATAAGGTAGCCAAAG  
 ACCTCGGTCTACAATCACTCATGTTCTTCTCGGAAAATACTACCAATTTCGAGAAAACAGATTCTTTTGTAGTTGC  
 TTCTGATATTTGTGCGTAGAGATTGGATATTGCTGAGATAAAGGAGAGATTGTAACATGAGAGAGGAGGATATT  
 GTPCTGTCCACCATTTCCCATAGTAGGTATGGGAGGTTTAGGGAAAACAACCTGTGGCTAAGAGGATTTACAATGATG  
 AACACATGAAGCAAATCTTTGAAAAGAGAAATTTGGTGTGTCTACCTGAAATGTCTGAAACGAAGAGCTTTCTTGA  
 ACAATCCTCGAATCGTTGATAGAGAGGAAAAATTTGAGGTTGAAAGGAGAGATATAATAGTCAAGAAGCTACAAGT  
 GAATTTGGGAGGAAAAAATATTTGCTAGTCTCTGGATGATTCTGGTGTGTTGACTCTACATCGTGGCAGGTTCA  
 TTGACACCTTGAGAGGAATAAATACATCCAGAGGAACTGCATTCTTGTGACTACTCGTAGGAGCAGGTTGGCATC  
 CACAGTAGCAACAGATCTTCATATCTTGGGGAAGTTAACAAGAGATCATTGTTGGTCTATTTTCAAACAAAAGCA  
 TTTGTTGATGGCAGGGTTCCAGAGGAATTAGCGAGCATGGGCAACAAGATTGTTAAATGTGCCAAGGTCTACCGT  
 TGGCTGCAAGTGTGTTGGGAGGGCTCTTACACAACAAAGAAAAACATGAATGGCAAGCAATTCTTGATGGCAACCT  
 CTTGTGTGAGGTGAAGATGATAATGGAGAAAATAGCATAAAGAAAATCCTAAAACCTCAGCTATGATTATCTACCA  
 TCTCCACATCTGAAAAATGCTTTGCTTACTTTGCAATGTTTCCAAAAGATTATATGTTTGAAGAGACCAACTAA  
 TCCAACCTCTGGATGGCAGAGGGTTTCTTCGTCCAAGTCAAGAGATCCCTGTGATGGAAGACGTTGGGCACAGGTT  
 TTTTCAAATCTTTGTGACAGAAATCCTTGCTACAAGATGTTCTGTTAGATGAACACACAATATAACACACTGCAAG  
 ATGCACGATCTTGTGATGATTGGCTGGAGATATCTTAAATCTAGACTATTTGATCCGAAGGGCGACAATGGAG  
 AAAAATCTTCTCAAGTTCGATACTTTGGATGTGAGTCAACCAACGGATCAAATAGATAAGATATATGAGCCAgAACG  
 TTTGTGCACACTGTTTGGAGAAGCAATTATACATCTAAAGATATGCTGTTGAACTTAAGTCTTGGAGATTTTA  
 GATTTGTCCAGTTCAGGAATCAAGGAGTTGTGAGCCAAAATCGGGAAGCTGATATACCTTGAGATATCTTGATCTCT  
 CGAACACTGAGATCAAGCCTTGCCCAACTCCATTTGCAAGCTCTATAATTTGCAAAACATTTAGAGTCATCAACTG  
 CTTTTCCTCCTCAGGAACCTTCATATGAGATGAGAAATATGATAAGTTTGAGACACATATATTACACTTCTGTTGAC  
 GAAACAAGTGGGCATTGGGGAGGATGGTGTCTTCACAATGAACATTTTCAGATTCCACTTAATATGGGGCAATTGA  
 CTAGTCTTCAAACCTCAAGTTTTCAGGTTAGGTTTAGAGAAAGGTGCTCAAATAGAAAGATTTAGGTCAATTTGAA  
 AAACCTAAGAGGTGAATTTGACGATCAATGGTCTCCAAATGGTCTGTGATAAAGAAGAGGCTCAAACAGCATATTTA  
 CACGATAAACCACATCTGCAAGCTGGCATATTTATGGTCCCATGATGAATCAGAAGGCTGTGAGATCAATGATG  
 AGCATGTGTTGGATGGTCTTCAACCGCATCCTAACCTGAAAACCTTAGCAGTAGTGGACTATTTAGGGACTAAATT  
 TCCTTCATGGTTTCAGTGAAGAGTCGCTACCAATTTGGTCAAGTTGAAATTAAGTGGTAGCAAAAGGTGCAAGAA  
 ATTCATCCCTTGGCCAACTGAAATTCCTTCGGCATCTTGAGCTGATAGGATTCATGAGTTGGAATGCATTGGAC  
 CTGCTTTTATGGTGTGAGATGAGAAATATTTGGATCAAACAGCATTATCCAAGTGTCCCGTCATTGAAAAAAT  
 AGTATTGAAGGATATGCGTAGCCTTATTGAGTGAAGGGAGATGAAGTTGGAGTAAGATGTCTCCCGGTCTTGAG  
 AAGTTGCGGATTACAGACTGTCCATTGTTAAAAAGTATTCCGAATCAATTTGAAATCCTCCGTCAATTAATAATTA  
 GAGAGTTGACAGTGAATGCAATGTTGAACTTGTGACGCAACTTGACATCTCTCGTAAAGCTTAGAGTCTATGA  
 TATGAAAGAGCTCACCTGTCTTCCAGATGAGATGCTACGTAACAACGTTTCTCTTCAACAGATAATAATTTCAAC  
 TGCGGAGAGTTTCGTGAATGCCACAAGCTTGTACAATCTCCATTCTCTTAGGAGATTAGACATTTACAACCTGCA  
 CCAATTTTCAGTTCTCTCTCTGTTCCCAATGGAGACAATATTTGACTTCCCTCGAATTCCTTTGCTTACATAATTG  
 TAATGGATTGATCAGTATACCAATGGGAATGCTAGATCAATGCCGGCTAGTGTTTTGAATGTGAGCTGCTGTAAC  
 AACTTGGTTTCATTCCCTGTACATGTGTGGGAAATGCCCTTCACTTTCAATATTTGCTTATATCAGAATGTCCCAAT  
 TGATTAGTGTACCCAAAGTGGGCTTCAACATCTCAGGGGTTAGTGAGATTGGGAATGGTCTTTCTCAGAGAT  
 GGTGGATTTTGATGCAATCCAATTGATTTTAAATGGCAATTCAGCAGTTGTTGTCCCTTCGTGATCTGGAGGTGTAC  
 GGACGTGGGCACTGGGATTCTCTGCCCTATCAGCTTATGCAACTCTCTGACCTAAGAGAGATCACAATAGCTGATT  
 TCGGAATTGAGGCTCTTCTCTACTCTTGACAACCTTACTTCTCTTGAAGTTTGACGCTAGTGAGGTGCAACA  
 GCTACAAACATCTGAACCTCTCAGATGCCATGCCAAATACGGCTCCTGTGGATACGTGATTGTCCATGTGTAGAA  
 GCTCTGTGCGGATGGGCTCGGCAACCTTGTCTTGGGAAGAATTATATTTACATGACTGCCAAAACTAGAGCATC  
 TACCGTCCCGAGATGCCATGCGACGCTCACTAAATATGGAACATGAGAATTAAAGGATGCCCAAAGTTAGAAGA  
 AAGTTTACCAACTACTCCAGTGGTCCAAATTTCCCATATTTCAAATATTGAATTAGGTGGGTGGAGAAGGACA  
 GCCATAAGTCTCGGTTTCTCTTTCACTTTCTGA

>493-9\_H5\_H30

ATGAATTATTTGCTCTCCCTCGAGTACTCTACAAACAACCTACCAAACGAAGACTTACTTTGAGAAGACTTTGTTGCA  
 AACAGCTCAGGAAGAAGACTTTGGTGCAGATTGCAGAGGAAGAGGAAGCAAACACAACATATGGCCGATGCTGTAAT  
 TGGTGTCTACTGTTCAAGTTTGTCTTGAAGTTGATTCTCTCACTATCGAGGAGGTCAACAGCTCAAGGGATTTC  
 AACAAAGATCTCGAAATGTTGACACAAAATGTATCTTTAATCCAAGCTTTCATTTCATGATGTTGAAACACCAAG



AGAAACAACAGTCTGTCTCGAACAATGGCTCAACAGGCTTGAGAGAGTTGCTGAAGATGCTGAAAAATGTGTTGATCG  
 ATTCAGATATGAATCTCTCAAAACAAAAGTGGTGAGGAGCCATTGAAAAAGGTCAGTGGTTTCTTTTCTCATACT  
 GCTTTTAAGAGAAAAATGTCTCAAAAAATCAACAACATCAATAAAGAGTTGACGGCTATCAATAAGGTAGCCAAAG  
 ACCTCGGTCTACAATCACTCATCGTACCTTCTCGGAAAATACTACCAATTGAGAGAACAGATTCCATCGTAGGTGTC  
 TTCTGATGTTGTTGGTAGAGATTTGGATGTTGCTGAGATAAAGGAGAAGATTTTGAAGATGAGACAGGAGGATGTT  
 GTTTTGTCCACCATTTCCCATAGTAGGTATGGGAGGTTTAGGGAAAACAACTGTGGCTAAGAGGATTTACAATGATG  
 AACACATCAAGCAAAATCTTTAAAGAGAGAATTTGGTTGTGTATACCTGAAATGTCTGAAACGAGAGCTTTCTTGA  
 ACAATCCTCGAATCGTTGATAGAGAGGAAAAATTGAGGTTGAAAGGAGAGATATAATAGTCAAGAGCTACAAGAT  
 GAATTGGGAGGAAAAAATATTTGCTAGTCCCTGGATGATTTGTGGCGTGTGACTCTACATCGTGGCATGAGTTGCG  
 TCAACACCCCTGAGAGGAATAAATACATCCAGAGGAACTGCATTTCTGTGACTACTCGTATGAAGTGGGTGGCATC  
 CACAGTAGCAACAGATCTTCATATCTTGGGGAAGTTAAACAGAAGATCATTTGTTGGTCTATTTTCAAAACAAAAAGCA  
 TTTGTTGATGGCAGGGTTCCAGAGGAATTAGCGAGCATGGGCAACAAGATTGTTAAATGTGCCAAGGCTTACCGT  
 TGGCTGCAAGTGCCTTGGGAGGGCTCTTACACAACAAAGAAAAACATGAATGGCAAGCAATTTCTGATGGCAACCT  
 CCTTGTGCAAGTGAAGATGATAATGGAGAAAATAGCTTAAAGAAAATCCTAAAACCTCAGCTATGATTATCTACCA  
 TCTCCACATCTGAAAAATGCTTTGCTTACTTTGCAATGTTTCCAAAAGATTATATGTTTGAAGGAGCAACTAA  
 TCCAACCTCTGGATGGCAGAGGGTTTCTTCGTCCAAGTCAAGAGATCCCTGTGATGGAAGACGTTGGGCACAGGTT  
 TTTTCAATCTTGTGTCAGAAATGCTTGTCTACAAGATGATGTGTTAGATGAACACAACATATAACACACTGCAAG  
 ATGCACGATCTTGTGCATGATTTGGCTGGAGATATCTTAAATCTAGACTATTTGATCCGAAGGGCGACAATGGAG  
 AAAAATCTTCTCAAGTTGATACTTTGGATGTGAGTCACCAACGGATCAATAGATAAGATATATGAGCCAGAACG  
 TTTGTGCACACTGTTTGGAGAAGCAATTATACATCTAAAGATATGCTGTTGAACCTTAAAGTCTTGTGAGAGTTTGA  
 GATTTGTCCAGTTCAAGGAATCAAGGAGTTGTGAGCCAAAATCGGGAAGCTGATATACTTGAGATATCTTGATCTCT  
 CGAACACTGAGATCAAGCCTTGCCCAACTCCATTTGCAAGCTCTATAATTTGCAACATTTAGAGTCATCAACTG  
 CTTTCTACTCCAGGAACCTCCATATGAGATGAGAAATATGATAAGTTTGAGACACATATATTACACTTCTGTTGAC  
 GAAACAAGTGGGCACTGGGGAGGATGGTGTCTTCACAATGAACATTTTTCAGATTTCACTTAATATGGGGCAATTGA  
 CTAGTCTTCAAAACCCCTCAAGTTTTCAGGTTAGGTTTAGAGAAAAGGTCGTCAATAGAGAATTAGGTCATTTGAA  
 AAACCTAAGAGGTGAATTGACGATCAATGGTCTCCAATTGGTCTGTGATAAAGAAGAGGCTCAACACAGCATATTTA  
 CACGATAAAACCAACATCTGCAAGCTGGCATATTTATGGTCCCATGATGAATCAGAAGGCTGTGAGATCAATGATG  
 AGCATGTGTTGGATGGTCTTCAACCGCATCTTAACCTTGAAAACCTTAGCAGTAGTGGACTATTTAGGGACTAAAT  
 TCCTTTCATGTTTCAAGAGTGTCTACCAAAATTTGTTCAAGTTGAAATTAAGTGGTAGCAAAAGGTGCAAGAGAA  
 ATTCATCCCTTGCCCAACTGAAATTCCTTCGGCATCTTGAGCTGATAGGATTCATGAGTTGGAATGCATTGGAC  
 CTGCTTTTATGGTGTGAGATGAGAAATATTGGATCAACACAGCATTATCCAAGTGTTCCTCGTCATTGAAAAAAT  
 AGTATTGAAGGATATGCGTAGCCTTATTGAGTGAAGGAGATGAAGTTGGAGTAAGAATGTCTCCCGGCTTGAG  
 AAGTTGCGGATATAGACTGTCCATTTGTAAAAAGTATCCCGAATCAATTTGAAATCCTCCGTCATTTAGACATTA  
 GAGGAGTTGACAGTGAAATGCCATTTGTTGAACCTGTGACGCAACTTGACATCTCTCGTAAAGCTTAGTGTCTATGA  
 TATGAAAGAGCTCACTTGTCTTCCAGATGAGATGCTACGTAACAACGTTTCTCTTCAACAGATAATAATTTTCAAC  
 TGCGGAGAGTTTCGTGAATTGCCACAAAGCTTGTACAATCTCCATTTCTTAGGAGATTAGACATTTTCAACTGCA  
 CCAATTTCAAGTTCTCTTCTGTTCCAAAGGAGACAACATTTGACTTCCCTCGAATTCCTTTACTTATATAATTG  
 TAATGGATTGATCAGTATACCAATTGGAATGCTAGATCAATGCCGGCTAGTGTTTTGAATGTGAGCTGCTGTAAC  
 AACTTGGTTTCACTTCCCTTACATGTGTGGGAAATGCTTCACTTTTCAAGTTTGAATATAAAAGAATGTCCCAAT  
 TGATTAGTGTACCCAAAGTGGGCTTCAACATCTCACCAGGTTAGTGAGATTGGGAATTTGGTCTTTCTCAGAGAT  
 GGTGGATTTTGTATGCAATTCGAATTTTAAATGGCATTCAGCAGTTGTCCCTTCGTGATCTGGAGGTGTACGGA  
 CGTGGGCACTGGGATTTCTGCTCCCTATCAGCTTATGCAACTCTCTGACCTAAGAGAGATCACAATAGCTGATTTG  
 GAATTGAGGCTCTTCTCTACTCTTGACAACCTTACTTCTCTTGAAAGTTTGACGCTAGTGAGGTGCAACAGCT  
 ACAACATCTGAACCTTCTCAGATGCCATGCCCAATTAACGGCTCCTGTGGATACGTGATTGTCCATTGTTAGAAGCT  
 CTGTCGATGGGCTCGGCAACCTTGTCTTTGGAAGAAATATATTTACATGACTGCGAAAACCTAGAGCATCTAC  
 CGTCCCGAGATGCCATGCGACGCTCACTAAATTTATGGAACATGGGAATTAAGGCTGCCCAAGTTAGAAGAAAG  
 TTTTCATCAACTACTCCAGTGGTCCAAAATTTCCCATATTTTCAAGTTATTGAATTAGGTGGGTGGAGAAGGACAACC  
 GTAAGTCTCGGTTTCTCTTCACTTTCTGA

>493-7\_G14\_G22

ATGAATTATTGTCTTCTTCGAGTACTCTACAAACAACTACCAACGAAGACTTACTTTGAGAAGACTTTGTTGCA  
 AACAGCTCAGGAAGAAGACTTTGGTGAGATGTCAGAGGAAGAGGAAGCAACACAACATATGCGCGATGCTGTAAT  
 TGGTGTCTACTGTTCAAGTTTGTCTTGAAGAGTTGATTTCTCTCACTATCGAGGAGGTCACAGCTCAAGGGATTTT  
 AACAAAGATCTCGAAATGTTGACACAAAATGTATCTTAAATCCAAGCTTTCATTCATGATGTTGAAACACCACAAG  
 AGAAACAACAGTCTGTGCAACAATGGCTCAACAGGCTTGAGAGAGTTGCTGAAGATGCTGAAAATGTGTTTGTATCG  
 ATTCAGATATGAATCTCTCAAAAACAAAGTGGTGAGGAGCCCATTTGAAAAGGTCGGTGGTTTCTTTTCTCATACT  
 GCTTTTAAGAGAAAAATGTCTCAAAAAATCAACAACATCAATAAAGAGTTGACGGCTATCAATAAGGTAGCCAAAG  
 ACCTCGGTCTACAATCACTCATGGTACCTTCTCGGAAAATACTACCAATTCGAGAAACAGATTCTTAGTAGTGTG  
 TTCTGATATTGTGCGTAGAGATTTGGATGTTGCTGAGATAAAGGAGAAGATTTTGAAGATGAGAGAGGAGGATATT  
 GTTCTGTCCACCATTTCCATTTGATAGGTATGGGAGGTTTAGGGAAAACAACTGTGGCTAAGAGGATTTACAATGATG  
 AACACATGAAGCAAAATCTTTAAAAAGAGAATTTGGTTGTGTCTACCTGAAATGTCTGAAACGAAGAGCTTTCTTGA  
 ACAATTCCTCGAATCGTTGATAGAGAGGAAAAATTGAGGTTGAAAGGAGAGATATAATAGTCAAGAGCTACAAGAT  
 GAATTGGGAGGAAAAAATATTTGCTAGTCCCTGGATGATTTGTGGCGTGTGACTCTACATCGCTGGCATGAGTTG  
 TCAACACCCCTGAGAGGAATAAATACATCCAGAGGAACTGCATTTCTGTGACTACTCGTATGAAGTGGGTGGCATC

CACAGTAGCAACAGATCTTCATATCTTGGGGAAGTTAACAGAAGATCATTTGTTGGTCTATTTTCAAACAAAAGCA  
 TTTGTTGATGGCAGGGTTCAGAGGAATTAGCGAGCATGGGCAACAAGATTGTTAAATGTGCCAAGGTCTACCGT  
 TGGCTGCAAGTGTGTTGGGAGGGCTCTTACACAACAAGAAAAACATGAATGGCAAGCAATTCTTGATGGCAACCT  
 CCTTGTTGCAAGTGAAGATGATAATGGAGAAAAATAGCATAAAGAAAAATCCTAAACTCAGCTATGATTATCTACCA  
 TCTCCACATCTGAAAAATGCTTTGCTTACTTTGCAATGTTTCCAAAAGATTATATGTTTGAAGGACCAACTAA  
 TCCAACCTCTGGATGGCAGAAGGGTTTCTTCGTCCAAGTCAAGAGATCCCTGTGATGGAAGACGTTGGGCACAGGTT  
 TTTTCAAATCTTGTGTCAGAATTCTTGTCTACAAGATGATGTGTTAGATGAACACAACAATATAACACACTGCAAG  
 ATGCACGATCTTGTGCATGATTTGGCTGGAGATATCTTAAATCTAGACTATTTGATCCGAAGGGCGACAATGGAG  
 AAAAATTTCTCAAGTTCGATACCTTTGGATGTGAGTCACCAACGGATCAAATAGATAAGATATATGAGCCAGAACG  
 TTTGTGCACACTGTTTGGAGAAGCAATTATACATCTAAAGATATGCTGTTGAACCTTAAGTCTTTGAGAGTTTTTA  
 GATTTGTCCAGTTCAAGGAATCAAGGAGTTGTCAGCCAAATCGGGAAGCTGATATACTTGAGATATCTTGATCTCT  
 CGAACACTGAGATCACAGCCTTGCCCAACTCCATTTGCAAGCTCTATAATTTGCAACATTTAGAGTCATCAAGTG  
 CTTTCTACTCCAGGAACCTCCATATGAGATGAGAAATATGATAAGCTTGAGACACATATATTACCTTCTGTTGAC  
 GAAACAAGTGGGCATTGGGGAGGATGGTGTCTTCACAATGAACATTTTCAAGTTCCACTTAATATGGGGCAATTGA  
 CTAGTCTTCAAACCTCAAGTTTTTCAAGGTAGGTTTAGAGAAAGGTCGTCAAATAGAAGATTAGGTCATTTGAA  
 AAACCTAAGAGGTGAATTGACGATCAATGGTCTCCAATTTGGTCTGTGATAAAGAGAGGCTCAAACAGCATATTTA  
 CACGATAAACCAACATCTGCAAGCTGGCATAATTTATGGTCCCATGATGAATCAGAAGGCTGTGAGATCAATGATG  
 AGCATGTGTTGGATGGTCTTCAACCGCATCTTAACCTTGAAAACCTTAGCAGTAGTGGACTATTTAGGGACTAAATT  
 TCCTTCATGGTTCAAGTGAAGAGTCTCTACCAATTTGGTCAAGTTGAAATTAAGTGGTAGCAAAAGGTCGAAAGAA  
 ATTCCATCCCTTGGCCAACTGAAATTCCTTCGGCATCTTGAGCTGATAGGATTCCACGAGTTGGAATGCATTGGAC  
 CTGCTTTTATGGTGTGAGATTAGAAATATTGGATCAAACAGCATTTATCCAAGTGTTCCTGTCATTGAAAAAAT  
 AGTATTGACGGATATGCGTAGCCTTATTGAGTGAAGGGAGATGAAGTTGGAGTAAGAATGTCTCCCGGCTTGAG  
 AAGTTGCGGATTAACAGACTGTCCATTGTTAAAGATATCCGAATCAATTTGAAATCCTCCGTCAATTAGACATTA  
 GAGGAGTTGACAGTGAAATACCATTGTGGAACCTGTGTCAGCAACTTGACATCTCTCGTAAAGCTTAGTGTCTATGA  
 TATGAAAGAGCTCACTTGTCTTCCAGATGAGATGCTACGTAACAACGTTTCTCTTCAACAGATAATGATTTTCGAC  
 TGTGGAGAGTTTCTGTAATTGCCACAAAGCTTGTACAATCTCAATTTTCTTAAGAGATTAGAAATTTACAACCTGCA  
 CCAATTTCAAGTCTCTTCTGTTCCCAATGGAGACAACATAATTGACTTCCCTCCAATCTTTCAGTTATATAAATTG  
 TGATGGATTGATCAGTTTACCAATTTGAATGCTAGATCAANTGCCGGTCTCTAGAGTGTGTTGTCTGTGAGCTGTCTGT  
 AACAACTTGGTTTCAATCCCTTTACATGTGTGGGAAATGCCCTTCACTTTCATATTTGGTTATATCAGAATGTCCCA  
 AATTGATTAGTGTACCCGAAGTGGGCTTCAACGCTCTCACTGGGTATTGAGATTGGGAATTTGGTCTTTCTCAGA  
 GATGGTGGATTTTGTGTCATTCCAATGATTTTTAATGGCATTGAGCAGCTGTGTCCTTAGTGATCTGGAGGTG  
 TATGGACATGGGCACTGGGATCTCTGCGCTATCAGCTTATGCAACTCTCTGACCTAAGAGAGATCCAAATAGCTG  
 ATTTCCGAATTGAGGCTCTTCCACCTAGACTTGACAACCTTACTTCTCTGAAAGTTTGACGCTAGTGAGGTGCAA  
 ACGGCTACAACATCTGAACCTTCTCAGATGCCATGCCCTCATTACGGCTTCTGTGGATACGTGATTGTCCATTGTTA  
 GAAGCTCTGTGCGATGATCTCGGCAACCTTGTTTCTTGGGAAGAATTATATTTACTTGACTGCAAAAAACTAGAGG  
 GTCTACCGTCCCGAGATGCCATGCGACGCTCACTAATTTATGGAACCTTGGGAATTAAAGGCTGCCCAAAGTTAAA  
 AGAAACGTGGTCCAAGATTTCATATTTCCAAGAATTGAATTTGGTGGGATGATAATTAAGGACACATGTAAGTGT  
 TGGTTTTCTCTTCACTTTCTGAAC

>561-2\_K6\_K30\_K31

ATGAATTAATTGCTCTCTTCGAGTACTCTACAAACAACCTACCAACGAAGACTTACTTTGAGAAGACTTTGTTGCA  
 AACAGCTCAGGAAGAAGACTTTGGTGCAGATTGCAGAGGAAGGAAGCAACAACTATGGCCGATGCTGTAAAT  
 TGGTGTACTGTTCAAGTTTGGCTTGAAGTTGATTCTCTCACTATCGAGGAGGTCAACAGCTCAAGGGATTTC  
 AACAAAGATCTCGAAATGTTGACACAAATGTATCTTTAATCCAGCTTTCATTATGATGTTGAAACACCACAAG  
 AGAAACAACAGTCTGTGCAACATGGCTCAACAGGCTTGAGAGAGTTGCTGAAGATGCTGAAAATGTGTTTGATCG  
 ATTCAGATATGAATCTCTCAAAACAAGTGGTGGAGAGCCATTGAAAAGGTCGGTGGTTTCTTTCTCATACT  
 GCTTTTAAGAGAAAAATGTCTCAAAAAATCAACAACATCAATAAAGAGTTGACGGCTATCAATAAGGTAGCCAAAG  
 ACCTCGGTCTACAATCACTCATGTACCTTCTCGGAAAATACTACCAATTCGAGAAACAGATTCTTAGTAGTTGC  
 TTCTGATATTGTGCGTAGAGATTGGATGTTGCTGAGATAAAGGAGAAGATTTTGAAGATGAGAGAGGAGGATATT  
 GTTCTGTCCACCATTCCCATTTGATGATGGGAGGTTTAGGGAAAAACAAGTGGCTAAGAGGATTTACAATGATG  
 AACACATGAAGCAAACTTTTAAAGAGAAATTTGGTTTGTGCTACCTGAAAATGTCTGAAACGAAGGCTTTCTTGA  
 ACAATCTCCGAATCGTTGATAGAGAGGAAATTTGAGGTTGAAAGGAGAGATATAATAGTCAAGAAGCTACAAGAT  
 GAATTAGGAGGAAAAAATATTTGCTAGTCTGGATGATTTGTGGCGTGTGACTCTACATCGTGGCATGAGTTGCG  
 TCAACACCCTGAGAGGAATAAATACATCCAGAGGAACTGCATTCTTGTGACTACTCGTATGAAGTGGGTGGCATC  
 CACAGTAGCAACAGATCTTCATATCTTGGGGAAGTTAACAGAAGATCATTTGTTGGTCTATTTTCAAACAAAAGCA  
 TTTGTTGATGGCAGGGTTCAGAGGAATTAGCGAGCATGGGCAACAAGATTGTTAAATGTGCCAAGGTCTACCGT  
 TGGCTGCAAGTGTGTTGGGAGGGCTCTTACACAACAAGAAAAACATGAATGGCAAGCAATTCTTGATGGCAACCT  
 CTTGTTGCAAGTGAAGATGATAATGGAGAAAAATAGCATAAAGAAAAATCCTAAACTCAGCTATGATTATCTACCA  
 TCTCCACATCTGAAAAAATGCTTTGCTTACTTTGCAATGTTTCCAAAAGATTATATGTTTGAAGGACCAACTAA  
 TCCAACCTCTGGATGGCAGAAGGGTTTCTTCGTCCAAGTCAAGAGATCCCTGTGATGGAAGACGTTGGGCACAGGTT  
 TTTTCAAATCTGTTGTCAGAATTCCTTGTCTACAAGATGATGTGTACATGAACACAACAATATAACACACTGCAAG  
 ATGCACGATCTTGTGCATGATTTGGCTGGAGATCTTAAATCTAGACTATTTGATCCGAAGGGCGACAATGGAG  
 AAAAATTTCTCAAGTTGATACCTTTGGATGTGAGTCACCAAGGATCAAATAGATAAGATATATGAGCCAGAACG  
 TTTGTGCACACTGTTTTGGAGAAGCAATTATACATCTAAAGATATGCTGTTGAACCTTAAGTCTTTGAGAGTTTTTA



GATTGTCCAGTTTCAGGAATCAAGGAGTTGTGAGCCAAATCGGGAAGCTGATATACTTGAGATATCTTGATCTCT  
 CGAACACTGAGATCACAGCCTTGCCCACTCCATTTGCAAGCTCTATAATTTGCAAAACATTTAGAGTCATCAACTG  
 CTTTTCACTCCAGGAACCTCCATATGAGATGAGAAATATGATAAGCTTGAGACACATATATTACACTTCTGTTGAC  
 GAAACAAGTGGGCATTGGGGAGGATGGTGTCTTCAATGAACATTTTCAGATTCCACTTAATATGGGGCAATTGA  
 CTAGTCTTCAAAACCTCAAGTTTTTCAAGGTAGGTTTAGAGAAAGGTCGTCAAATAGAAGAATTAGGTCAATTTGAA  
 AAACCTAAGAGGTGAATTGACGATCAATGGTCTCCTCAATTTGGTCTGTGATAAAGAAGAGGCTCAAACAGCATATTTA  
 CACGATAAACCAACATCTGCAAGCTGGCATATTTATGGTCCCATGATGAATCAGAAGGCTGTGAGATCAATGATG  
 AGCATGTGTTGGATGGTCTTCAACCGCATCCTAACTTGAAAACCTTAGCAGTAGTGGACTATTTAGGGACTAAATTT  
 TCCITTCATGGTTTCAGTGAAGAGTCTCTACCAATTTGGTCAAGTTGAAATTAAGTGGTAGCAAAAGGTGCAAGAA  
 ATTCATCCCTTGGCCAACTGAAATTCCTTCGGCATCTTGAGCTGATAGGATTCACGAGTTGGAATGCATTGGAC  
 CTGCTTTTTTATGGTGTGAGATTAGAAATATTGGATCAAACAGCATTATCCAAGTGTTCCTGTCATTGAAAAACT  
 AGTATTTGACGGATATGCGTAGCCTTATTGAGTGAAGGGAGATGAAGTTGGAGTAAGAATGTCTCCCGGCTTGAG  
 AAGTTGCGGATTACAGACTGTCCATGTGTTAAAAGTATCCCGAATCAATTTGAAATCCTCCGTCAATTAGACATTA  
 GAGGAGTTGACAGTGAATACCATTTGTTGAACCTGTGTCAGCAACTTGACATCTCTCGTAAAGCTTAGTGCTATGA  
 TATGAAAGAGCTCACTTGTCTTCCAGATGAGATGCTACGTAAACACGTTTCTCTTCAACAGATAATGATTTTCGAC  
 TCCGGAGAGTTTCGTGAATTGCCACAAAGCTTGTACAATCTCCATTTTCTTAAGAGATTAGAAATTTACAACTGCA  
 CGAATTTCAAGTTCTCTTCTGTTCCCAATGGAGACAACATTTGACTTCCCTCCAATTTCTTCAGTTATATAATTG  
 TGATGGATTGATCAGTTTACCAATTGGAATGTAGATCAATGCCGGTCTCTAGAGTGTGTTGTCTGTGAGCTGCTGT  
 AACAACCTTGGTTTCATTCCCTTTACATGTGTGGGAAATGCCCTTCACTTTTCATATTTGGTTATATCAGAATGTCCCA  
 AATTGATTAGTGTACCCGAAGTGGGCTTCCACGCTCTCACTGGGTATTGAGATTGGGAATTTGGTCTTTCTCAGA  
 GATGGTGGATTTTGATGCATTCGAATGATTTTAAATGGCATTCAGCAGCTGTTGTCCCTTAGTGATCTGGAGGTG  
 TATGGACATGGGCACTGGGATTCTCTGCCCTATCAGCTTATGCAACTCTCTGACCTAAGAGAGATCCAAATAGCTG  
 ATTTCCGAATTGAGGCTCTTCCACCTAGACTTGACAACCTTACTTCTCTTGAAGTTTGACGCTAGTGAGGTGCAA  
 ACGGCTACAACATCTGAACCTTCTCAGATGCCATGCCCTCATTACGGCTTCTGTGGATACGTGATGTCCATTGTGA  
 GAAGCTCTGTGCGATGATCTCGGCAACCTTGTGTTCTTTGGGAAGAATTATATTTACTTGACTGCAAAAACCTAGAGG  
 GTCTACCGTCCCGAGATGCCATGCGACGCTCCTCAATAATTATGGAACCTTGGGAATTAAGGCTGCCCAAAGTTAAA  
 AGAAACGTGGTCCAAGATTTCCCATATTCGAAGAATTGAATTTGGTGGGATGATAATTAAGGACACATRTAAGTGT  
 TGGTTTCTCTTTCACTTTCTGAAC

>493-7\_G21

ATGAATTATTGTCTTCTCTTCGAGTACTCTACAAACAACCTACCAACGAAGACTTACTTTGAGAAGACTTTGTGTGCA  
 AACAGCTCAGGAAGAAGACTTTGGTGCAGATTGCGAGGAAGGAAGCAACACAACTATGGCCGATGCTGTAAAT  
 TGGTGTCTACTGTTCAAGTTTTGCTTGAAAAGTTGAATTTCTCTCACTATCGAGGAGGTCAACAGCTCAAGGGATTTT  
 AACAAAGATCTCGAAATGTTGACACAAATGTATCTTAAATCCAAGCTTTCAATCATGATGTTGAAAACACCACAAG  
 AGAAACAACAGTCTGTGCAACACTGGCTCAACAGGCTTGAGAGAGTTGCTGAAGATGCTGAAAATGTGTTTGATCG  
 ATTCAGATATGAATCTCTCAAAACAAGGTGGTGGAGAGCCATTGAAAAGGTGAGTGGTCTTTCTTCTCATACT  
 GCTTTTAAAGAGAAAATGTCTCAAAAATCAACAACATCAATAAAGAGTTGACGGCTATCAATAAGGTAGCCAAAG  
 ACCTCGGTCTACAATCACTCATGGTACCTTCTCGGAAAATACTACCAATTCGAGAAACAGATTCCCTTCGTAGGTGC  
 TTCTGATGTTGTTGGTAGAGATTTAGATGTTGCTGAGATAAAGGACAAGATTTTGAAGATGAGAGAGGAGGATGTT  
 GTTCTGTCCACCATTCCCATAGTAGGTATGGGAGGTTAGGGAAAACAACCTGTGGCTAAGAGGATTTACAATGATG  
 AACACATCAAGCAAACTCTTAAAGAGAGAATTTGGTTGTGTATACCTGAAATGTCTGAAAACGAAGAGCTTTCTTGA  
 ACAATCTCTGAATCGTTGATAGAGAGGAAAATTGAGGTTGAAAGGAGAGATATAATAGTCAAGAAGCTACAAGAT  
 GAATTGGGAGGAAAAAATATTTGCTAGTCTGATGATTTGTGGCGTGTGACTCTACATCGTGGCATGAGTTCTG  
 TCGACACCCTGAGAGGAATAAATACATCCAGAGGAACTGCATTCTGTGACTACTCGTATGAAGCGGGTGGCATC  
 CACAGTAGCAACAGATCTTCATATCTTGGGGAAGTTAACAAGATCATTGTTGGTCTATTTTCAAACAAGCA  
 TTTGTTGATGGCAGGGTTCCAGAGGAATTAGCGAGCATGGGCAACACTATTGTTAAATGTGCCAAGGTCTACCGT  
 TGGCTGCAAGTGCATTGGGAGGGCTCTTACACAACAAGAAAAACATGAATGGCAAGCAATTTCTGATGGCAACCT  
 CCTTGTTCAGGTGAAGATGATAATGGAGAAAATAGCATAAAGAAAATCCTAAAACCTCAGCTATGATTATCTACCA  
 TCTCCACATCTGAAACAATGCTTTGCTTACTTTGCAATGTTTCCAAAAGATTATATGTTTGAAAAGGACCAACTAA  
 TCCAACCTCTGGATGGCAGAAGGGTTTCTTCGTCCAAGTCAAGAGATCCCTGTGATGGAAGACGTGGGACAGGTT  
 TTTTCAAATCTTGTGCAAGATTCCTTGTACAAAGATGTTGTGTTAGATGAACACAACAATATAACACACTGTAAG  
 ATGCACGATCTTGTGATGATTTGGCTGGAGATATCTTAAATCTAGACTATTTGATCCGAAGGGCGACAATGGAG  
 AAAAACTTTCTCAAGTTCGATACTTTGGATGTGAGTCAACAAAGGATCAAAATAGATAAGATATATGAGCCAGAACG  
 TTTGTGCACACTGTTTTGGAGAAGCAATTATACATCTAAAGATATGCTGTTGAACTTTAAGTTCTTGAGAGTTTTA  
 GATTTGTCCAGTTTCAGGAATCAAGGAGTTGTGAGCAAAATCGGGAAGCTGATATACTTGAGATATCTTGATCTCT  
 CGAACACTGAGATCACAGCCTTGCCCACTCCATTTGCAAGCTCTATAATTTGCAAACTTTAGAGTCATCAACTG  
 CTTTTCACTCCAGGAACCTCCATATGAGATGAGAAATATGATAAGCTTGAGACACATATATTACACTTCTGTTGAC  
 GAAACAAGTGGGCATTGGGGAGGATGGTGTCTTCAATGAACATTTTCAGATTCCACTTAATATGGGGCAATTGA  
 CTAGTCTTCAAAACCTCAAGTTTTTCAAGGTAGGTTTAGAGAAAGGTCGTCAAATAGAAGAATTAGGTCAATTTGAA  
 AAACCTAAGAGGTGAATTGACGATCAATGGTCTCCAATTTGGTCTGTGATAAAGAAGAGGCTCAAACAGCATATTTA  
 CACGATAAACCAACATCTGCAAGCTGGCATATTTATGGTCCCATGATGAATCAGAAGGCTGTGAGATCAATGATG  
 AGCATGTGTTGGATGGTCTTCAACCGCATCCTAACTTGAAAACCTTAGCAGTAGTGGACTATTTAGGGACTAAATTT  
 TCCCTCATGGTTTCAGTGAAGAGTCTCTACCAATTTGGTCAAGTTGAAATTAAGTGGTAGCAAAAGGTGCAAGAA  
 ATTCATCCCTTGGCCAACTGAAATTCCTTCGGCATCTTGAGCTGATAGGATTCACGAGTTGGAATGCATTGGAC

CTGCTTTTATATGGTGTGAGATTAGAAATATTGGATCAAACAGCATTATCCAAGTGTCCCGTCATTGAAAAAACT  
 AGTATTGACGGATATGCGTAGCCTTATTGAGTGGAGGAGATGAAGTTGGAGTAAGAATGTCTCCCGGCTTGAG  
 AAGTTGCGGATTACAGACTGCCATTGTTAAAAAGTATCCCGAATCAATTTGAAATCCTCCGTCGAATTAGACATTA  
 GAGGAGTTGACAGTGAAATACCATTTGTTGAACCTTGTCAGCAACTTGACATCTCTCGTAAAGCTTAGTGCTATGA  
 TATGAAAGAGCTCACTTGTCTTCCAGATGAGATGCTACGTAACAACGTTTCTCTTCAACAGATAATGATTTTCGAC  
 TGTGGAGAGTTTTCGTGAATTGCCACAAAGCTTGTACAATCTCCATTTTCTTAAGAGATTAGAAATTTACAACTGCA  
 CCAATTTCAAGTTCTCTTCTGTTCCCAATGGAGACAACCTATTGACTTCCCTCCAATTTCTTTCAGTTATATAATTG  
 TGATGGATTGATCAGTTTACCAATTGGAATGCTAGATCAATGCCGGTCTCTAGAGTGTGTTGTCTGTGAGCTGCTGT  
 AACAACTTGGTTTTCATTCCCTTTACATGTGTGGGAAATGCCCTTCACTTTTCATATTGGTTATATCAGAATGTCCCA  
 AATTGATTAGTGTACCCGAAGTGGGCCCTTCAACGCTCTCACTGGGTATTGAGATTGGGAATTGGTCTTTCTCAGA  
 GATGGTGGATTTTGTATGCATTCCAATTGATTTTTAATGGCATTGAGCAGCTGTTGTCCCTTAGTGATCTGGAGGTG  
 TATGGACATGGGCACCTGGGATTCTCTGCCCTATCAGCTTATGCAACTCTCTGACCTAAGAGAGATCCAAATAGCTG  
 ATTTTCGGAATTGAGGCTCTTCCACCTAGACTTGACAACCTTACTTCTCTTGAAAGTTTGACGCTAGTGAGGTGCAA  
 ACGGCTACAACATCTGAACCTTCTCAGATGCCATGCCCTCATTACGGCTCTGTGGATACGTGATTGTCCATTGTTA  
 GAAGCTCTGTGCGATGATCTCGGCAACCTTGTCTTTGGAAGAATTATATTTACTTGACTGCAAAAAAAGTAGAGG  
 GTCTACCGTCCCGAGATGCCATGCGACGCTCATTAAATTATGAACTTGGGAATTAAAGGCTGCCCAAAGTTAAA  
 AGAAACGTGGTCCAGATTTCCTCATATTCCAAGAATTGAATTTGGTGGGATGATAATTAAAGACACATGTAAGTGT  
 TGGTTTCTCTTTCACTTTCTGAAC

>493-7\_G10

ATGAATTATTGTCTTCTTTCGAGTACTCTACAAACAACCTACCAAAACGAAGACTTACTTTGAGAAGACTTTGTTGCA  
 AACAGCTCAGGAAGAAGACTTTGGTGCAGACTGCAGAGGAAGAGGAAGCAAAACAACCTATGGCCGATCCTGTAAT  
 TGGTGTACTGTTCAGTTTGTCTGAAAAGTTGATTTCTCTCACTATCGAGGAGGTCAACAGCTCAAGGGATTTC  
 AACAAAGATCTCGAAATGTTGACACAAAATGTATCTTTAATCCAGCTTTCATTATCATGATGTTGAAACACCACAG  
 AGAAACAACAGTCTGTCCGAACAATGGCTCAACAGGCTTGAGAGAGTTGCTGAAGATGCTGAAAAATGTTTGTATCG  
 ATTCAGATATGAATCTCTCAAAACAAGTGGTGAGGAGCCCATTTGAAAAGGTTCGGTGGTTTCTTTCTCATATT  
 GCTTTTAAAGAGAAAAATGTCTCAAAAAATCAACAACATCAATAAGAGTTGACGGCTATCAATAAGGTAGCCAAAG  
 ACCTCGGTCTACAATCACTCATGGTACCTTCTCGGAAAATACTACCAATTCGAGAAACAGATTCCCTAGTAGTTGC  
 TTCTGATATTGTGCGTAGAGATTGGATGTTGCTGAGATAAAGGAGAAGATTTTGAAGATGAGAGAGGAGGATATT  
 GTTCTGTCCACCATTCCCATTTGTAGGTATGGGAGGTTTAGGGAAAACAACCTGTGGCTAAGAGGATTTACAATGATG  
 AACACATGAAGCAAACTTTTAAAAAGAGAATTGGTTGTGTCTACCTGAAATGTCTGAAACGAAGAGCTTTCTTGA  
 ACAAAATCCTCGAATCGTTGATAGAGAGGAAAATTGAGGTTGAAAGGAGAGATATAATAGTCAAGAAGCTACAAGAT  
 GAATTGGGAGGAAAAAATATTGCTAGTCCCTGGATGATTTGTGGCGTGTGACTCTACATCGTGGCATGAGTTCCG  
 TCGACACCTTGAGAGGAATAAATACATCCAGAGGAACTGCATTCTTGTGACTACTTGTAGGAAGCAGGTGGCATC  
 CACAGTAGCAACAGATCTTCATATCTTGGGGAAGTTAACAGAAGATCATTGTTGGTCTATTTCAAACAAAAAGCA  
 TTTGTGATGACACTGTTTTTGGAGAAGCAATTATACATCTGAAGATATGCTGTTGAACCTTTAAGTCTTGAAGCTTTTA  
 GATTTGTCCAGTTTCAGGAATCAAGGAGTTGTGAGCCAAAATCGGGAAGCTGATATACTTGAGATATCTTGATCTCT  
 CGAACTAGAGATCACAGCCTTGCCCACTCCATTTGCAAGCTCTATAATTGCAAACTTTAGAGTCACTCAACTG  
 CTTTTCCTCCAGAACTTCCATATGAGATGGGAAATATGGTAAGTTTGAGACACATATATTACACTTCTGTTGAC  
 AAAAGAAATGAGCATTGGGGAGGATGGTGTATTCTCAATGAACGTTTTCAGATGCCACTTAAGATGCGACAATTAA  
 CTTGTCTTCAAAACCTCAAGTTTTTCAAGATAGGTTTAAAGAAAGGTCGTCAAATAGAAGAATTAGGTCAATTGAA  
 AACCTAAGAGGTGAATTGACGATCAATGGTCTCCAATTGGTCTGTGATAAAGAAGAGGCTCGAACAGCATATTTA  
 CACGATAAAACCAACATCTTCAAGCTGGCATTTTTATGGTCCCAAGATGAATCAGAAGGCTGTGAGATCAATGATG  
 AGCATGTGTTGGATGGTCTTCAACCGCATCCTAAGTTGAAAACCTTAGCAGTAGTGGACTATTTAGGGACTAAAT  
 TCCTTCATGGTTTCAAGAGTCCGCTACCAAAATTTGGTTAAGTTGAAATTAAGTGGTAGCAAAAGGTGCAAGAA  
 ATTCATCCCTTGGCCAACCTGAAATTCCTTCGGCATCTTGAGCTGATAGGATTCCATGAGTTGGAATGCAATGGAC  
 CTGCTTTATATGGTGTGAGATTAGAAATATTGGATCAAACAGCATTATCCAAGTGTCCCGTCATTGAAAGAAGCT  
 AGTATTGGAGGATATGCGTAGCCTTATTGAGTGGAGGAGATGAAGTTGGAGTAAGAATGTTTCTAGGCTTGAG  
 AAGTTGAGGATTATGGAGTGTCCATTGTTAAAAAGTACTCCAAGTCAATTTGAAAGCCTGCGTGAATTAGACATTG  
 TCACAGTTGACAGTGAAATGCCATTGTTGAACCTTGTCAGCAACTTAACATCTCTCGTGAAGCTTAGCGTCTTTGC  
 TGTGAAAGAGCTCACTTGTTTACCCGATGAGATGCTACGCAACAACGTTTCTCTTCAACAGATAACGATTTTCAAC  
 TGGGAGAGTTTTCGTGAATTGCCACAAAGCTTGTACAATCTCCATTTCTCTGAGGAAATTAGGCATTTACAACCTGCA  
 CCAATTTTCAGTTCTCTTCTGTTCCCAATGGAGACAACCTATTGACTTCCCTCCAACCTCTTTTCTTATATAATTG  
 TAATGGATTGATCAGTATACCAATTGGAATGCTAGATCAATGCCGGTCTCTAGAGTTTTTGAAATGTGAGCTGCTGT  
 AACAACTTGGTTTTCATTCCCTTTACGTGTGTGGGAAATGCCCTCATTATTATTTTTGGATATAACAGAATGTCCCA  
 AATTGATTAGTGTACCCAAAGTGGGCCCTTCAACATCTCACTGGGTATTGAGATTGGGAATTGGTCTTTTCTCAAA

GATGGTGGATTTTGATGCATTCCAATTGATTTTAAATGGCATTGAGCAGCTGTGTGTCCTTCGTGATCTGGAGGTG  
TACGGACGTGGGCACTGGGATTCTCTGCCCTATCAGATTATGCAACTATCTGACCTAAGAGAGATCACAATAGCTG  
ATTTTGGAATTGAGGCTCTTCCTCCTAGACTTGACAACCTTACTTCTCTTGAAAGCTTGACTCTAGTGAGGTGCAA  
ACAGCTACAACATCTGAACTTCTCAGATGCCATGCCCAAATTACGGCTCCTGTGGATACGTGATTTCCATTGTTA  
GAAGCTCTGTCAGATGGGCTCGGCAACCTTGTTCCTTTGGAAGAATTATATTTACATGACTGCGAAAACTAGAGC  
ATCTACCGTCCCGAGATGCCATGCGATGCCCTCACTAAATTATGGACATGGGAATTAAAGGCTGCCCAAAGTTAGA  
AGAAAGTTACACCAACTACTCCAGTGGTCCAAAATTTCCCATATTTCAAATATTGAATTAGGTGGGAGGAGAAGT  
ACAGCCGTAAGTCTCGGTTTCTCTTTCACTTTCTGA

Звіт вирівнювання "chc\_allele-mining\_total alignment protein18 – 9 – 9 + chc homologs + RH homologs + Ph2candidate.meg"

Majority		-----					
MNYCLPSSTLQTTTKRRLTLRRLCCKQLRKKTTLVQIAEEEEANTTMADPVGIGATVQVLL		-----					
+-----+-----+-----+		-----					
50	60	70	80	10	20	30	40
+-----+-----+-----+		-----					
94-2031_L4_L7_L8		-----					
MNYCLPSSTLQTTTKRRLTLRRLCCKQLRKKTTLVQIAEEEEANTTMADAVIGATVQVLL		178					
324-2_J1_J3_J8		-----					
MNYCLPSSTLQTTTKRRLTLRRLCCKQLRKKTTLVQIAEEEEANTTMADAVIGATVQVLL		178					
324-2_J2_J5_J6		-----					
MNYCLPSSTLQTTTKRRLTLRRLCCKQLRKKTTLVQIAEEEEANTTMADAVIGATVQVLL		178					
487-1_I4_I6_I8		-----					
MNYCLPSSTLQTTTKRRLTLRRLCCKQLRKKTTLVQIAEEEEANTTMADAVIGATVQVLL		178					
493-5_F1_F5_F7		-----					
MNYCLPSSTLQTTTKRRLTLRRLCCKQLRKKTTLVQIAEEEEANTTMADAVIGATVQVLL		178					
493-7_G2		-----					
MNYCLPSSTLQTTTKRRLTLRRLCCKQLRKKTTLVQIAEEEEANTTMADAVIGATVQVLL		178					
493-7_G10		-----					
MNYCLPSSTLQTTTKRRLTLRRLCCKQLRKKTTLVQTAEEEEANTTMADPVGIGATVQVLL		178					
493-7_G12		-----					
MNYCLPSSTLQTTTKRRLTLRRLCCKQLRKKTTLVQIAEEEEANTTMADAVIGATVQVLL		178					
493-7_G14_G22		-----					
MNYCLPSSTLQTTTKRRLTLRRLCCKQLRKKTTLVQIAEEEEANTTMADAVIGATVQVLL		178					
493-7_G19		-----					
MNYCLPSSTLQTTTKRRLTLRRLCCKQLRKKTTLVQIAEEEEANTTMADAVIGATVQVLL		178					
493-7_G21		-----					
MNYCLPSSTLQTTTKRRLTLRRLCCKQLRKKTTLVQIAEEEEANTTMADAVIGATVQVLL		178					
493-9_H5_H30		-----					
MNYCLPSSTLQTTTKRRLTLRRLCCKQLRKKTTLVQIAEEEEANTTMADAVIGATVQVLL		178					
493-9_H11_H19_H27		-----					
MNYCLPSSTLQTTTKRRLTLRRLCCKQLRKKTTLVQIAEEEEANTTMADAVIGATVQVLL		178					
543-5_C2		-----					
MNYCLPSSTLQTTTKRRLTLRRLCCKQLRKKTTLVQTAEEEEANTTMADPVGIGATVQVLL		178					
561-2_K4_K14_K22		-----					
MNYCLPSSTLQTTTKRRLTLRRLCCKQLRKKTTLVQIAEEEEANTTMADAVIGATVQVLL		178					
561-2_K6_K30_K31		-----					
MNYCLPSSTLQTTTKRRLTLRRLCCKQLRKKTTLVQIAEEEEANTTMADAVIGATVQVLL		178					
849-1_M8_M18_M20		-----					
MNYCLPSSTLQTTTKRRLTLRRLCCKQLRKKTTLVQTAEEEEANTTMADPVGIGATVQVLL		178					
852-5_E14_E23		-----					
MNYCLPSSTLQTTTPKRRLTLRRLWCKQLRKKTTLVQTAEEEEANTTMADPVGIGATVQVLL		178					
852-5_E28		-----					
MNYCLPSSTLQTTTKRRLTLRRLCCKQLRKKTTLVQTAEEEEANTTMADAVIGATVQVLL		178					
852-5_E30		-----					
MNYCLPSSTLQTTTPKRRLTLRRLWCKQLRKKTTLVQTAEEEEANTTMADPVGIGATVQVLL		178					
RH_D3_D4_D7		-----					
MNYCLPSSTLQTTTKRRLTLRRLCCIQLRKKTTLVQIAEEEEANTTMADPVGIGATVQVLL		178					
Rpi-chc1_ORF		-----					
MNYCLPSSTLQTTTKRRLTLRRLCCKQLRKKTTLVQTAEEEEANTTMADPVGIGATVQVLL		178					
chc1_BAC_B07-1C15		-----					
-----MADPVGIGATVQVLLD		43					
chc2_BAC_B07-1C15		-----					
-----MADPVGIGATVQVLL		43					
chc_RGC1_BAC_2D06-3D21		-----					
-----MADPVGIGATVQVLL		43					
chc_RGC2_BAC_2D06-3D21		-----					
-----MADPVGIGATVQVLL		43					

Fig. 14



```

RH122B15 c247 -----
-----MADPVIGATVQVVLE 43
RH122B15 c88-5 -----
-----MADPVIGATVQVVLE 43
RH137D14 c13-1
MRMRKIIICWTYALIKWLIGIGIYLTRHQRSGSKKTKTKRRHRVGH TVGMQKKTFLRRRFCEGANATMADPVTGATVQ
VLVD 238
RH137D14 c13-2 -----
MNYCLPLSTLQTTTKRRLTLRRLCCIQLRKKTILVQIAEEEEANTTMADPVIGATVQVVLE 178
RH77023 c579-4 -----
-----MADPVFAATVKVLLD 43
RH77023 c579-5 -----
-----MADPVIGATVQVVLE 43
RH77023 c671 -----
-----MADPVIGATVQVVLE 43
RH77023 c706-3 -----
-----MADPVIGATVQVVLE 43
RH77023 c706-4 -----
-----MADPVIGATVQVVLE 43
ph2 candidate -----
-----MADPVIGATVQVVLE 15

```

Majority KLISLTIEEVNSSRDFNKDLEMLTQNVSLIQAFIHDVETPQ-  
 EKQQSVEQWLNRLERVAEDAENVFDRFRYESLK--TKV

```

+-----+-----+-----+-----+-----+
+-----+-----+-----+-----+-----+
140      150      160      90      100      110      120      130
+-----+-----+-----+-----+-----+

```

```

94-2031_L4_L7_L8 KLISLTIEEVNSSRDFNKDLEMLTQNVSLIQAFIHDVETPQ-
EKQQSVEQWLNRLERVAEDAENVFDRFRYESLK--TKV 409
324-2_J1_J3_J8 KLISLTIEEVNSSRDFNKDLEMLTQNVSLIQAFIHDVETPQ-
EKQQSVEQWLNRLERVAEDAENVFDRFRYESLK--TKV 409
324-2_J2_J5_J6 KLISLTIEEVNSSRDFNKDLEMLTQNVSLIQAFIHDVETPQ-
EKQQSVEHWNRLERVAEDAENVFDRFRYESLK--TKV 409
487-1_I4_I6_I8 KLISLTIEEVNSSRDFNKDLEMLTQNVSLIQAFIHDVETPQ-
EKQQSVEQWLNRLERVAEDAENVFDRFRYESLK--TKV 409
493-5_F1_F5_F7 KLISLTIEEVNSSRDFNKDLEMLTQNVSLIQAFIHDVETPQ-
EKQQSVEHWNRLERVAEDAENVFDRFRYESLK--TKV 409
493-7_G2 KLISLTIEEVNSSRDFNKDLEMLTQNVSLIQAFIHDVETPQ-
EKQQSVEQWLNRLERVAEDAENVFDRFRYESLK--TKV 409
493-7_G10 KLISLTIEEVNSSRDFNKDLEMLTQNVSLIQAFIHDVETPQ-
EKQQSVEQWLNRLERVAEDAENVFDRFRYESLK--TKV 409
493-7_G12 KLISLTIEEVNSSRDFNKDLEMLTQNVSLIQAFIHDVETPQ-
EKQQSVEHWNRLERVAEDAENVFDRFRYESLK--TKV 409
493-7_G14_G22 KLISLTIEEVNSSRDFNKDLEMLTQNVSLIQAFIHDVETPQ-
EKQQSVEQWLNRLERVAEDAENVFDRFRYESLK--TKV 409
493-7_G19 KLISLTIEEVNSSRDFNKDLEMLTQNVSLIQAFIHDVETPQ-
EKQQSVEQWLNRLERVAEDAENVFDRFRYESLK--TKV 409
493-7_G21 KLISLTIEEVNSSRDFNKDLEMLTQNVSLIQAFIHDVETPQ-
EKQQSVEHWNRLERVAEDAENVFDRFRYESLK--TKV 409
493-9_H5_H30 KLISLTIEEVNSSRDFNKDLEMLTQNVSLIQAFIHDVETPQ-
EKQQSVEQWLNRLERVAEDAENVFDRFRYESLK--TKV 409
493-9_H11_H19_H27 KLISLTIEEVNSSRDFNKDLEMLTQNVSLIQAFIHDVETPQ-
EKQQSVEHWNRLERVAEDAENVFDRFRYESLK--TKV 409
543-5_C2 KLISLTIEEVNSSRDFNKDLEMLTQNVSLIQAFIHDVETPQ-
EKQQSVEQWLNRLERVAEDAENVFDRFRYESLK--TKV 409
561-2_K4_K14_K22 KLISLTIEEVNSSRDFNKDLEMLTQNVSLIQAFIHDVETPQ-
EKQQSVEQWLNRLERVAEDAENVFDRFRYESLK--TKV 409
561-2_K6_K30_K31 KLISLTIEEVNSSRDFNKDLEMLTQNVSLIQAFIHDVETPQ-
EKQQSVEQWLNRLERVAEDAENVFDRFRYESLK--TKV 409

```

849-1\_M8\_M18\_M20 KLISLTIEEVNSSRDFNKDLEMLTQNVSLIQAFIHDVETPQ-  
 EKQQSVEQWLNRLERVAEDAENVFDRFRYESLK--TKV 409  
 852-5\_E14\_E23  
 KLISLTIEDVNSSRDFNKDLEMLTQNVSLIQAFIHDVKTPQVEKQQSFEQWLNRLERVAEDAQNVDVDRFRYESLK-  
 -TKV 412  
 852-5\_E28 KLISLTIEDVNSSRDFNKDLEMLTQNVSLIQAFIHDVETPQ-  
 EKQQSVEQWLNRLERVAEDAENVFDRFRYESLK--TKV 409  
 852-5\_E30  
 KLISLTIEDVNSSRDFNKDLEMLTQNVSLIQAFIHDVKTPQVEKQQSFEQWLNRLERVAEDAQNVDVDRFRYESLK-  
 -TKV 412  
 RH\_D3\_D4\_D7 KLISLTIEEVNSSRDFNKDLEMLTQNVSLIQAFIHDVETPQ-  
 EKQQSVEQWLNRLERVAEDAENVFDRFRYESLK--TKV 409  
 Rpi-chc1\_ORF KLISLTIEEVNSSRDFNKDLEMLTQNVSLIQAFIHDVETPQ-  
 EKQQSVEQWLNRLERVAEDAQNVDVDRFRYESLK--TKV 409  
 chc1\_BAC\_B07-1C15 KLLSLTIEEFSSSRDCNKDLEMLTQNVSLIQAFIHDERRQ-  
 VEDKAVKLWLNRLDRAAENAENVDFKFRYESLKRQVKI 280  
 chc2\_BAC\_B07-1C15 KLLSLTIEEFSSSRDCNKDLRMLTQNVSMIQAFIHDGERRQ-  
 VEDQSVKLWFTRLERAENAENVDFKFRYESLKRQVKI 280  
 chc\_RGC1\_BAC\_2D06-3D21 KLLSLTIEEFSSSRDCNKDLGMLTQNVSMIQAFIHDERRQ-  
 VEDQAVKLWLNRLERAENAENVDFKFRYESLKRQVKI 280  
 chc\_RGC2\_BAC\_2D06-3D21 KLLSLTIEEFSSSRDCNKDLRMLTQNVSMIQAFIHDERRQ-  
 VEDQSMKLWFTRLERAENAENVDFKFRYESLKRQVKI 280  
 RH122B15 c247 KLLSLTIEEARNLRNCKKNLRMLSRVVTMIQAFIHDERRQVED-  
 KAVEEWLKMRLERIAEDAENVDFKFTYESIK--AKV 274  
 RH122B15 c88-5 KLISLTIEEVNSSRDFNKDLEMLT-----  
 QFDKQQSVEQWLNRLERVAEDAQNVDVDRFRYESLK--TKV 229  
 RH137D14 c13-1 KLLSLTIEEFSSSRDCNKDLEMLTQNVSLIQAFIHDERRQ-  
 VEDQSVKVLWLNRLERAENAENVDFKFRYESLKRQVKI 475  
 RH137D14 c13-2 KLISLTIEEVNSSRDFNKDLEMLTQNVSLIQAFIHDVETPQ-  
 EKQQSVEQWLNRLERVAEDAENVFDRFRYESLK--TKV 409  
 RH77023 c579-4  
 KLISLTIEEISSRDFNEDLEMLTHNVSLIQAFIHDVETPQVEKQQSVEQWLNRLERVAENAENVFDRFRYESLK-  
 -TKV 277  
 RH77023 c579-5 KLLSLTIEEARNLRNCKKNLRMLSRVVTMIQAFIHDERRQ-----  
 VEEWLKMRLERIAEDAENVDFKFTYESIK--AKV 259  
 RH77023 c671 KLLSLTIEEARNVRNCKKNLRMLSRVVTMIQAFIHDERRQVED-  
 RAVEEWLKMRLERIAEDAENVDFKFTYESIK--AKV 274  
 RH77023 c706-3 KLLSLTIEEVKRLGNCKKDLEMLTKNVSLIQAFIHDERRQ-  
 VEDQVVEQWLNRLERVTENAENVDFDEFYESLKRQVKI 280  
 RH77023 c706-4  
 KLISLTIEEVNSSRDFNKDLEMLTQNASLIQAFIHDVETPQVEKQQSVEQWLNRLERVAEDAQNVDVDRFRYESLK-  
 -TKV 277  
 ph2 candidate  
 KLLSLTIEEVKTLRNCKKNLSKLTKHVTMIQAYTHDAETQVEDNQAVEEWLKMRLERIAEDAENVDFKFTYESIK-  
 -ARV 93

Majority VR--  
 SPLKKVSGFFSHTAFKRKMSQKINNINKELTAINKVAKDLGLQSLMVPSRKILPIRETDSFVVASDVVGRDLDA  
 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 210 220 230 240 170 180 190 200  
 -----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 94-2031\_L4\_L7\_L8 VR--  
 SPLKKVSGFFSHTAFKRKMSQKINNINKELTAINKVAKDLGLQSLMVPSWKILPIRETDSFVGASDVVGRDLDA  
 640  
 324-2\_J1\_J3\_J8 VR--  
 SPLKKVSGFFSHTAFKRKMSQKINNINKELTAINKVAKDLGLQSLMVPSWKILPIRETDSFVGASDVVGRDLDA  
 640

324-2\_J2\_J5\_J6 VR---  
 SPLKKVSGFFSHTAFKRKMSQKINNINKELTAINKVAKDLGLQSLMVPSRKILPIRETDSFVGASDVVGRDLDA  
 640  
 487-1\_I4\_I6\_I8 VR---  
 SPLKKVSGFFSHTAFKRKMSQKINNINKELTAINKVAKDLGLQSLMVPSRKILPIRETDSLVAASDIVGRDLDA  
 640  
 493-5\_F1\_F5\_F7 VR---  
 SPLKKVSGFFSHTAFKRKMSQKINNINKELTAINKVAKDLGLQSLMVPSRKILPIRETDSFVGASDVVGRDLDA  
 640  
 493-7\_G2 VR---  
 SPLKKVSGFFSHTAFKRKMSQKINNINKELTAINKVAKDLGLQSLMVPSRKILPIRETDSLVAASDIVGRDLDA  
 640  
 493-7\_G10 VR---  
 SPLKKVSGFFSHIAFKRKMSQKINNINKELTAINKVAKDLGLQSLMVPSRKILPIRETDSLVAASDIVGRDLDA  
 640  
 493-7\_G12 VR---  
 SPLKKVSGFFSHTAFKRKMSQKINNINKELTAINKVAKDLGLQSLMVPSRKILPIRETDSFVGASDVVGRDLDA  
 640  
 493-7\_G14\_G22 VR---  
 SPLKKVSGFFSHTAFKRKMSQKINNINKELTAINKVAKDLGLQSLMVPSRKILPIRETDSLVAASDIVGRDLDA  
 640  
 493-7\_G19 VR---  
 SPLKKVSGFFSHTAFKRKMSQKINNINKELTAINKVAKDLGLQSLMVPSRKILPIRETDSLVAASDIVGRDLDA  
 640  
 493-7\_G21 VR---  
 SPLKKVSGFFSHTAFKRKMSQKINNINKELTAINKVAKDLGLQSLMVPSRKILPIRETDSFVGASDVVGRDLDA  
 640  
 493-9\_H5\_H30 VR---  
 SPLKKVSGFFSHTAFKRKMSQKINNINKELTAINKVAKDLGLQSLIVPSRKILPIRETDSIVGASDVVGRDLDA  
 640  
 493-9\_H11\_H19\_H27 VR---  
 SPLKKVSGFFSHTAFKRKMSQKINNINKELTAINKVAKDLGLQSLMVPSRKILPIRETDSFVGASDVVGRDLDA  
 640  
 543-5\_C2 VR---  
 SPLKKVSGFFSHTAFKRKMSQKINNINKELTAINKVAKDLGLQSLMVPSRKILPIRETDSFVVASDIVGRDLDA  
 640  
 561-2\_K4\_K14\_K22 VR---  
 SPLKKVSGFFSHTAFKRKMSQKINNINKELTAINKVAKDLGLQSLMVPSWKILPIRETDSFVGASDVVGRDLDA  
 640  
 561-2\_K6\_K30\_K31 VR---  
 SPLKKVSGFFSHTAFKRKMSQKINNINKELTAINKVAKDLGLQSLMVPSRKILPIRETDSLVAASDIVGRDLDA  
 640  
 849-1\_MB\_M18\_M20 VR---  
 SPLKKVSGFFSHTAFKRKMSQKINNINKELTAINKVAKDLGLQSLMVPSRKILPIRETDSLVAASDIVGRDLDA  
 640  
 852-5\_E14\_E23 VR---  
 SPLKKVSGFFSHSAFKRKMSQKINNINKELTAINKVAKDLGLQSLMVPSRKILPIRETDSFVGASDVVGRDLDA  
 643  
 852-5\_E28 VR---  
 SPLKKVSGFFSHTAFKRKMSQKINNINKELTAINKVAKDLGLQSLMVPSRKILPIRETDSFVGASDVVGRDLDA  
 640  
 852-5\_E30 VR---  
 SPLKKVSGFFSHSAFKRKMSQKINNINKELTAINKVAKDLGLQSLMVPSRKILPIRETDSFVGASDVVGRDLDA  
 643  
 RH\_D3\_D4\_D7 VR---  
 SPLKKVSGFFSHTAFKRKMSQKINNINKELTAINKVAKDLGLQSLMVPSRKILPIRETDSLVAASDIVGRDLDA  
 640  
 Rpi-chc1\_ORF VR---  
 SPLKKVSGFFSHTAFKRKMSQKINNINKELTAINKVAKDLGLQSLMVPSRKILPIRETDSFVVASDIVGRDLDA  
 640  
 chc1\_BAC\_B07-1C15 RN---  
 NPMRKVSDFFSHTAFKNKMSRKINNINEELRAINAKVAKTLGLQALMVPPQKILPIRETDSIVVASVYVGRDNDVA  
 511

chc2\_BAC\_B07-1C15 RN---  
 NPMRKVSDFFSHTAFKNKMSRKINNINEELRVINKVAKNLSLQSLMVPPRKILPIRETDSIVAASYVVGDKDVA  
 511  
 chc\_RGC1\_BAC\_2D06-3D21 RN---  
 NPMRKVSDFFSHTAFKNKMSRKINNINEELRGINMLAKDLGLQSPMVPPRKILPIRETDSIVVASIYVGREKDVA  
 511  
 chc\_RGC2\_BAC\_2D06-3D21 RN---  
 NPMRKVSDFFSHTAFKNKMSRKINNINEELRAINTVAKNLGLQSLMVPPRKILPIQETDSIVVASIYVVGDRNDVA  
 511  
 RH122B15 c247  
 MNNRAKLMKVSHLFSHTAFKYKMSRWINKINEELRDINQLANNLGLQSLTVPSRKILQIRETDSAVVPSDVVGRD  
 KDVA 514  
 RH122B15 c88-5 MS---  
 SPMKKVSGFFSHTAFKRKISRKINNINKEVTAINKVAKDLGLQSPMVPSRKILPIRETDSLIVVASDVVGRDLDA  
 460  
 RH137D14 c13-1 RN---  
 NPMRKVSDFFSHTAFKNKMSRKINNINEELRAIYKVAKTLGLQALMVPPRKILPIRETDSIVVASIYVVGDRNDVA  
 706  
 RH137D14 c13-2 VR---  
 SPLKKVGGFFSHTAFKRKMSQKINNINKELTAINKVAKDLGLQSLMVPSRKILPIRETDSLIVVASDIVGRDLDA  
 640  
 RH77023 c579-4  
 INIRNSPMKKVSGFFSHTAFKSKMSRKINSINKELTAINKVAKDLGLHSLIVPSRKILPIRETDSIVVASDVVGRD  
 LDVA 517  
 RH77023 c579-5  
 MNNRAKLMKVSHLFSHTAFKYKMSRKINKINEELRDINQLANNLGLQSLTVPSRKILQIRETDSAVVPSDVVGRD  
 KDVA 499  
 RH77023 c671  
 MNNRAKLMKVSHLFSHTAFKYKMSRKINKINEELRDINQLANNLGLQSLTAPSRKILQIRETDSAVVPSDVVGRD  
 KDVA 514  
 RH77023 c706-3 RN---  
 NPMKKVSDFFSHTDFKRRMSRKINNINEELRAINKLANDLGLQSLMVPPRQILPIRETDSVVVASDVVGRDKDVA  
 511  
 RH77023 c706-4  
 RSIRNSPMKKVSGFFSHTAFKRKMSQKINNINKELTAINKVAKDLGLQSLMVPSRKILPIRETDSLIVVASDVVGRD  
 MDVA 517  
 ph2 candidate  
 MKNQMKLMEKVSHFFSQTVPFYKMSRKINDINEELRAINELANNLGLQLLTVPSRKIPQIRETDSS--  
 ASYVVGDRDKDVA 171

Majority  
 EIKEKILKMREEDVVLSTIPVGMGGLGKTTVAKRIYNDEHIKQIFKKRIWLCIPEMSETKSFLQIILES LIERKI  
 EVER  
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 290 300 310 320 250 260 270 280  
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 94-2031\_L4\_L7\_L8  
 EIKEKILNMREEDVVLSTIPVGMGGLGKTTVAKRIYNDEHIKQIFKERIWLCPIMSETKSFLQIILES LIERKI  
 EVER 880  
 324-2\_J1\_J3\_J8  
 EIKEKILNMREEDVVLSTIPVGMGGLGKTTVAKRIYNDEHIKQIFKERIWLCPIMSETKSFLQIILES LIERKI  
 EVER 880  
 324-2\_J2\_J5\_J6  
 EIKEKILKMREEDVVLSTIPVGMGGLGKTTVAKRIYNDEHIKQIFKERIWLCPIMSETKSFLQIILES LIERKI  
 EVER 880  
 487-1\_I4\_I6\_I8  
 EIKEKILKMREEDIVLSTIPVGMGGLGKTTVAKRIYNDEHMKQIFKKRIWLCIPEMSETKSFLQIILES LIERKI  
 EVER 880



493-5\_F1\_F5\_F7  
 EIKEKILKMREEDVVLSTIPIVGMGGLGKTTVAKRIYNDEHIKQIFKERIWLCLPEMSETKSFLEQILES LIERKI  
 EVER 880  
 493-7\_G2  
 EIKEKILKMREEDIVLSTIPIVGMGGLGKTTVAKRIYNDEHMKQIFKKRIWLCLPEMSETKSFLEQILES LIERKI  
 EVER 880  
 493-7\_G10  
 EIKEKILKMREEDIVLSTIPIVGMGGLGKTTVAKRIYNDEHMKQIFKKRIWLCLPEMSETKSFLEQILES LIERKI  
 EVER 880  
 493-7\_G12  
 EIKEKILKMREEDVVLSTIPIVGMGGLGKTTVAKRIYNDEHIKQIFKERIWLCLPEMSETKSFLEQILES LIERKI  
 EVER 880  
 493-7\_G14\_G22  
 EIKEKILKMREEDIVLSTIPIVGMGGLGKTTVAKRIYNDEHMKQIFKKRIWLCLPEMSETKSFLEQILES LIERKI  
 EVER 880  
 493-7\_G19  
 EIKEKILKMREEDIVLSTIPIVGMGGLGKTTVAKRIYNDEHMKQIFKKRIWLCLPEMSETKSFLEQILES LIERKI  
 EVER 880  
 493-7\_G21  
 EIKEKILKMREEDVVLSTIPIVGMGGLGKTTVAKRIYNDEHIKQIFKERIWLCLPEMSETKSFLEQILES LIERKI  
 EVER 880  
 493-9\_H5\_H30  
 EIKEKILKMREEDVVLSTIPIVGMGGLGKTTVAKRIYNDEHIKQIFKERIWLCLPEMSETKSFLEQILES LIERKI  
 EVER 880  
 493-9\_H11\_H19\_H27  
 EIKEKILKMREEDVVLSTIPIVGMGGLGKTTVAKRIYNDEHIKQIFKERIWLCLPEMSETKSFLEQILES LIERKI  
 EVER 880  
 543-5\_C2  
 EIKEKILNMREEDIVLSTIPIVGMGGLGKTTVAKRIYNDEHMKQIFEKRIWLCLPEMSETKSFLEQILES LIERKI  
 EVER 880  
 561-2\_K4\_K14\_K22  
 EIKEKILNMREEDVVLSTIPIVGMGGLGKTTVAKRIYNDEHIKQIFKERIWLCLPEMSETKSFLEQILES LIERKI  
 EVER 880  
 561-2\_K6\_K30\_K31  
 EIKEKILKMREEDIVLSTIPIVGMGGLGKTTVAKRIYNDEHMKQIFKKRIWLCLPEMSETKSFLEQILES LIERKI  
 EVER 880  
 849-1\_M8\_M18\_M20  
 EIKEKILNMREEDIVLSTIPIVGMGGLGKTTVAKRIYNDEHMKQIFKKRIWLCLPEMSETKSFLEQILES LIERKI  
 EVER 880  
 852-5\_E14\_E23  
 EIKEKILKMREEDVVLSTIPIVGMGGLGKTTVAKRIYNDEHIKQIFKERIWLCLPEMSETKSFLEQILES LIERKI  
 EVER 883  
 852-5\_E28  
 EIKEKILKMREEDVVLSTIPIVGMGGLGKTTVAKRIYNDEHMKQIFKKRIWLCLPEMSETKSFLEQILES LIERKI  
 EVER 880  
 852-5\_E30  
 EIKEKILKMREEDVVLSTIPIVGMGGLGKTTVAKRIYNDEHIKQIFKERIWLCLPEMSETKSFLEQILES LIERKI  
 EVER 883  
 RH\_D3\_D4\_D7  
 EIKEKILKMREEDIVLSTIPIVGMGGLGKTTVAKRIYNDEHMKQIFKKRIWLCLPEMSETKSFLEQILES LIERKI  
 EVER 880  
 Rpi-chc1\_ORF  
 EIKEKILNMREEDIVLSTIPIVGMGGLGKTTVAKRIYNDEHMKQIFEKRIWLCLPEMSETKSFLEQILES LIERKI  
 EVER 880  
 chc1\_BAC\_B07-1C15 EIKRKMLNIR-  
 DDVVLCTIPIVGMGGLGKTTVAKIIFNDEQIEKHFEKRVWLCLPEMSEIKSFLELILES LTERKLEVQS  
 748  
 chc2\_BAC\_B07-1C15 EIKEKIFTIR-  
 EDIDLCTIPIVGMGGLGKTTVAKRIFNDEQIEKHFEKRVWLCLPEMSEIKSFLELILES LTERKLEVQS  
 748  
 chc\_RGC1\_BAC\_2D06-3D21 EIKEKILTIR-  
 EDIDLCTIPIVGMGGLGKTTVAKRIFNDEQIEKHFEKRVWLCLPEMSETKSFLELILES LTERKLEVQS  
 748

```

RDIIIVKKLQDELGGKKYLLVLDDLWRVDSTSWHEFVDTLRGINTSRGNCILVTTRMKQVASTVATDL--
HILGKLTEDHC
+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
+-----+-----+-----+-----+
370          380          390          400          330          340          350          360
+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
94-2031_L4_L7_L8
RDIIIVKKLQDELGGKKYLLVLDDLWRVDSTSWHEFVDTLRGINTSRGNCILVTTRRKQVASTVATDL--
HILGKLTEDHC          1114
324-2_J1_J3_J8
RDIIIVKKLQDELGGKKYLLVLDDLWRVDSTSWHEFVDTLRGINTSRGNCILVTTRRKQVASTVATDL--
HILGKLTEDHC          1114
324-2_J2_J5_J6
RDIIIVKKLQDELGGKKYLLVLDDLWRVDSTSWHEFVDTLRGINTSRGNCILVTTRMKRVASTVATDL--
HILGKLTEDHC          1114
487-1_I4_I6_I8
RDIIIVKKLQDELGGKKYLLVLDDLWSVDSTLWHEFVDTLRGINTSRGNCILVTTRRKQVASTVATDL--
HILGKLTEDHC          1114
493-5_F1_F5_F7
RDIIIVKKLQDELGGKKYLLVLDDLWRVDSTSWHEFVDTLRGINTSRGNCILVTTRMKRVASTVATDL--
HILGKLTEDHC          1114
493-7_G2
RDIIIVKKLQDELGGKKYLLVLDDLWRVDSTSWHEFVNTLRGINTSRGNCILVTTRMKWVASTVATDL--
HILGKLTEDHC          1114

```

493-7\_G10  
 RDIIVKKLQDELGGKKYLLVLDDLWRVDSTSWHEFVDTLRGINTSRGNCILVTTCKRQVASTVATDL--  
 HILGKLTEDHC 1114  
 493-7\_G12  
 RDIIVKKLQDELGGKKYLLVLDDLWRVDSTSWHEFVDTLRGINTSRGNCILVTTMRKRVASTVATDL--  
 HILGKLTEDHC 1114  
 493-7\_G14\_G22  
 RDIIVKKLQDELGGKKYLLVLDDLWRVDSTSWHEFVNTLRGINTSRGNCILVTTMRKWVASTVATDL--  
 HILGKLTEDHC 1114  
 493-7\_G19  
 RDIIVKKLQDELGGKKYLLVLDDLWRVDSTSWHEFVNTLRGINTSRGNCILVTTMRKWVASTVATDL--  
 HILGKLTEDHC 1114  
 493-7\_G21  
 RDIIVKKLQDELGGKKYLLVLDDLWRVDSTSWHEFVDTLRGINTSRGNCILVTTMRKRVASTVATDL--  
 HILGKLTEDHC 1114  
 493-9\_H5\_H30  
 RDIIVKKLQDELGGKKYLLVLDDLWRVDSTSWHEFVNTLRGINTSRGNCILVTTMRKWVASTVATDL--  
 HILGKLTEDHC 1114  
 493-9\_H11\_H19\_H27  
 RDIIVKKLQDELGGKKYLLVLDDLWRVDSTSWHEFVDTLRGINTSRGNCILVTTMRKRVASTVATDL--  
 HILGKLTEDHC 1114  
 543-5\_C2  
 RDIIVKKLQDELGGKKYLLVLDDLWCVDSTSWHEFIDTLRGINTSRGNCILVTTTRKQVASTVATDL--  
 HILGKLTEDHC 1114  
 561-2\_K4\_K14\_K22  
 RDIIVKKLQDELGGKKYLLVLDDLWRVDSTSWHEFVDTLRGINTSRGNCILVTTTRKQVASTVATDL--  
 HILGKLTEDHC 1114  
 561-2\_K6\_K30\_K31  
 RDIIVKKLQDELGGKKYLLVLDDLWRVDSTSWHEFVNTLRGINTSRGNCILVTTMRKWVASTVATDL--  
 HILGKLTEDHC 1114  
 849-1\_M8\_M18\_M20  
 RDIIVKKLQDELGGKKYLLVLDDLWRVDSTSWHEFVDTLRGINTSRGNCILVTTTRKQVASTVATDL--  
 HILGKLTEDHC 1114  
 852-5\_E14\_E23  
 RDIIVKKLQDELGGKKYLLVLDDLWRVDSTSWHEFVDTLRGINTSRGNCILVTTTRKQVASTVATDL--  
 HILGKLTEDHC 1117  
 852-5\_E28  
 RDIIVKKLQDELGGKKYLLVLDDLWRVDSTSWHEFVDTLRGINTSRGNCILVTTTRKQVASTVATDL--  
 HILGKLTEDHC 1114  
 852-5\_E30  
 RDIIVKKLQDELGGKKYLLVLDDLWRVDSTSWHEFVDTLRGINTSRGNCILVTTTRKQVASTVATDL--  
 HILGKLTEDHC 1117  
 RH\_D3\_D4\_D7  
 RDIIVKKLQDELGGKKYLLVLDDLWRVDSTSWHEFVDTLRRINTSRGNCILVTTTRKQVASTVATDL--  
 HILGKLTEDHC 1114  
 Rpi-chc1\_ORF  
 RDIIVKKLQDELGGKKYLLVLDDLWCVDSTSWHEFIDTLRGINTSRGNCILVTTTRKQVASTVATDL--  
 HILGKLTEDHC 1114  
 chc1\_BAC\_B07-1C15  
 RDIIVKKLRDELGRKYLVLDDLWHVDPTLWDEFVETLRGINTSRGNCILVTTTRMELVASTVAAVLGPHMLEKLA  
 KDHC 988  
 chc2\_BAC\_B07-1C15  
 RDIIVKKLRDELGRKYLVLDDLWSVDPTLWDEFVDTLRGINTSRGNFILTTRMELVASTVAAVPGPHKLEKLA  
 EDHC 988  
 chc\_RGC1\_BAC\_2D06-3D21  
 RDIIVKKLRDELGRKYLVLDDLWGVDSTLWDEFVDTLRGINTSRGNFILTTRMELVASTVAAVLGPHKLEKLS  
 EDHC 988  
 chc\_RGC2\_BAC\_2D06-3D21  
 RDIIVKKLRDELGRKYLVLDDLWRVDPTLWDEFVDTLRGINTSRGNFILTTRMKLVASTVATVLGPHMLEKLS  
 EDHC 988  
 RH122B15 c247  
 RDIIVKKLRDALGEKQYLLVLDDLWRVDSTSWHEFLDTLRGINTSRGNCILVTTTRSKQVASIVAADL--  
 HKLGKLTDDHC 985

RH122B15 c08-5  
 RDIIVKKLQDELGGKKYLLVDDLWHVDFTSWHEFVDTLRGINTSRGNCILVTTRMKRVASTVATDL--  
 HMLGKLTEDHC 934  
 RH137D14 c13-1  
 RDIIVKKLRDELAGGKYLLVDDLWRVDPTLWDEFVDTLRGINTSRGNFIIVTTRMELVASTVATVLGPHMLEKLS  
 EDHC 1183  
 RH137D14 c13-2  
 RDIIVKKLQDELGGKKYLLVDDLWRVDSTSWHEFVDTLRRINTSRGNCILVTTRRKQVASTVATDL--  
 HILGKLTEDHC 1114  
 RH77O23 c579-4  
 RDIIVKKLQDKLGGKNYLLVDDLWCVDSTSWHEFVDTLRGINTAKGNCILVTTRMKRVASTVAADL--  
 HMLGKLTEDHC 991  
 RH77O23 c579-5  
 RDIIVKKLRDALGEKQYFLVDDLWRVDYTLWHEFLDTLRGINTSRGNCILVTTRSKQVASIVAADL--  
 HKLGKLTDDQC 970  
 RH77O23 c671  
 RDIIVKKLRAALGEKQYLLVDDLWRADSTSWHEFLDTLRGINTSRGNCILVTTRSKQVASIVAEDL--  
 HKLGKLTDDHC 985  
 RH77O23 c706-3  
 RDIIVKKLRDELAGRKYLLVDDLWRVDPTLWHEFLDTLKGINTTRGNCILVTTRMKLVASTVAVGL--  
 HMLGKLADDHC 982  
 RH77O23 c706-4  
 RDIIVKKLQDELGGKNYLLVDDLWRDLSTSWHEFVDTLRGINTSRGNCILVTTRMKRVASTIATNL--  
 HILGKLTEDHC 991  
 ph2 candidate  
 RDIIVKKLQDALGEKRYLLVDDLWRVGSTHWYEFMDTLKGINTSRGNCILVTTRMKQVASIVAADL--  
 HMLGKLADDHC 328

Majority

WSIFKQKAFVDGRVPEELASMGNKIVKMCQGLPLAASVLGGLLHNKEKHEWQAILDGNLLVAGEDDNGENSIKKIL  
 KLSY

```

+-----+-----+-----+-----+-----+
+-----+-----+-----+-----+
450      460      470      480      410      420      430      440
+-----+-----+-----+-----+

```

94-2031\_L4\_L7\_L8  
 WSIFKQKAFVDGRVPEELASMGNKIVKMCQGLPLAASVLGGLLHNKEKHEWQAILDGNLLVAGEDDNGENSIKKIL  
 KLSY 1354  
 324-2\_J1\_J3\_J8  
 WSIFKQKAFVDGRVPEELASMGNKIVKMCQGLPLAASVLGGLLHNKEKHEWQAILDGNLLVAGEDDNGENSIKKIL  
 KLSY 1354  
 324-2\_J2\_J5\_J6  
 WSIFKQKAFVDGRVPEELASMGNNIVKMCQGLPLAASALGGLLHNKEKHEWQAILDGNLLVAGEDDNGENSIKKIL  
 KLSY 1354  
 487-1\_I4\_I6\_I8  
 WSIFKQKAFVDGRVPEELASMGNKIVKMCQGLPLAASALGGLLHNKEKHEWQAILDGNLLVAGEDDNGENSIKKIL  
 KLSY 1354  
 493-5\_F1\_F5\_F7  
 WSIFKQKAFVDGRVPEELASMGNNIVKMCQGLPLAASALGGLLHNKEKHEWQAILDGNLLVAGEDDNGENSIKKIL  
 KLSY 1354  
 493-7\_G2  
 WSIFKQKAFVDGRVPEELASMGNKIVKMCQGLPLAASVLGGLLHNKEKHEWQAILDGNLLVASEDDNGENSIKKIL  
 KLSY 1354  
 493-7\_G10  
 WSIFKQKAFVDGRVPEELASMGNKIVKMCQGLPLAASALGGLLHNKEKHEWQAILDGNLLVAGEDDNGENSIKKIL  
 KLSY 1354  
 493-7\_G12  
 WSIFKQKAFVDGRVPEELASMGNNIVKMCQGLPLAASALGGLLHNKEKHEWQAILDGNLLVAGEDDNGENSIKKIL  
 KLSY 1354

493-7\_G14\_G22  
 WSIFKQKAFVDGRVPEELASMGNKIVKMCQGLPLAASVLGGLLHNKEKHEWQAILDGNLLVASEDDNGENSIKKIL  
 KLSY 1354  
 493-7\_G19  
 WSIFKQKAFVDGRVPEELASMGNKIVKMCQGLPLAASVLGGLLHNKEKHEWQAILDGNLLVASEDDNGENSIKKIL  
 KLSY 1354  
 493-7\_G21  
 WSIFKQKAFVDGRVPEELASMGNTIVKMCQGLPLAASALGGLLHNKEKHEWQAILDGNLLVASEDDNGENSIKKIL  
 KLSY 1354  
 493-9\_H5\_H30  
 WSIFKQKAFVDGRVPEELASMGNKIVKMCQGLPLAASALGGLLHNKEKHEWQAILDGNLLVASEDDNGENSLKKIL  
 KLSY 1354  
 493-9\_H11\_H19\_H27  
 WSIFKQKAFVDGRVPEELASMGNNIVKMCQGLPLAASALGGLLHNKEKHEWQAILDGNLLVASEDDNGENSIKKIL  
 KLSY 1354  
 543-5\_C2  
 WSIFKQKAFVDGRVPEELASMGNKIVKMCQGLPLAASVLGGLLHNKEKHEWQAILDGNLLVASEDDNGENSIKKIL  
 KLSY 1354  
 561-2\_K4\_K14\_K22  
 WSIFKQKAFVDGRVPEELASMGNKIVKMCQGLPLAASVLGGLLHNKEKHEWQAILDGNLLVASEDDNGENSIKKIL  
 KLSY 1354  
 561-2\_K6\_K30\_K31  
 WSIFKQKAFVDGRVPEELASMGNKIVKMCQGLPLAASVLGGLLHNKEKHEWQAILDGNLLVASEDDNGENSIKKIL  
 KLSY 1354  
 849-1\_M8\_M18\_M20  
 WSIFKQKAFVDGRVPEELASMGNKIVKMCQGLPLAASALGGLLHNKEKHEWQAILDGNLLVASEDDNGENSIKKIL  
 KLSY 1354  
 852-5\_E14\_E23  
 WSIFKQKAFVDGRVPEELASMGNKIVKMCQGLPLAASVLGGLLHNKEKHEWQAILDGNLLVASEDDNGENSIKKIL  
 KLSY 1357  
 852-5\_E28  
 WSIFKQKAFVDGRVPEELASMGNKIVKMCQGLPLAASVLGGLLHNKEKHEWQAILDGNLLVASEDDNGENSIKKIL  
 KLSY 1354  
 852-5\_E30  
 WSIFKQKAFVDGRVPEELASMGNKIVKMCQGLPLAASVLGGLLHNKEKHEWQAILDGNLLVASEDDNGENSIKKIL  
 KLSY 1357  
 RH\_D3\_D4\_D7  
 WSIFKQKAFVDGRVPEELASMGNKIVKMCQGLPLAASALGGLLHNKEKHEWQAILDGNLLVTGEDDNGENSIKKIL  
 KLSY 1354  
 Rpi-chc1\_ORF  
 WSIFKQKAFVDGRVPEELASMGNKIVKMCQGLPLAASVLGGLLHNKEKHEWQAILDGNLLVASEDDNGENSIKKIL  
 KLSY 1354  
 chc1\_BAC\_B07-1C15  
 WSIFKQRAFVDGKIPEEIVRMEKRIVEMCQGLPLAASVLGGLLRSKEKHEWQAILDGNPLVAGENDNGEKSIIKIL  
 KLSY 1228  
 chc2\_BAC\_B07-1C15  
 WSIFKQRAFVDGKIPEEIVRMEKRIVEMCQGLPLAASVLGGLLLRKEKHEWQAILDGNPLVAGENDNGVKSIIKIL  
 KLSY 1228  
 chc\_RGC1\_BAC\_2D06-3D21  
 WSIFKQRAFVDGKIPEEIVSMEKRIVEMCQGLPLAASVLGGLLRSKGKHEWQAILDGNPLVAGENDNGEKSIIKIL  
 KLSY 1228  
 chc\_RGC2\_BAC\_2D06-3D21  
 WSIFKQRAFVDGKIPEEIVSMEKRIVEMCQGLLLAASVLGGLLRSKEKHEWQAILDGNPLVA-----  
 ---- 1174  
 RH122B15 c247  
 WSIFKQRAFVDGEVPEEILSVENKIVEMCQGLPLAASVLGGLFCNKEKHEWQAILDGSSLVASE-D----  
 SIKNILKLSY 1210  
 RH122B15 c88-5  
 WSIFKQKAFVDGRVPEELASMGNKIVEMCQGLPLAASVLGGLLHNKEKHEWQAILDGNPLVASEDDDKGENSIKKIL  
 TLSY 1174  
 RH137D14 c13-1  
 WSIFKQRAFVDGKIPEEIVSMEKRIVEMCQGLPLAASVLGGLLRSKEKHEWQAILDGNPLVAGENDNGEKSIIKIL  
 KLSY 1423

RH137D14 c13-2  
 WSIFKQKAFVDGRVPEELASMGNKIVKMCQGLPLAASALGGLLHNKEKHEWQAILDGNLLVTGEDDNGENSIKKIL  
 KLSY 1354  
 RH77023 c579-4  
 WSIFEQKAFVDGRVPEELASMGNKIVKMCCHGLPLAASVLGGLLHNKEKHEWQAILDGSPLVAGEDDNGENSIKKIL  
 KLSY 1231  
 RH77023 c579-5  
 WSIFKQRAFVDGEVPPEEILSVENKIVEMCQGLPLAASVLGGLFCNKEKHEWQAILDGSSSLVASE-D----  
 SIKNILKLSY 1195  
 RH77023 c671  
 WSIFKQRAFVDGEVPPEEILSVENKIVEMCQGLPLAASVLGGLFCNKEKHEWQAILDGSSSLVASE-D----  
 SIKNILKLSY 1210  
 RH77023 c706-3  
 WSIFKQRAFVDGEVPEEMVIMENRIVETCQGLPLAAGVLGGLIRNKEKHEWQAILDSNSLVAHEDDLGENSIKKIL  
 KLSY 1222  
 RH77023 c706-4  
 WSIFKQKAFVDGRVPEEFASMGNKIVKMCCEGLPLAASVLGGLLCNKEKHEWQALLDGNPLIVGEDDNGENNIKKIL  
 KLSY 1231  
 ph2 candidate  
 LSIFKQRAFVDGEVPQEIILSMEKKIVELCQGLPLAASVLGCLLCNKEKHEWQAILVAGEDDNGE-N----  
 SLKKILKLSY 403

Majority

DYLPSPHLKKCFAYFAMFPKDYMFEDQLIQLWMAEGFLRPSQEIPVMEDVGHRFFQILLQNSLLQDVVLDEHNNI  
 THCK

				490	500	510	520
530	540	550	560				

94-2031\_L4\_L7\_L8  
 DYLPSPHLKKCFAYFAMFPKDYMFEDQLIQLWMAEGFLRPSQEIPVMEDVGHRFFQILLQNSLLQDVVLDEHNNI  
 THCK 1594  
 324-2\_J1\_J3\_J8  
 DYLPSPHLKKCFAYFAMFPKDYMFEDQLIQLWMAEGFLRPSQEIPVMEDVGHRFFQILLQNSLLQDVVLDEHNNI  
 THCK 1594  
 324-2\_J2\_J5\_J6  
 DYLPSPHLKQCFAYFAMFPKDYMFEDQLIQLWMAEGFLRPSQEIPVMEDVGHRFFQILLQNSLLQDVVLDEHNNI  
 THCK 1594  
 487-1\_I4\_I6\_I8  
 DYLPSPHLKKCFAYFAMFPKDYMFEDQLIQLWMAEGFLRPSQEIPVMEDVGHRFFQILLQNSLLQDVVLDEHNNI  
 THCK 1594  
 493-5\_F1\_F5\_F7  
 DYLPSPHLKQCFAYFAMFPKDYMFEDQLIQLWMAEGFLRPSQEIPVMEDVGHRFFQILLQNSLLQDVVLDEHNNI  
 THCK 1594  
 493-7\_G2  
 DYLPSPHLKQCFAYFAMFPKDYMFEDQLIQLWMAEGFLRPSQEIPVMEDVGHRFFQILLQNSLLQDVVLDEHNNI  
 THCK 1594  
 493-7\_G10  
 DYLPSPHLKKCFAYFAMFPKDYMFEDQLIQLWMAEGFLRPSQEIPVMEDVGHRFFQILLQNSLLQDVVLDEHNNI  
 THCK 1594  
 493-7\_G12  
 DYLPSPHLKQCFAYFAMFPKDYMFEDQLIQLWMAEGFLRPSQEIPVMEDVGHRFFQILLQNSLLQDVVLDEHNNI  
 THCK 1594  
 493-7\_G14\_G22  
 DYLPSPHLKKCFAYFAMFPKDYMFEDQLIQLWMAEGFLRPSQEIPVMEDVGHRFFQILLQNSLLQDDVLDEHNNI  
 THCK 1594  
 493-7\_G19  
 DYLPSPHLKKCFAYFAMFPKDYMFEDQLIQLWMAEGFLRPSQEIPVMEDVGHRFFQILLQNSLLQDDVLDEHNNI  
 THCK 1594



493-7\_G21  
 DYLPSPHLKQCFAYFAMFPKDYMFEDQLIQLWMAEGFLRPSQEIPVMEDVGHRFFQILLQNSLLQDVVLDEHNNT  
 THCK 1594  
 493-9\_H5\_H30  
 DYLPSPHLKKCFAYFAMFPKDYMFEDQLIQLWMAEGFLRPSQEIPVMEDVGHRFFQILLQNSLLQDDVVLDEHNNT  
 THCK 1594  
 493-9\_H11\_H19\_H27  
 DYLPSPHLKQCFAYFAMFPKDYMFEDQLIQLWMAEGFLRPSQEIPVMEDVGHRFFQILLQNSLLQDVVLDEHNNT  
 THCK 1594  
 543-5\_C2  
 DYLPSPHLKKCFAYFAMFPKDYMFEDQLIQLWMAEGFLRPSQEIPVMEDVGHRFFQILLQNSLLQDVLLDEHNNT  
 THCK 1594  
 561-2\_K4\_K14\_K22  
 DYLPSPHLKKCFAYFAMFPKDYMFEDQLIQLWMAEGFLRPSQEIPVMEDVGHRFFQILLQNSLLQDVLLDEHNNT  
 THCK 1594  
 561-2\_K6\_K30\_K31  
 DYLPSPHLKKCFAYFAMFPKDYMFEDQLIQLWMAEGFLRPSQEIPVMEDVGHRFFQILLQNSLLQDDVVLDEHNNT  
 THCK 1594  
 849-1\_MB\_M18\_M20  
 DYLPSPHLKKCFAYFAMFPKDYMFEDQLIQLWMAEGFLRPSQEIPVMEDVGHRFFQILLQNSLLQDVVLDEHNT  
 THCK 1594  
 852-5\_E14\_E23  
 DYLPSPHLKKCFAYFAMFPKDYMFEDQLIQLWMAEGFLRPSQEIPVMEDVGHRFFQILLQNSLLQDVLLDEHNNT  
 THCK 1597  
 852-5\_E28  
 DYLPSPHLKKCFAYFAMFPKDYMFEDQLIQLWMAEGFLRPSQEIPVMEDVGHRFFQILLQNSLLQDVLLDEHNNT  
 THCK 1594  
 852-5\_E30  
 DYLPSPHLKKCFAYFAMFPKDYMFEDQLIQLWMAEGFLRPSQEIPVMEDVGHRFFQILLQNSLLQDVVLDEHNNT  
 THCK 1597  
 RH\_D3\_D4\_D7  
 DYLPSPHLKKCFAYFAMFPKDYMFEDQLIQLWMAEGFLRPSQEIPVMEDVGHRFFQILLQNSLLQDVVLDEHNNT  
 THCK 1594  
 Rpi-chc1\_ORF  
 DYLPSPHLKKCFAYFAMFPKDYMFEDQLIQLWMAEGFLRPSQEIPVMEDVGHRFFQILLQNSLLQDVLLDEHNNT  
 THCK 1594  
 chc1\_BAC\_B07-1C15  
 DYLPSPQLKKCFAYFAMFPKDFEFEKEQLIQLWMAEGFLHPCQETTVMEDVGHRFFQILLKNSLLQDVVELDEHNT  
 THCK 1468  
 chc2\_BAC\_B07-1C15  
 DYLPSPQLKKCFAYFAMFPKDFEFEKEQLIQLWMAEGFLHPCQEIIPVMEDVGHRFFQILLQNSLLQDVVELDEHNNT  
 THCK 1468  
 chc\_RGC1\_BAC\_2D06-3D21  
 DYLPSPQLKKCFAYFAMFPKDFEFEKEQLIQLWMAEGFLHPCQETTVMEGIGHRFFQILLQNSLLQDVVELDEHNNT  
 THCK 1468  
 chc\_RGC2\_BAC\_2D06-3D21 -----  
 DFEFEKEQLIQLWMAEGFLHPCQEIIPAMEDVGHWFFQILLQNSLLQDVVELDEQNNTTHCK 1354  
 RH122B15 c247  
 DYLPSPHLKKCFAYFAMFPKDFEFEKEQLIQLWMAEGFLRPSQEIPVMEDVGHRFFQILLQNSLLQDVVLDEHNNT  
 THCK 1450  
 RH122B15 c88-5  
 VYLPSPQLKKCFAYFAMFPKDFEFEKEQLIQLWMAEGFLHPCQETTVMEDVGHRFFQILLQNSLLQDIKLDELNT  
 THCK 1414  
 RH137D14 c13-1  
 DYLPSPYLKKCFAYFAMFPKDFEFEKEQLIQLWMAEGFLHPCQETTVMEDVGHRFFQILLKNSLLQDVVELDEHNNT  
 THCK 1663  
 RH137D14 c13-2  
 DYLPSPHLKKCFAYFAMFPKDYMFEDQLIQLWMAEGFLRPSQEIPVMEDVGHRFFQILLQNSLLQDVVLDEHNNT  
 THCK 1594  
 RH77023 c579-4  
 DYLPSPHLKKCFAYFAMLPKDLMEKAQLIQLWMAEGFLHPCQETTVMEDIGNNFFQILLRNSLLQDVVLDEHNNT  
 KYCK 1471

RH77023 c579-5  
DYLPSPHLKKCFSYFAMFPKDFKFEKDQLIQLWMAEGFLRPCQETTVMEDVGNKFFQLLQYSLLDVNLDEYNNI  
THCK 1435  
RH77023 c671  
DYLPSPHLKKCFSYFAIFPKDFEFEKDQLIQLWMAEGFLRPCQETPVMEDVGNKFFQLLQYSLLDVNLDKYNNI  
THCK 1450  
RH77023 c706-3  
VYLPSPHLKKCFAYFAMFPKDFEFEKDQLIQLWMAEGFLHPCQETIVMEDVGHKFFQILLQNSLLQDVVLDEHNVI  
THGK 1462  
RH77023 c706-4  
DYLPSPYLKKCFAYFAMFPKDFKFEKDQLIQLWMAEGFLHPCQETTVMEDIGNNFFRLLLRNSLLQDVVLDEHNVI  
KYCK 1471  
ph2 candidate  
DYLPSPHLKKCFAYFAMFPKDFEFEKDQLIQLWMAEGFLRPCQETPVMEDVGIKFFQLLFQYSLLDVVLDEYNNI  
THCK 483

## Majority

MHDLVHDLAGDILKSRLFDPKGDNGEKLQVRYFGCESPTDQIDKIYEPERLCTLFWRSNYTSKDMLLNFKFLRVL  
DLSS

610 620 630 640 570 580 590 600

```

34-2031_L4_L7_L8
MHDLVHDLAGDILKSRLFDPKGNNGEKL SQVRYFGCESPTDQIDKIYEPERLCTLFWRSNYTSKDMLLNFKFLRVL
DLSS 1834
324-2_J1_J3_J8
MHDLVHDLAGDILKSRLFDPKGNNGEKL SQVRYFGCESPTDQIDKIYEPERLCTLFWRSNYTSKDMLLNFKFLRVL
DLSS 1834
324-2_J2_J5_J6
MHDLVHDLAGDILKSRLFDPKGNNGEKL SQVRYFGCESPKDQIDKIYEPERLCTLFWRSNYTSKDMLLNFKFLRVL
DLSS 1834
487-1_I4_I6_I8
MHDLVHDLAGHILKSRLFDPKGGDGEKL SQVRYFGCESPTDQIDKICEPERLCTLFWRSNYTSEDMLLNFKFLRVL
DLSS 1834
493-5_F1_F5_F7
MHDLVHDLAGDILKSRLFDPKGNNGEKL SQVRYFGCESPKDQIDKIYEPERLCTLFWRSNYTSKDMLLNFKFLRVL
DLSS 1834
493-7_G2
MHDLVHDLAGDILKSRLFDPKGNNGEKL SQVRYFGCESPKDQIDKIYEPERLCTLFWRSNYTSKDMLLNFKFLRVL
DLSS 1834
493-7_G10
MHDLVHDLAGDILKSRLFDPKGGDGEKL SQVRYFGCESPTDQIDKIYEPERLCTLFWRSNYTSEDMLLNFKFLRVL
DLSS 1834
493-7_G12
MHDLVHDLAGDILKSRLFDPKGNNGEKL SQVRYFGCESPKDQIDKIYEPERLCTLFWRSNYTSKDMLLNFKFLRVL
DLSS 1834
493-7_G14_G22
MHDLVHDLAGDILKSRLFDPKGNNGEKL SQVRYFGCESPTDQIDKIYEPERLCTLFWRSNYTSKDMLLNFKFLRVL
DLSS 1834
493-7_G19
MHDLVHDLAGDILKSRLFDPKGNNGEKL SQVRYFGCESPTDQIDKIYEPERLCTLFWRSNYTSKDMLLNFKFLRVL
DLSS 1834
493-7_G21
MHDLVHDLAGDILKSRLFDPKGNNGEKL SQVRYFGCESPKDQIDKIYEPERLCTLFWRSNYTSKDMLLNFKFLRVL
DLSS 1834
493-9_H5_H30
MHDLVHDLAGDILKSRLFDPKGNNGFKL SQVRYFGCESPTDQIDKIYEPERLCTLFWRSNYTSKDMLLNFKFLRVL
DLSS 1834

```



493-9\_H11\_H19\_H27  
 MHDLVHDLAGDILKSRLFDPKGDNGEKLQVRYFGCESPKDQIDKIYEPERLCTLFWRSNYTSKDMLLNFKFLRVL  
 DLSS 1834  
 543-5\_C2  
 MHDLVHDLAGDILKSRLFDPKGDNGEKLQVRYFGCESPTDQIDKIYEPERLCTLFWRSNYTSKDMLLNFKFLRVL  
 DLSS 1834  
 561-2\_K4\_K14\_K22  
 MHDLVHDLAGDILKSRLFDPKGDNGEKLQVRYFGCESPTDQIDKIYEPERLCTLFWRSNYTSKDMLLNFKFLRVL  
 DLSS 1834  
 561-2\_K6\_K30\_K31  
 MHDLVHDLAGDILKSRLFDPKGDNGEKLQVRYFGCESPADQIDKIYEPERLCTLFWRSNYTSKDMLLNFKFLRVL  
 DLSS 1834  
 849-1\_M8\_M18\_M20  
 MHDLVHDLAGDILKSRLFDPKGDNGEKLQVRYFGCESPTDQIDKIYEPERLCTLFWRSNYTSKDMLLNFKFLRVL  
 DLSS 1834  
 852-5\_E14\_E23  
 MHDLVHDLAGDILKSRLFDPKGDNGEKLQVRYFGCESPTDQIDKIYEPERLCTLFWRSNYTSKDMLLNFKFLRVL  
 DLSS 1837  
 852-5\_E26  
 MHDLVHDLAGDILKSRLFDPKGDNGEKLQVRYFGCESPTDQIDKIYEPERLCTLFWRSNYTSKDMLLNFKFLRVL  
 DLSS 1834  
 852-5\_E30  
 MHDLVHDLAGDILKSRLFDPKGDNGEKLQVRYFGCESPTDQIDKIYEPERLCTLFWRSNYTSKDMLLNFKFLRVL  
 DLSS 1837  
 RH\_D3\_D4\_D7  
 MHDLVHDLAGDILKSRLFDPKGDNGEKLQVRYFGCESPTDQIDKIYEPERLCTLFWRSNYTSKDMLLNFKFLRVL  
 DLSS 1834  
 Rpi-chc1\_ORF  
 MHDLVHDLAGDILKSRLFDPKGDNGEKLQVRYFGCESPTDQIDKIYEPERLCTLFWRSNYTSKDMLLNFKFLRVL  
 DLSS 1834  
 chc1\_BAC\_B07-1C15  
 MHDLVHDLAGDILKSRLFDPKGDNGEKLQVRYFGCESPGDQIDKIYEPERLCTLFWRNNYISEDMLLSFKFLRVL  
 DLSS 1708  
 chc2\_BAC\_B07-1C15  
 MHDLVHDLAGEILKCKLFDPKGDDGEKLQVRYFGCESPMDQIGKIYAPERLCTLFWRDNYIWEDMLLSFKFLRVL  
 DLSS 1708  
 chc\_RGC1\_BAC\_2D06-3D21  
 MHDLVHDLAGDILKSRLFDPKGDNGEKLQVRYFGCESPMDQIDKIYEPERLCTLFWRNNYIWEDMLLSFKFLRVL  
 DLSS 1708  
 chc\_RGC2\_BAC\_2D06-3D21 MHDLVHDLAGDILKSRLFDPKGDNGENLSQVRYFG-----  
 ----- 1459  
 RH122B15 c247  
 MHDLVHDLAHDIFKSKLFEQKSVGGENLSQVRYFGWESPSDQIDKIYEPGRLCTLFWKS-  
 ISDDMLLSFQFLRVLNLSS 1687  
 RH122B15 c88-5  
 VHDLVHDLAGDILKSRLFDPKGDNGEKLQVRYFGCESPRNQIDKIYEPQRLCTLFWRSNYSISEDMLLSFKFLRAL  
 NLSS 1654  
 RH137D14 c13-1  
 MHDLVHDLAGDILKSRLFDPKGDNGEKLQVRYFGCESPGDQIDKIYEPERLCTLFWRNNYIWEDMLLSFKFLRVL  
 DLSS 1903  
 RH137D14 c13-2  
 MHDLVHDLAGDILKSRLFDPKGDNGEKLQVRYFGCESPTDQIDKIYEPERLCTLFWRSNYTSKDMLLNFKFLRVL  
 DLSS 1834  
 RH77023 c579-4  
 MHDLVHDLAGDIFKSKIFDSKGDNGEKLQVRYFGWESPSDQIDKIYEPGRLCTLFWRNNYISEDMLLSFKFLRVL  
 NLSS 1711  
 RH77023 c579-5  
 MHDLVHDLAGDIFKSKLFDQKSVGGENLSQVRYFGWESPSDQIDKIYEPGRLCTLFWKS-  
 ISDDMLLSFQFLRVLNLSS 1672  
 RH77023 c671  
 MHDLVHDLAGEILKSKLFDQKSVGGESLSQVRYFGWESPSDQIDKIYEPGRLCTLFWRSNHISEAMLLSFKFLRVL  
 NLSS 1690

RH77023 c706-3  
 MHDLVHDLAGDILKSKLFDPKGBDVGIEISSQVRYFGSDSPIDQIDKINEPGRLCALFSSRN-  
 IPNDVLFSSQFLRVNLNLSR 1699  
 RH77023 c706-4  
 MHDLVHDLAGDILKSKLFDKRGNDGEKLSQVRYCGWDSPSDQIGKINEPGRLCALFSSRN-  
 NLSS 1711  
 ph2 candidate  
 MHDLVHDLAGDILKSKLFDKKSVEGENLSQVRYFGWDSPSDQIDKISEPGRLCALFWESN-  
 ISDDMLLSFQFLRVNLNLSA 562

Majority				SGIKELSAKIGKLIYLRYLDS-----
NTEITALPNSICKLYNLQTFRVI-NCFSLQELPYEMRNMISLRHIY				
-----+-----+-----+-----+-----				
690	700	710	720	
-----+-----+-----+-----+-----				
94-2031_L4_L7_L8			SGIKELSAKIGKLIYLRYLDS-----	
NTEITALPNSICKLYNLQTFRVI-NCFSLQELPYEMRNMISLRHIY				2035
324-2_J1_J3_J8			SGIKELSAKIGKLIYLRYLDS-----	
NTEITALPNSICKLYNLQTFRVI-NCFSLQELPYEMRNMISLRHIY				2035
324-2_J2_J5_J6			SGIKELSAKIGKLIYLRYLDS-----	
NTEITALPNSICKLYNLQTFRVI-NCFSLQGLPYEMRNMISLRHIY				2035
487-1_I4_I6_I8			SGIKELSAKIGKLIYLRYLDS-----	
NTEITALPNSICKLYNLQTFRVI-NCFSLQGLPYEMRNMISLRHIY				2035
493-5_F1_F5_F7			SGIKELSAKIGKLIYLRYLDS-----	
NTEITALPNSICKLYNLQTFRVI-NCFSLQGLPYEMRNMISLRHIY				2035
493-7_G2			SGIKELSAKIGKLIYLRYLDS-----	
NTEITALPNSICKLYNLQTFRVI-NCFSLQGLPYEMRNMISLRHIY				2035
493-7_G10			SGIKELSAKIGKLIYLRYLDS-----	
NTEITALPNSICKLYNLQTFRVI-NCFSLQGLPYEMRNMISLRHIY				2035
493-7_G12			SGIKELSAKIGKLIYLRYLDS-----	
NTEITALPNSICKLYNLQTFRVI-NCFSLQGLPYEMRNMISLRHIY				2035
493-7_G14_G22			SGIKELSAKIGKLIYLRYLDS-----	
NTEITALPNSICKLYNLQTFRVI-NCFSLQELPYEMRNMISLRHIY				2035
493-7_G19			SGIKELSAKIGKLIYLRYLDS-----	
NTEITALPNSICKLYNLQTFRVI-NCFSLQELPYEMRNMISLRHIY				2035
493-7_G21			SGIKELSAKIGKLIYLRYLDS-----	
NTEITALPNSICKLYNLQTFRVI-NCFSLQELPYEMRNMISLRHIY				2035
493-9_H5_H30			SGIKELSAKIGKLIYLRYLDS-----	
NTEITALPNSICKLYNLQTFRVI-NCFSLQELPYEMRNMISLRHIY				2035
493-9_H11_H19_H27			SGIKELSAKIGKLIYLRYLDS-----	
NTEITALPNSICKLYNLQTFRVI-NCFSLQGLPYEMRNMISLRHIY				2035
543-5_C2			SGIKELSAKIGKLIYLRYLDS-----	
NTEITALPNSICKLYNLQTFRVI-NCFSLQELPYEMRNMISLRHIY				2035
561-2_K4_K14_K22			SGIKELSAKIGKLIYLRYLDS-----	
NTEITALPNSICKLYNLQTFRVI-NCFSLQELPYEMRNMISLRHIY				2035
561-2_K5_K30_K31			SGIKELSAKIGKLIYLRYLDS-----	
NTEITALPNSICKLYNLQTFRVI-NCFSLQELPYEMRNMISLRHIY				2035
849-1_M8_M18_M20			SGIKELSTKIGKLIYLRYLDS-----	
NTEITALPNSICKLYNLQTFRVI-NCFSLQELPYEMRNMISLRHIY				2035
852-5_E14_E23			SGIKELSAKIGKLIYLRYLDS-----	
NTEITALPNSICKLYNLQTFRVI-NCFSLQELPYEMRNMISLRHIY				2038
852-5_E28			SGIKELSAKIGKLIYLRYLDS-----	
NTEITALPNSICKLYNLQTFRVI-NCFSLQELPYEMRNMISLRHIY				2035
852-5_E30			SGIKELSTKIGKLIYLRYLDS-----	
NTEITALPNSICKLYNLQTFRVI-NCFSLQELPYEMRNMISLRHIY				2038
RH_D3_D4_D7			SGIKELSTKIGKLIYLRYLDS-----	
NTEITALPNSICKLYNLQTFRVI-NCFSLQELPYEMRNMISLRHIY				2035
Rpi-chc1_ORF			SGIKELSAKIGKLIYLRYLDS-----	
NTEITALPNSICKLYNLQTFRVI-NCFSLQELPYEMRNMISLRHIY				2035

```

chc1_BAC_B07-1C15      SGINELSTKIGNLIYLRYLDS-----
NTEITALPSSICELYNLQTFRVI-NCFSLQELPYEMRNMISLRHIY      1909
chc2_BAC_B07-1C15      SGINEVSAKIGKLIYLRYLDS-----
NTNITALPNSICELYSLQTFRVI-NCFSLKELPYEMGNMISLRHIY      1909
chc_RGC1_BAC_2D06-3D21  SGIKELSAKIGMLIYLRYLDS-----
NTKITALPNSICKLYNLQTFRVI-NCHSLKELPYEMGNMISLRHIY      1909
chc_RGC2_BAC_2D06-3D21  -----F--
LPNSICELYNLQTFRVN-DCFSLRELPEYEMGNMISLRHIY      1579
RH122B15 c247
SDIKELASASIVKLIYLRYLDSNTKMNDRYLDLSNTKMNDLPNSICKLYNLQTLRFY-
CWYPLRKLPEEMANMISLRHIC      1924
RH122B15 c88-5          SGIKELSAKIGKLIYLRYLDS-----
NTKITALPNSICKLYNLQTFRVI-NCHSLKELPYEMGNMISLRHIY      1855
RH137D14 c13-1          SGINELSAKIGNLIYLRYLDS-----
NTEITALPNSICELYNLQTFRVI-NCFSLQELPYEMRNMISLRHIY      2104
RH137D14 c13-2          SGIKELSTKIGKLIYLRYLDS-----
NTEITALPNSICELYNLQTFRVI-NCFSLQELPYEMRNMISLRHIY      2035
RH77023 c579-4          SGIKELASIGKLIYLRYLDS-----
STEITALPHSICKLYNLQTFRAN-CCYSLKEFPYEMGNMISLRHIY      1912
RH77023 c579-5
SDIKELASASIVKLIYLRYLDSNTKMNDGYLDLSNTEMNDLPNSICKLYNLQTLRFYSSWYPLRKLPEEMANMISL
RHIC      1912
RH77023 c671            SGIKELPAKIGKLIYLRYLDS-----
NTKITALPNSICKLYNLQTLRFYSIWYPLGKLPEEMANMISLRHIC      1894
RH77023 c706-3          SGIKELASIGKLVHLRYLDLS-----
YSGIKALPNSICKLYSMQTLRVS-KCFLKELPDPEEMANMISLRHVY      1900
RH77023 c706-4          SGIFGLSDKIGKLIYLRYLDS-----
STEITALPHSICKLYNLQTFRVN-YCYSLKEFPYEMGNMISLRHIY      1912
ph2 candidate            SGIKELSAKISKLIYLRYLDS-----
DTRIEDFPDSICKLYNLQTFRVN-DCSSLRKLPEEMANMISLRHIY      629

```

## Majority

YTSVDETSGHWGGWCLHNEHFQIPLNMGQLTSLQTLKFFKVGLEKGRQIEELGHLKKNLXGELTINGLQVLCDKEEA  
RTAY

```

-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
770      780      790      800      730      740      750      760
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+

```

```

94-2031_L4_L7_L8
YTSVDETSGHWGGWCLHNEHFQIPLNMGQLTSLQTLKFFKVGLEKGRQIEELGHLKKNLXGELTINGLQVLCDKEEA
QTAY      2275
324-2_J1_J3_J8
YTSVDETSGHWGGWCLHNEHFQIPLNMGQLTSLQTLKFFKVGLEKGRQIEELGHLKKNLXGELTINGLQVLCDKEEA
XTAY      2275
324-2_J2_J5_J6
YTSIDETSGHWGGWCLHNEHFQIPLNMGQLTSLQTLKFFKVGLEKGRQIEELGHLKKNLGGELTINGLQVLCDKEEA
RTAY      2275
487-1_I4_I6_I8
YTSVDKRNEHWGGWCILNERFQMSLKMRLTCLQTLKFFKIGLKKGRQIEELGHLKKNLXGELTINGLQVLCDKEEA
RTAY      2275
493-5_F1_F5_F7
YTSIDETSGHWGGWCLHNEHFQIPLNMGQLTSLQTLKFFKVGLEKGRQIEELGHLKKNLGGELTINGLQVLCDKEEA
RTAY      2275
493-7_G2
YTSIDETSGHWGGWCLHNEHFQIPLNMGQLTSLQTLKFFKVGLEKGRQIEELGHLKKNLGGELTINGLQVLCDKEEA
RTAY      2275
493-7_G10
YTSVDKRNEHWGGWCILNERFQMSLKMRLTCLQTLKFFKIGLKKGRQIEELGHLKKNLXGELTINGLQVLCDKEEA
RTAY      2275

```

493-7\_G12  
 YTSIDETSGHWGGWCLHNEHFQIPLNMGQLTSLQTLKFFKVGLEKGRQIEELGHLKNLGGELTINGLQLVCDKEEA  
 RTAY 2275  
 493-7\_G14\_G22  
 YTSVDETSBGHWGGWCLHNEHFQIPLNMGQLTSLQTLKFFKVGLEKGRQIEELGHLKNLRGELTINGLQLVCDKEEA  
 QTAY 2275  
 493-7\_G19  
 YTSVDETSBGHWGGWCLHNEHFQIPLNMGQLTSLQTLKFFKVGLEKGRQIEELGHLKNLRGELTINGLQLVCDKEEA  
 QTAY 2275  
 493-7\_G21  
 YTSVDETSBGHWGGWCLHNEHFQIPLNMGQLTSLQTLKFFKVGLEKGRQIEELGHLKNLRGELTINGLQLVCDKEEA  
 QTAY 2275  
 493-9\_H5\_H30  
 YTSVDETSBGHWGGWCLHNEHFQIPLNMGQLTSLQTLKFFKVGLEKGRQIEELGHLKNLRGELTINGLQLVCDKEEA  
 QTAY 2275  
 493-9\_H11\_H19\_H27  
 YTSIDETSGHWGGWCLHNEHFQIPLNMGQLTSLQTLKFFKVGLEKGRQIEELGHLKNLGGELTINGLQLVCDKEEA  
 RTAY 2275  
 543-5\_C2  
 YTSIDETSGHWGGWCLHNEHFQIPLNMGQLTSLQTLKFFKVGLEKGRQIEELGHLKNLGGELTINGLQLVCDKEEA  
 RTAY 2275  
 561-2\_K4\_K14\_K22  
 YTSVDETSBGHWGGWCLHNEHFQIPLNMGQLTSLQTLKFFKVGLEKGRQIEELGHLKNLRGELTINGLQLVCDKEEA  
 QTAY 2275  
 561-2\_K6\_K30\_K31  
 YTSVDETSBGHWGGWCLHNEHFQIPLNMGQLTSLQTLKFFKVGLEKGRQIEELGHLKNLRGELTINGLQLVCDKEEA  
 QTAY 2275  
 849-1\_M8\_M18\_M20  
 YTSVDKRTLHWGGWCLHNEHFQIPLNMGQLTSLQTLKFFKVGLEKGRQIEELGHLKNLRGELTINGLQLVCDKEEA  
 RTAY 2275  
 852-5\_E14\_E23  
 YTSVDETSBGHWGGWCLHNEHFQIPLNMGQLTSLQTLKFFKVGLEKGRQIEELGHLKNLRGELTINGLQLVCDKEEA  
 QTAY 2278  
 852-5\_E28  
 YTSVDETSBGHWGGWCLHNEHFQIPLNMGQLTSLQTLKFFKVGLEKGRQIEELGHLKNLRGELTINGLQLVCDKEEA  
 QTAY 2275  
 852-5\_E30  
 YTSVDETSBGHWGGWCLHNEHFQIPLNMGQLTSLQTLKFFKVGLEKGRQIEELGHLKNLRGELTINGLQLVCDKEEA  
 .TAY 2278  
 RH\_D3\_D4\_D7  
 YTSVDETSBGHWGGWCLHNEHFQIPLNMGQLTSLQTLKFFKVGLEKGRQIEELGHLKNLRGELTINGLQLVCDKEEA  
 RTAY 2275  
 Rpi-chc1\_ORF  
 YTSVDETSBGHWGGWCLHNEHFQIPLNMGQLTSLQTLKFFKVGLEKGRQIEELGHLKNLRGELTINGLQLVCDKEEA  
 QTAY 2275  
 chc1\_BAC\_B07-1C15  
 YTFVDETSBGHWGGWCLHNEHFQIPLNMGQLTSLQTLQFFKVGLEKGRQIEELGHLKNLRGELRINGLQLVCDKEEA  
 RTAY 2149  
 chc2\_BAC\_B07-1C15  
 YSSINKRNRHWGGWCLHNEHFQIPLNMGQLTSLQTLQFFKVGLEKGRQIEELGHLKNLRGELRINGLQFVCDKEEA  
 RTAY 2149  
 chc\_RGC1\_BAC\_2D06-3D21  
 YTSVDKGNQHWGGWCLHNEHFQIPLNMGQLTSLQTLQFFKVGLEKGRQIEELGHLKNLRGELRINGLQLVCDKEEA  
 RTTY 2149  
 chc\_RGC2\_BAC\_2D06-3D21  
 FTSVDKRTLHWGAWCIIHNNFQIPLNMGQLTSLQTLQFFKVGLEKGRQIEELGHLKNLRGELRFKGLQLVCDKEEA  
 RTAY 1819  
 RH122B15 c247 CYQFFE-SD-----  
 FQIPLNMGQLTSLQTLQFFKVGSEKGRRIEELGCLKNLRGELTIERLQLVGNKEEARTAY 2128  
 RH122B15 c88-5  
 YTSADETNGHLOEWCIRNEHFQIPLNMGQLTSLQTLQFFKVGAKGRQIEELGHLKNLRGELTINGLQLVGDREEA  
 RTAN 2095

RH137D14 c13-1  
 YTFVDETSCHWGEWCIRNEHFQMPLNMGQLTSLQTLQFFKVGLEKGRQIEELGHLKNLRGELRINGLQLVCDKEEA  
 RTAY 2344  
 RH137D14 c13-2  
 YTSVDETSCHWGGWCLHNEHFQIPLNMGQLTSLQTLKFFKVGLEKGRQIEELGHLKNLRGELTINGLQLVCDKEEA  
 RTAY 2275  
 RH77023 c579-4 FYSSSQ-----  
 MPLNLGQLTCLQTLQYFNVGLEKGRRIEELGCLNNLRGELSINELELVRSREDALTAY 2104  
 RH77023 c579-5 CYHFFE-SD-----  
 FQMPLNMGQLTSLQTLPPFFYVGSEKGRRIEELGCLKNLRGELTIERLQLVGNKEEARTAY 2116  
 RH77023 c671 CYHFFE-SD-----  
 SQMPLNMGQLTSLQTLQFFYVGLKKGRRIEELGCLKNLRGELTIKRLQLVGNKEEARTAY 2098  
 RH77023 c706-3 YNS-----  
 LCMDNKHFPMPFNMGKLTCLQTLQFFKVGSEKGRRIEELGHLKNLRGELTIEGLQLVCMREEARTAY  
 2110  
 RH77023 c706-4 FYSSSQ-----  
 MPLNLGQLTCLQTLQYFNVGLEKGRRIEELGRLKNLRGKLRINGLQLVRDREEARTAC 2104  
 ph2 candidate CN---G-SD-----  
 MQTPLNMGQLTSLQTLRVFYIGSEKGRRIKELGRLKNLRGKLTINHLQLVRNKEEAQTAN 694

## Majority

LHDKPNICKLAYLWSHDESEGCEINDEHVLDGLQPHPNLKTAVVDYLGTKFPSWFSSESLPNLVKLSGSKRCK  
 EIPS

```

      +-----+-----+-----+-----+
+-----+-----+-----+-----+
850      860      870      880      810      820      830      840
+-----+-----+-----+-----+

```

94-2031\_L4\_L7\_L8  
 LHDKPNICKLAYLWSHDESEGCEINDEHVLDGLQPHPNLKTAVVDYLGTKFPSWFSSESLPNLVKLSGSKRCK  
 EIPS 2515  
 324-2\_J1\_J3\_J8  
 LHDKPNICKLAYLWSHDESEGCEINDEHVLDGLQPHPNLKTAVVDYLGTKFPSWFSSESLPNLVKLSGSKRCK  
 EIPS 2515  
 324-2\_J2\_J5\_J6  
 LHDKPNICKLAYLWSHDESEGCVINDEHVLDGLQPHPNLKTAVVDYLGTKFPSWFSSESLPNLVKLSGSKRCK  
 EIPS 2515  
 487-1\_I4\_I6\_I8  
 LHDKPNICKLAYLWSHDESEGSEINDEHVLDGLQPHPNLKTAVVDYLGTKFPSWFHEESLPNLVKLSGSKRCK  
 EIPS 2515  
 493-5\_F1\_F5\_F7  
 LHDKPNICKLAYLWSHDESEGCVINDEHVLDGLQPHPNLKTAVVDYLGTKFPSWFSSESLPNLVKLSGSKRCK  
 EIPS 2515  
 493-7\_G2  
 LHDKPNICKLAYLWSHDESEGCVINDEHVLDGLQPHPNLKTAVVDYLGTKFPSWFSSESLPNLVKLSGSKRCK  
 EIPS 2515  
 493-7\_G10  
 LHDKPNIFKLAFLWSHDESEGCEINDEHVLDGLQPHPNLKTAVVDYLGTKFPSWFSSESLPNLVKLSGSKRCK  
 EIPS 2515  
 493-7\_G12  
 LHDKPNICKLAYLWSHDESEGCVINDEHVLDGLQPHPNLKTAVVDYLGTKFPSWFSSESLPNLVKLSGSKRCK  
 EIPS 2515  
 493-7\_G14\_G22  
 LHDKPNICKLAYLWSHDESEGCEINDEHVLDGLQPHPNLKTAVVDYLGTKFPSWFSSESLPNLVKLSGSKRCK  
 EIPS 2515  
 493-7\_G19  
 LHDKPNICKLAYLWSHDESEGCEINDEHVLDGLQPHPNLKTAVVDYLGTKFPSWFSSESLPNLVKLSGSKRCK  
 EIPS 2515  
 493-7\_G21  
 LHDKPNICKLAYLWSHDESEGCEINDEHVLDGLQPHPNLKTAVVDYLGTKFPSWFSSESLPNLVKLSGSKRCK  
 EIPS 2515



493-9\_H5\_H30  
 LHDKNICKLAYLWSHDESEGCEINDEHVL DGLQPHPNLKT LAVVDYLG TKFPSWFSEESLPNLVKLKLSGSKRCK  
 EIPS 2515  
 493-9\_H11\_H19\_H27  
 LHDKNICKLAYLWSHDESEGCVINDEHVL DGLQPHPNLKT LAVVDYLR TKFPSWFSEESLPNLVKLKLSGSKRCK  
 EIPS 2515  
 543-5\_C2  
 LHDKNICKLAYLWSHDESEGCEINDEHVL DGLQPHPNLKT LAVVDYLG TKFPSWFSEESLPNLVKLKLSGSKRCK  
 EIPS 2515  
 561-2\_K4\_K14\_K22  
 LHDKNICKLAYLWSHDESEGCEINDEHVL DGLQPHPNLKT LAVVDYLG TKFPSWFSEESLPNLVELKLKLSGSKRCK  
 EIPS 2515  
 561-2\_K6\_K30\_K31  
 LHDKNICKLAYLWSHDESEGCEINDEHVL DGLQPHPNLKT LAVVDYLG TKFPSWFSEESLPNLVKLKLSGSKRCK  
 EIPS 2515  
 849-1\_M8\_M18\_M20  
 LHDKNICKLAYLWSHDESEGCEINDEHVL DGLQPHPNLKT LAVVDYLG TKFPSWFSEESLPNLVKLKLSGSKRCK  
 EIPS 2515  
 852-5\_E14\_E23  
 LHDKNICKLAYLWSHDESEGCEINDEHVL DGLQPHPNLKT LAVVDYLG TKFPSWFSEESLPNLVKLKLSGSKRCK  
 EIPS 2518  
 852-5\_E28  
 LHDKNICKLAYLWSHDESEGCEINDEHVL DGLQPHPNLKT LAVVDYLG TKFPSWFSEESLPNLVKLKLSGSKRCK  
 EIPS 2515  
 852-5\_E30  
 LHDKNICKLAYLWSHDESEGCEINDEHVL DGLQPHPNLKT LAVVDYLG TKFPSWFSEESLPNLVKLKLSGSKRCK  
 EIPS 2518  
 RH\_D3\_D4\_D7  
 LHDKNICKLAYLWSHDESEGCEINDEHVL DGLQPHPNLKT LAVVDYLG TKFPSWFSEESLPNLVKLKLSGSKRCK  
 EIPS 2515  
 Rpi-chc1\_ORF  
 LHDKNICKLAYLWSHDESEGCEINDEHVL DGLQPHPNLKT LAVVDYLG TKFPSWFSEESLPNLVKLKLSGSKRCK  
 EIPS 2515  
 chc1\_BAC\_B07-1C15  
 LQEKPNICKLAYLWSHDESEGCEINDEHVL DGLQPHPNLKT LEVWNYLG TKFPSWFSEELIPNLVKLKLILSGCKRCK  
 EIPS 2389  
 chc2\_BAC\_B07-1C15  
 LQEKPNICKLAYLWSHDESEGCEINDEHVL DGLQPHPNLKT LAVGNYLG TKFPSWFSEESLPNLVKLKLIGCKRCK  
 EIPS 2389  
 chc\_RGC1\_BAC\_2D06-3D21  
 LQEKPNICKLAYLWSHDDSEGCEINDEHVL DGLQPHPNLKT LVVNYLG TKFPSWFSEESLPNLVKLKLILSGCKRCK  
 EIPS 2389  
 chc\_RGC2\_BAC\_2D06-3D21  
 LQEKPNICKLAYLWSHDESEGCEINDEHVL DGLQPHPNLKT LAVVGYLG TKFPSWFSEESLPNLVKLKLILSGCKRCK  
 EIPS 2059  
 RH122B15 c247  
 LQEKPNICKLAYLWSHDESEGCEINDEHVL DGLQPHPNLKT LEVVDYLG TKFASWFSEKMLPNLVMLRLSGCKRCK  
 EIPS 2368  
 RH122B15 c88-5  
 LQEKSNICKLAYLWSHDESEGCEINDEHVL DGLQPHPNLKT LAVVGYLG TKFPSWFSEESLPNLVKLKLILSGCKRCK  
 EIPS 2335  
 RH137D14 c13-1  
 LQEKPNICKLAYLWSHDESEGCEINDEHVL DGLQPHPNLKT LEVWNYLG TKFPSWFSEELIPNLVKLKLILSGCKRCK  
 EIPS 2584  
 RH137D14 c13-2  
 LHDKNICKLAYLWSHDESEGCEINDEHVL DGLQPHPNLKT LAVVDYLG TKFPSWFSEESLPNLVKLKLILSGCKRCK  
 EIPS 2515  
 RH77O23 c579-4  
 LQEKSNICKLAYLWSHDESEGCEINAEHVL DGLQPHPNLKT FEVVRYL GTRFPSWFSEESLPNLVKLKLILSGCKRCK  
 EIPS 2344  
 RH77O23 c579-5  
 LQEKPNICKLAYLWSHDESEGCEINDEHVL DGLQPHPNLKT LEVVDYLG TKFASWFSEKMLPNLVMLRLSGCKRCK  
 EIPS 2356

```

RH77023 c671
LQEKPNYKLVYSWSHDESEGC EINHEHVL DGLQPHPNLKTLEVV DYLGTKFASW FSEKMLPNLVMLRLRGCKRCK
EIPS 2338
RH77023 c706-3
LQEKPKIYKLVYWSHDEPEGCETSDEYVLDGLQPHPNLKT LAVVEYMGTRF PPSW FSEFLPNLVRLKLSGCKRCK
GIPS 2350
RH77023 c706-4
LREKLN IYKLA YLWSHEESEGC EINDEHVL DGLQPHPNLKT FEVKNYL GTRF PPSW FSEESLPNLVVKL KLSGCKRCK
EIPS 2344
ph2 candidate
LQEKPNYKLVYSWSHDESEGC EINDEHVL DGLQPHPNLKALSVVDYLGTKLP SWFSEELPNLVVKL KLSGCKRCK
EIPS 774

```

	Majority	LGQLKFLRHLELIGFHELECIGPAFYGVEMRNI	NSI---
IQVFP	SLKELVLED	MRS	LIEWKGDE-----VG-----V
+-----+-----+-----+			
		890	900      910      920
930	940	950	960
+-----+-----+-----+			
94-2031_L4_L7_L8		LGQLKFLRHLELVGFHELECIGPAFYGVEMRNI	NSI---
IQVFP	SLKKLVLKDM	RSLIEWKGDE-----VG-----V	2713
324-2_J1_J3_J8		LGQLKFLRHLELVGFHELECIGPAFYGVEMRNI	NSI---
IQVFP	SLKKLVLKDM	RSLIEWKGDE-----VG-----V	2713
324-2_J2_J5_J6		LGQLKFLRHLELIGFHELECIGPALYGVEIRNTGS	NSN---
IQVFP	SLKELVLED	MRS	LIEWKGDE-----VG-----V 2713
487-1_I4_I6_I8		LGQLKFLRHLELIGFHELECIGPAFYGVEMRNI	NSNI---
IQVFP	SLKELVLED	MRS	LIEWKGDE-----VG-----V 2713
493-5_F1_F5_F7		LGQLKFLRHLELIGFHELECIGPALYGVEIRNTGS	NSN---
IQVFP	SLKELVLED	MRS	LIEWKGDE-----VG-----V 2713
493-7_G2		LGQLKFLRHLELIGFHELECIGPALYGVEIRNTGS	NSN---
IQVFP	SLKELVLED	MRS	LIEWKGDE-----VG-----V 2713
493-7_G10		LGQLKFLRHLELIGFHELECIGPALYGVEIRNI	SGNSI---
IQVFP	SLKELVLED	MRS	LIEWKGDE-----VG-----V 2713
493-7_G12		LGQLKFLRHLELIGFHELECIGPALYGVEIRNTGS	NSN---
IQVFP	SLKELVLED	MRS	LIEWKGDE-----VG-----V 2713
493-7_G14_G22		LGQLKFLRHLELIGFHELECIGPAFYGVEMRNI	SGNSI---
IQVFP	SLKKLVLTDM	RSLIEWKGDE-----VG-----V	2713
493-7_G19		LGQLKFLRHLELIGFHELECIGPALYGVEIRNTGS	NSN---
IQVFP	SLKELVLED	MRS	LIEWKGDE-----VG-----V 2713
493-7_G21		LGQLKFLRHLELIGFHELECIGPAFYGVEMRNI	SGNSI---
IQVFP	SLKKLVLTDM	RSLIEWKGDE-----VG-----V	2713
493-9_H5_H30		LGQLKFLRHLELIGFHELECIGPAFYGVEMRNI	SGNSI---
IQVFP	SLKKLVLKDM	RSLIEWKGDE-----VG-----V	2713
493-9_H11_H19_H27		LGQLKFLRHLELIGFHELECIGPALYGVEIRNTGS	NSN---
IQVFP	SLKELVLED	MRS	LIEWKGDE-----VG-----V 2713
543-5_C2		LGQLKFLRHLELIGFHELECIGPALYGVEIRNTGS	NSN---
IQVFP	SLKELVLED	MHS	LIEWKGDE-----VG-----V 2713
561-2_K4_K14_K22		LGQLKFLRHLELVGFHELECIGPAFYGVEMRNI	SGNSI---
IQVFP	SLKKLVLKDM	RSLIEWKGDE-----VG-----V	2713
561-2_K6_K30_K31		LGQLKFLRHLELIGFHELECIGPAFYGVEMRNI	SGNSI---
IQVFP	SLKKLVLTDM	RSLIEWKGDE-----VG-----V	2713
849-1_M8_M18_M20		LGQLKFLRHLELIGFHELECIGPAFYGVEMRNI	SGNSI---
IQVFP	SLKELVLED	MRS	LIEWKGDE-----VG-----V 2713
852-5_E14_E23		LGQLKFLRHLELIGFHELECIGPAFYGVEMRNI	SGNSI---
IQVFP	SLKKLVLKDM	RSLIEWKGDE-----VG-----V	2716
852-5_E28		LGQLKFLRHLELIGFHELECIGPAFYGVEMRNI	SGNSI---
IQVFP	SLKKLVLKDM	RSLIEWKGDE-----VG-----V	2713
852-5_E30		LGQLKFLRHLELIGFHELECIGPAFYGVEMRNI	SGNSI---
IQVFP	SLKELVLED	MRS	LIEWKGDE-----VG-----V 2716

```

RH_D3_D4_D7          LGQLKFLRHLELIGFHELECIGPAFYGVEIRNIGSNSI---
IQVFPSLKLVLDMRSLIEWKGDE-----VG-----V          2713
Rpi-chc1_ORF          LGQLKFLRHLELIGFHELECIGPAFYGVEMRNIGSNSI---
IQVFPSLKKLVLKDMRSLIEWKGDE-----VG-----V          2713
chc1_BAC_B07-1C15     LGQLKFLRHLELVGFHELECIGPALYGVEISNIGSSSI---
IQVFPSLKLVLDMRSLIEWKGAE-----VG-----V          2587
chc2_BAC_B07-1C15     LGQLKFLRHLELVGFHELECIGPALYGVEISNIGSNSI---
VQVFPSLKLVLDMRSLIEWKGDE-----VG-----V          2587
chc_RGC1_BAC_2D06-3D21 LGQLKFLRHLELIGFHELECIGPALYGVEISNIGSNSI---
IQVFPSLKLVLDMRSLIEWKGDE-----VG-----V          2587
chc_RGC2_BAC_2D06-3D21 LGQLKFLRHLELVGFHELECIGPALYGVEISNIGSSSI---
IQVFPSLKLVLDMRSLIEWKGDE-----VG-----V          2257
RH122B15 c247          LGQLKSLRHLQLIGFLELECIGPTFYGVDVNNNGSSSN---
IQVFPSLKELELNNMSSLIIEWKGDE-----VG-----V          2566
RH122B15 c88-5          LGQLKLLRHLELSKLHKVECIGPKFYG---KNIGSNSN---
IQVFPSLKLVLKSMSSLIIEWKGDE-----VG-----V          2524
RH137D14 c13-1          LGQLKFLRHLELVGFHELECIGPALYGVEISNIGSSSI---
IQVFPSLKLVLKDMSSLIIEWKGAE-----VG-----V          2782
RH137D14 c13-2          LGQLKFLRHLELIGFHELECIGPAFYGVEIRNIGSNSI---
IQVFPSLKLVLDMRSLIEWKGDE-----VG-----V          2713
RH77023 c579-4          LGQLKFLQHLVLGVFHKLECIGTTFYGIENVNMGSSSNNAIIQVFLSLKELVLENMRSLIEWKGVE-----
LIPTTSGV          2566
RH77023 c579-5          LGQLKSLRHLQLIGFLELECIGPTFYGVDVNNNGSSSN---
IQVFPSLKELELNNMSSLIIEWKGDE-----VG-----V          2554
RH77023 c671          LGQLKSLRHLELIGFLELECIGPTFYGVDVNNNGSSSN---
IQVFPSLKELELNNMSSLIIEWKGDE-----VG-----V          2536
RH77023 c706-3          LGQLKFLQHLVLGVFHKVEYIEPTFYGNDNGSSSRNNTN---
IQVFPLLLKELLLDMPSLTEWKEVQLLPKGNVGRDRLGV          2581
RH77023 c706-4          LGQLKFLRHLELVGFHKVECIGTIFYGIENVNKGSSSNNGNIQVFPLLKELVLEDMHSIIEWKGVE-----
LIPTN-GV          2563
ph2 candidate          LGQLKFLRHLELVGFHELCIGPALYGVEISNIGSSSI---
IQVFPSLKLVLDMRSLIEWKGDE-----VG-----V          840

```

## Majority

```

RMSPGLEKLRITDCPLLKSIPNQFEILRELEIRGVDSEMPLLNLCSNLTSLVKLSVYDMKELTCLPDEMLRNNVSL
QQIT
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
1010      1020      1030      1040      970      980      990      1000
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
94-2031_L4_L7_L8
RMSPGLEKLRITDCPLLKSIPNQFEILRQLKITGVDSEMPLLNLCNLTSLVKLRVYDMKELTCLPDEMLRNNVSL
QQII          2953
324-2_J1_J3_J8
RMSPGLEKLRITDCPLLKSIPNQFEILRQLKITGVDSEMPLLNLCNLTSLVKLRVYDMKELTCLPDEMLRNNVSL
QQII          2953
324-2_J2_J5_J6
RMSPGLEKLRITDCPLLKSIPNQFEILCELEIRGVDSEMPLLNLCSNLTSLVKLSVYDMNELTCLPDEILRNNVSL
QQIT          2953
487-1_I4_I6_I8
RMSPGLEKLRITDCPLLKSIPNQFEILREIIRGVDSEMPLLNLCSNLTSLVNLSVYDMKELTCLPDEILRNNISL
QQIT          2953
493-5_F1_F5_F7
RMSPGLEKLRITDCPLLKSIPNQFEILCELEIRGVDSEMPLLNLCSNLTSLVKLSVYDMNELTCLPDEILRNNVSL
QQIT          2953
493-7_G2
RMSPGLEKLRITDCPLLKSIPNQFEILCELEIRGVDSEMPLLNLCSNLTSLVKLSVYDMNELTCLPDEILRNNVSL
QQIT          2953

```



493-7\_G10  
 RMFPRLEKLRIIMECPLLKSTPSQFESLRELDIVTVDSEMPLLNLCSNLTSVLVSVFAVKELTCLPDEMLRNNVSL  
 QQIT 2953  
 493-7\_G12  
 RMSPGLEKLRLITDCPLLKSIPNQFEILCELEIRGVDSEMPLLNLCSNLTSVLKLSVYDMNELTCLPDEILRNNVSL  
 QQIT 2953  
 493-7\_G14\_G22  
 RMSPGLEKLRLITDCPLLKSIPNQFEILRQLDIRGVDSEIPLWNLCNLTSVLKLSVYDMKELTCLPDEMLRNNVSL  
 QQIM 2953  
 493-7\_G19  
 RMSTGLEKLRLITDCPLLKSIPNQFEILCELEIRGVDSEMPLLNLCSNLTSVLKLSVYDMNELTCLPDEILRNNVSL  
 QQIT 2953  
 493-7\_G21  
 RMSPGLEKLRLITDCPLLKSIPNQFEILRQLDIRGVDSEIPLNLCSNLTSVLKLSVYDMKELTCLPDEMLRNNVSL  
 QQIM 2953  
 493-9\_H5\_H30  
 RMSPGLEKLRLITDCPLLKSIPNQFEILRQLDIRGVDSEMPLLNLCSNLTSVLKLSVYDMKELTCLPDEMLRNNVSL  
 QQII 2953  
 493-9\_H11\_H19\_H27  
 RMSPGLEKLRLITDCPLLKSIPNQFEILCELEIRGVDSEMPLLNLCSNLTSVLKLSVYDMNELTCLPDEILRNNVSL  
 QQIT 2953  
 543-5\_C2  
 RMSPGLEKLRLITDCPLLKSIPNQFEILRELEIRGVDSEMPLLNLCSNLTSVLKLSVYDMNELTCLPDEILRNNVSL  
 QQIT 2953  
 561-2\_K4\_K14\_K22  
 RMSPGLEKLRLITDCPLLKSIPNQFEILRQLKITGVDSEMPLLNLCSNLTSVLKLRVYDMKELTCLPDEMLRNNVSL  
 QQII 2953  
 561-2\_K6\_K30\_K31  
 RMSPGLEKLRLITDCPLLKSIPNQFEILRQLDIRGVDSEIPLNLCSNLTSVLKLSVYDMKELTCLPDEMLRNNVSL  
 QQIM 2953  
 849-1\_M8\_M18\_M20  
 RMSPGLEKLRLITDCPLLKSIPNQFEILRELEIRGVDSEMPLLNLCSNLTSVLNLSVYDMKELTCLPDEILCNNISL  
 QQIT 2953  
 852-5\_E14\_E23  
 RMSPGLEKLRLITDCPLLKSIPNQFEILRQLKITGVDSEMPLLNLCSNLTSVLKLRVYDMKELTCLPDEMLRNNVSL  
 QQII 2956  
 852-5\_E28  
 RMSPGLEKLRLITDCPLLKSIPNQFEILRQLKITGVDSEMPLLNLCSNLTSVLKLRVYDMKELTCLPDEMLRNNVSL  
 QQII 2953  
 852-5\_E30  
 RMSPGLEKLRLITDCPLLKSIPNQFEILRELEIRGVDSEMPLLNLCSNLTSVLNLSVYDMKELTCLPDEILRNNISL  
 QQIT 2956  
 RH\_D3\_D4\_D7  
 RMSPGLEKLRLITDCPLLKSIPNQFEILRELEIRGVDSEMPLLNLCSNLTSVLNLSVYDMKELTCLPDEILRNNISL  
 QQIT 2953  
 Rpi-chc1\_ORF  
 RMSPGLEKLRLITDCPLLKSIPNQFEILRQLKITGVDSEMPLLNLCSNLTSVLKLRVYDMKELTCLPDEMLRNNVSL  
 QQII 2953  
 chc1\_BAC\_B07-1C15  
 RMSPGLEKLRLITDCPLLKSIPNQFEILRELRIEGVDSEMPLLNLCSNLTSVLHLSVSNVKELTCLPDEMLRSNVSL  
 QHLS 2827  
 chc2\_BAC\_B07-1C15  
 RMSPGLEKLRLITDCPLLKSIPNQFEILRDLEIRGVDSEMPLLNLCSNLTSVLSDVCNVKELTFLPDEMLRNNVSL  
 QHLS 2827  
 chc\_RGC1\_BAC\_2D06-3D21  
 RMSAGLEKLRLITDCPLLKSIPNQFEILRDLEITGVDSEMPLLNLCSNLTSVLVLEVCKVKELTCLPDEMLRNNVSL  
 QQIL 2827  
 chc\_RGC2\_BAC\_2D06-3D21  
 RMSPGLEKLRLITDCPLLKSIPNQFEILRELEITGVDSEMPFNLCNLTSVLNLSVCNVKELTCLPDEMLRNNVSL  
 QYLS 2497  
 RH122B15 c247  
 RMFPRLEKLRTISNCPLLKSTPNQFEILSELVIARVDSEMPLLNLCSNLPSLVELGVYDIKELTCLPDEMLRNNVSL  
 QRLM 2806

RH122B15 c88-5  
 RMFPRLEKLTITECPLLKSTPSQFEILRELEIVVDSEMPLLNLCSNLTSVLVELRVSDMKELTCLPDEILRNNVSL  
 QHLS 2764  
 RH137D14 c13-1  
 RMSPGLEKLRITNCPLLKSIPNQFEILRELSIEGVDSEMPLLNLCSNLTSVLFLAVSTVKELTCLPDEMLRSNVSL  
 QRLS 3022  
 RH137D14 c13-2  
 RMSPGLEKLRITDCPLLKSIPNQFEILRELEIRGVDSEMPLLNLCSNLTSVLNLSVYDMKELTCLPDEILRNNISL  
 QQIT 2953  
 RH77023 c579-4  
 KMFPVLEKLRIRYCPLLKSTPKQLEILRELSIERVDSEMPLLNLCSNLTSLVKFSVSFVKELTCFPDEMLRSNVSL  
 QHLS 2806  
 RH77023 c579-5  
 RMFPRLEKLTISNCPLLKSTPNQFEILRELEIVMVDSEMPLLNLCSNLTSVLGSLVHDIKELTCFPDEMLRNKVSL  
 QNLV 2794  
 RH77023 c671  
 RMFPRLEKLTIRNCPLLKSTPNQFEILSELVIVRVVDSEMPLLNLCSNLPSLVELEVDDMKELTCLPDEMLRNNVSL  
 QHIS 2776  
 RH77023 c706-3  
 RMFPVLKKLTIRNCPLLKSTPNQFEILRELSIEGVDSEIPLNLCSNLTSVMLIIRDVKQLTCLTDEILRNNFSL  
 QHLL 2821  
 RH77023 c706-4  
 RMFPGLEKLRISNCPLLKSIPNQFEILRELEIRVVDSEMPLLNLFNNTLSLELRVYDVKELTCLPDEMLRNLSL  
 QHLS 2803  
 ph2 candidate  
 RMFLRLEKLRISNCPLLKSTPSQFEILHELIIEGVDSEMPLLNLCSNLISLVKLDVDNVKELTCLSDVMLRNNVSL  
 QYIS 920

## Majority

IFNCGEFRELPQSLYNLHSLKRLDIYNCTNFSSLPVPGDNYLTSLQFFFLYNCNGLISIPIGMLDQCRSLEFLHV  
 SCCN

```

      +-----+-----+-----+-----+-----+
+-----+-----+-----+-----+
1090      1100      1110      1120      1050      1060      1070      1080
      +-----+-----+-----+-----+
94-2031_L4_L7_L8
IFNCGEFRELPQSLYNLHSLRRLDIYNCTNFSSLPVPGGNYLTSLLEFFCLYNCNGLISIPIGMLDQCR-
LVFLNVSCCN 3190
324-2_J1_J3_J8
IFNCGEFRELPQSLYNLHSLRRLDIYNCTNFSSLPVPGGNYLTSLLEFFCLYNCNGLISIPIGMLDQCR-
LVFLNVSCCN 3190
324-2_J2_J5_J6
IFNCGEFRELPQSLYNLHSLKRLDIYNCTNFSSLPVPGDNYLTSLLEFFFLYNCNGLISIPIGMLDQCRSLEFLHV
SCCN 3193
487-1_I4_I6_I8
IFNCGEFRELPQSLYNLHSLYRLDIYNCTNFSSLPVPGDNYLTSLIFFFLHNCNGLISIPIGMLDQCRSLEYLHV
SCCN 3193
493-5_F1_F5_F7
IFNCGEFRELPQSLYNLHSLKRLDIYNCTNFSSLPVPGDNYLTSLLEFFFLYNCNGLISIPIGMLDQCRSLEFLHV
SCCN 3193
493-7_G2
IFNCGEFRELPQSLYNLHSLKRLDIYNCTNFSSLPVPGDNYLTSLLEFFFLYNCNGLISIPIGMLDQCRSLEFLHV
SCCN 3193
493-7_G10
IFNCGEFRELPQSLYNLHSLRKLGIYNCTNFSSLPVPGDNYLTSLQFFFLYNCNGLISIPIGMLDQCRSLEFLNV
SCCN 3193
493-7_G12
IFNCGEFRELPQSLYNLHSLKRLDIYNCTNFSSLPVPGDNYLTSLLEFFFLYNCNGLISIPIGMLDQCRSLEFLHV
SCCN 3193

```

493-7\_G14\_G22  
 IFDCGEFREL PQSLYNLHFLKRLDIYNTNFSSLPVPGDNYLTSLQFFQLYNCDGLISLPIGMLDQCRSLECLSV  
 SCCN 3193  
 493-7\_G19  
 IFNCGEFREL PQSLYNLHSLKRLDIYNTNFSSLPVPGDNYLTSLQFFFLYN CNGLISIPIGMLDQCRSLEFLHV  
 SCCN 3193  
 493-7\_G21  
 IFDCGEFREL PQSLYNLHFLKRLDIYNTNFSSLPVPGDNYLTSLQFFQLYNCDGLISLPIGMLDQCRSLECLSV  
 SCCN 3193  
 493-9\_H5\_H30  
 IFNCGEFREL PQSLYNLHSLRRLDIYNTNFSSLPVPGDNYLTSLQFFFLYN CNGLISIPIGMLDQCR-  
 LVFLNVSCCN 3190  
 493-9\_H11\_H19\_H27  
 IFNCGEFREL PQSLYNLHSLKRLDIYNTNFSSLPVPGDNYLTSLQFFFLYN CNGLISIPIGMLDQCRSLEFLHV  
 SCCN 3193  
 543-5\_C2  
 IFNCGEFREL PQSLYNLHSLKRLDIYNTNFSSLPVPGDNYLTSLQFFFLYN CNGLISIPIGMLDQCRSLEFLHV  
 SCCN 3193  
 561-2\_K4\_K14\_K22  
 IFNCGEFREL PQSLYNLHSLRRLDIYNTNFSSLPVPGDNYLTSLQFFFLYN CNGLISIPIGMLDQCR-  
 LVFLNVSCCN 3190  
 561-2\_K6\_K30\_K31  
 IFDCGEFREL PQSLYNLHFLKRLDIYNTNFSSLPVPGDNYLTSLQFFQLYNCDGLISLPIGMLDQCRSLECLSV  
 SCCN 3193  
 B49-1\_M8\_M18\_M20  
 IFECGEFREL PQSLYNLHSLYRLDIYNTNFSSLPVPGDNYLTSLIFFFLHNCNGLISIPIGMLDQCRSLEYLHV  
 SCCN 3193  
 B52-5\_E14\_E23  
 IFNCGEFREL PQSLYNLHSLRRLDIYNTNFSSLPVPGDNYLTSLQFFFLHNCNGLISIPVGMMLDQCR-  
 LVFLNVSCCN 3193  
 B52-5\_E28  
 IFNCGEFREL PQSLYNLHSLRRLDIYNTNFSSLPVPGDNYLTSLQFFFLHNCNGLISIPVGMMLDQCR-  
 LVFLNVSCCN 3190  
 B52-5\_E30  
 IFECGEFREL PQSLYNLHSLYRLDIYNTNFSSLPVPGDNYLTSLIFFFLHNCNGLISIPIGMLDQCRSLEYLHV  
 SCCN 3196  
 RH\_D3\_D4\_D7  
 IFECGEFREL PQSLYNLHSLYRLDIYNTNFSSLPVPGDNYLTSLIFFFLHNCNGLISIPIGMLDQCRSLEYLHV  
 SCCN 3193  
 Rpi-chc1\_ORF  
 IFNCGEFREL PQSLYNLHSLRRLDIYNTNFSSLPVPGDNYLTSLQFFFLHNCNGLISIPIGMLDQCR-  
 LVFLNVSCCN 3190  
 chc1\_BAC\_B07-1C15  
 VFECGEFREL PQSLYNLHSLKRLVIACCTNFSSLPVPSGDNYLTSLQLQLMNCNCDGLISLPIGMLDQCRSLKFLSV  
 RCCN 3067  
 chc2\_BAC\_B07-1C15  
 VFHCGEFREL PQSLYNLHSLKILVIHNTSFSSLPVPGDNYLTSLQLQLYNCDGLISLPIGMLDQCRSLDFFSV  
 RCCN 3067  
 chc\_RGC1\_BAC\_2D06-3D21  
 IFGCGKFEFREL PQSLYNLHSLRILEITICCTNFSSLPVPCGDNYLTSLQIFQLTDCDGLISLPIGMLDQCRSLELLNV  
 ICCD 3067  
 chc\_RGC2\_BAC\_2D06-3D21  
 VTDCEEFEFREL PQSLYNLHSLKRLRIHSCTNFSSLPVPGDNYLTSLQLMLCNCNCDGLISLPIGMLDQCRSLEILSV  
 SCCD 2737  
 RH122B15 c247 VSGCGEFREL PQSVYNLHSLKRLTIERCTNFSSFPVPSSEENYLTSLQDLR.  
 2959  
 RH122B15 c88-5  
 VFDCEEFEFREL PQSLYNLHSLKRLTRISNCANFSSFPVPSGENYLTSLQSLQLPDCDGLTSLPSGVLEHCRSLESLSV  
 IYCN 3004  
 RH137D14 c13-1  
 VFNCGEFREL PQSLYNLHSLRLVIAGCFNFSSLPVPSGDNNLPSLKLLQLMNCNCDGLISLPIGMLDQCRSLKVLTV  
 RCCN 3262

RH137D14 c13-2  
 IFECGEFRELPOSLYNLHSLYRLDIYNCTNFSSLPVPGDNYLTSLIFFFLHNCNGLISIPIGMLDQCRSLEYLHV  
 SCCN 3193  
 RH77023 c579-4  
 VYNCREFRELPOSLYNLHSLKSLMIEYCTNFSSFPVPSGENYLTSLQNLQLWSCGGLASLPSCMLEKCRSLQNLRV  
 NYCN 3046  
 RH77023 c579-5  
 VSGCGEFHELPOSLYNLHSLKTLKITRCANFNSFPVPSGENYLTSLQHLQLRDCGLSSLPSCMLEHCRSLETLSV  
 SCCD 3034  
 RH77023 c671  
 VSDCREFHELPOSLYNLHSLKRLTIDNCTNFSSFPVSEENYLTSLQELRLDDCDGLSSLPSCMLEHCRSLETLSV  
 SCCD 3016  
 RH77023 c706-3  
 VLNCGEFRELPOSLYNLRSLSLSIGDCTNFSSIPVSRGENHLTSLKLRLYNCDGLTSLSSGLEHCRSLESLSV  
 NKN 3061  
 RH77023 c706-4  
 VSYCGEFRELPOSLYNLHSLKSLRIDNCTNFNFFPVPGENYLTSLQSELCYCDGLTSLPSGELLEHCRSLESLSV  
 HNCN 3043  
 ph2 candidate  
 VVDCGEFREFPQSLYNLHSLSLRIQHCPNFSSFIVPCGENYLTSLQNFELQGCNGLTSLPSGMLEQCRSLKNLSV  
 SWCD 1000

Majority  
 NLVSFPLHVWEMPSLSYLDISECPKLISVPKVLHHLTGLRLGIGPFSEMVDFAQLIFNGIQQLSLRDLEVY  
 GRGH  
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 1170 1180 1190 1200 1130 1140 1150 1160  
 +-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
 94-2031\_L4\_L7\_L8  
 NLVSFPLHVWEMPSLSYLVISECPKLISVPKVLHHLTGLVRLGIGPFSEMVDFAQLIFNGIQQLSLRDLEVY  
 GRGH 3430  
 324-2\_J1\_J3\_J8  
 NLVSFPLHVWEMPSLSYLVISECPKLISVPKVLHHLTGLVRLGIGPFSEMVDFAQLIFNGIQQLSLRDLEVY  
 GRGH 3430  
 324-2\_J2\_J5\_J6  
 NLVSFPLHVWEMPSFSFLDIRECPKLISVPKVLHHLTGLLSLGIGPFSEMVDFAQLIFNGIQQLSLRDLEVY  
 GRGH 3433  
 487-1\_I4\_I6\_I8  
 NLVSFPLHVWEIPSFVLEITECPKLISVPEVGLHHLTGLRLGIGPFSEMVDFAQLIFNGIQQLSLRDLEVY  
 GRGH 3433  
 493-5\_F1\_F5\_F7  
 NLVSFPLHVWEMPSFSFLDIRECPKLISVPKVLHHLTGLLSLGIGPFSEMVDFAQLIFNGIQQLSLRDLEVY  
 GRGH 3433  
 493-7\_G2  
 NLVSFPLHVWEMPSFSFLDIRECPKLISVPKVLHHLTGLLSLGIGPFSEMVDFAQLIFNGIQQLSLRDLEVY  
 GRGH 3433  
 493-7\_G10  
 NLVSFPLRVWEMPSLLFLDITECPKLISVPKVLHHLTGLRLGIGPFSEKMDFAQLIFNGIQQLSLRDLEVY  
 GRGH 3433  
 493-7\_G12  
 NLVSFPLHVWEMPSFSFLDIRECPKLISVPKVLHHLTGLLSLGIGPFSEMVDFAQLIFNGIQQLSLRDLEVY  
 GRGH 3433  
 493-7\_G14\_G22  
 NLVSFPLHVWEMPSLSYLVISECPKLISVPEVGLHHLTGLRLGIGPFSEMVDFAQLIFNGIQQLSLRDLEVY  
 GHGH 3433  
 493-7\_G19  
 NLVSFPLHVWEMPSFSFLDIRECPKLISVPKVLHHLTGLLSLGIGPFSEMVDFAQLIFNGIQQLSLRDLEVY  
 GRGH 3433

493-7\_G21  
 NLVSFPLHVWEMPSLSYLVISECPKLISVPKVLHRLTGLLRIGIGPFSEMVDFAFQLIFNGIQQLLSLDLEVY  
 GHGH 3433  
 493-9\_H5\_H30  
 NLVSFPLHVWEMPSFSVLNIKECPKLISVPKVLHRLTGLVRLGIGPFSEMVDFAFQLIFNGIQQLS-  
 LRDLEVYGRGH 3427  
 493-9\_H11\_H19\_H27  
 NLVSFPLHVWEMPSFLDIRECPKLISVPKVLHRLTGLLSLIGIGPFSEMVDFAFQLIFNGIQQLSLRDLEVY  
 GRGH 3433  
 543-5\_C2  
 NLVSFPLHVWEMPSFSFLDIRECPKLISVPKVLHRLTGLLSLAIGPFSEMVDFAFQLIFNGIQQLSLRDLEVY  
 GRGH 3433  
 561-2\_K4\_K14\_K22  
 NLVSFPVHVWEMPSLSYLVISECPKLISVPKVLHRLTGLVRLGIGPFSEMVDFAFQLIFNGIQQLSLRDLEVY  
 GRGH 3430  
 561-2\_K6\_K30\_K31  
 NLVSFPLHVWEMPSLSYLVISECPKLISVPKVLHRLTGLLRIGIGPFSEMVDFAFQLIFNGIQQLLSLDLEVY  
 GHGH 3433  
 849-1\_M8\_M18\_M20  
 NLVSFPLHVWEIPFSVLEITECPKLISVPKVLHRLTGLLRIGIGPFSEMVDFAFQLIFNGIQQLSLRDLEVY  
 GRGH 3433  
 852-5\_E14\_E23  
 NLVSFPVHVWEMPSLSYLVISECPKLISVPKVLHRLTGLVRLGIGPFSEMVDFAFQLIFNGIQQLSLRDLEVY  
 GRGH 3433  
 852-5\_E28  
 NLVSFPVHVWEMPSLSYLVISECPKLISVPKVLHRLTGLVRLGIGPFSEMVDFAFQLIFNGIQQLSLRDLEVY  
 GRGH 3430  
 852-5\_E30  
 NLVSFPLHVWDIPFSVLEITECPKLISVPKVLHRLTGLLRIGIGPFSEMVDFAFQLIFNGIQQLSLRDLEVY  
 GRGH 3436  
 RH\_D3\_D4\_D7  
 NLVSFPLHVWEIPFSVLEITECPKLISVPKVLHRLTGLLRIGIGPFSEMVDFAFQLIFNGIQQLSLRDLEVY  
 GRGH 3433  
 Rpi-chc1\_ORF  
 NLVSFPVHVWEMPSLSYLLISECPKLISVPKVLHRLTGLVRLGIGPFSEMVDFAFQLIFNGIQQLSLRDLEVY  
 GRGH 3430  
 chc1\_BAC\_B07-1C15  
 NLVSFPLHVWEMHSLHLHCISLCPKLISVPKVLHRLTGLWGLEIGPFSEMVDFAFQLIFNGIQQLSLRALTVY  
 GHGH 3307  
 chc2\_BAC\_B07-1C15  
 NFVSFPLHVWEMPSLSYFDISQCPKLISVPKVLHRLTGLWYLGIGPFSEMVDFAFQLIFNGIQQLSLRDLEVY  
 GRGH 3307  
 chc\_RGC1\_BAC\_2D06-3D21  
 NLVSLPLHVWEMPSLSRLNISQCPKLISVPKVLHRLTGLWGLEIGPFSEMVL-----LS-  
 LCDLAVYGRGH 3262  
 chc\_RGC2\_BAC\_2D06-3D21  
 NLVSFPLHVWEMPSLLYLEISRCPKLISVPKVLHRLTGLWKLEIGPFSEMVDFAFQLIFNGIQQLSLRDLEVY  
 GRGH 2977  
 RH122B15 c247  
 2959  
 RH122B15 c88-5  
 NLLSLPLHVWEMPSLSYLGSGCPKLISVPSGLHRLTGLRALGIGPFSEMVDFAFQLIFNGIQQLSLHNVGVT  
 GRGH 3244  
 RH137D14 c13-1  
 NLVSFPLHVWEMHSLHLHCISLCPKLISVPKVLHRLTGLWGLEIGPFSEMVDFAFQLIFNGIQQLSLRDLEVY  
 GHGH 3502  
 RH137D14 c13-2  
 NLVSFPLHVWEIPFSVLEITECPKLISVPKVLHRLTGLLRIGIGPFSEMVDFAFQLIFNGIQQLSLRDLEVY  
 GRGH 3433  
 RH77O23 c579-4  
 NLVSFPLHVGDMPSSLSYLSIAHCPKLDSPKGLHRLTRLRELEIGPVSMDMVDFAFQLIFNGIQQLSLRTLTVF  
 GHLH 3286

RH77023 c579-5  
 NLVSFPLHVGEPSLSYLNISRCPKLISLPSGGIDHLTELSELKIGPFSEMVDFAFQLIFNGIQQLSLRRTLTVY  
 GHGH 3274  
 RH77023 c671  
 NLVSFPLHVGEPSLSYLYISQCPKLISLPSGGIHHLTELSELEIGPFSEMVDFAFQLIFNGIQQLSLRRTLWVY  
 GHGH 3256  
 RH77023 c706-3  
 NLVSLPLHVWGMPSLSYLNISKCPKLESVPAGSLHRLTGLRRTLHTGPFSELVDFAFQLIFNGIQQLSSLCVLWVY  
 GHGH 3301  
 RH77023 c706-4  
 NLVSFPLHVCGMPSSLSYLGLSQCPKLISVPSGGLHHLTRLRESHIGPFSEMVDFAFQLMFNGIHLSSSLRTELVW  
 GHLH 3283  
 ph2 candidate  
 NLVSFPLHECEMPSSLWLDISQCPKLISVSTGCLHRLTGLIVLGIGPFSEKVDFAFQLIFSGVQQLFSLRSLWVY  
 GHLH 1080

Majority

WDSLPHYQLMQLSDLREITTIADFGIEALPRLDNLTSLSLTLVRCKRLQHLNFSAMPKRLRLWISDCPLLEALSD  
 GLGN

				1210	1220	1230	1240
1250	1260	1270	1280				

94-2031\_L4\_L7\_L8  
 WDSLPHYQLMQLSDLREITTIADFGIEALPRLDNLTSLSLTLVRCKRLQHLNFSAMPKRLRLWIRDCPLLEALSD  
 GLGN 3670  
 324-2\_J1\_J3\_J8  
 WDSLPHYQLMQLSDLREITTIADFGIEALPRLDNLTSLSLTLVRCKRLQHLNFSAMPKRLRLWIRDCPLLEALSD  
 GLGN 3670  
 324-2\_J2\_J5\_J6  
 WDSLPHYQLMQLSDLREITTIADFGIEALPRLDNLTSLSLTLDRCKRLQHLNFSAMPKRLRLWISDCPLVEALSD  
 GLGN 3673  
 487-1\_I4\_I6\_I8  
 WDSLPHYQLMQLSNLRKITTIADFGIEALPRLDNLTSLSLTLERCKRLQHLNFSAMPKRLRLWISDCPLLEALSD  
 GLGN 3673  
 493-5\_F1\_F5\_F7  
 WDSLPHYQLMQLSNLREITTIADFGIEALPRLDNLTSLSLTLDRCKRLQHLNFSAMPKRLRLWISDCPLVEALSD  
 GLGN 3673  
 493-7\_G2  
 WDSLPHYQLMQLSNLREITTIADFGIEALPRLDNLTSLSLTLDRCKRLQHLNFSAMPKRLRLWISDCPLVEALSD  
 GLGN 3673  
 493-7\_G10  
 WDSLPHYQIMQLSDLREITTIADFGIEALPRLDNLTSLSLTLVRCKRLQHLNFSAMPKRLRLWIRDFPLLEALSD  
 GLGN 3673  
 493-7\_G12  
 WDSLPHYQLMQLSNLREITTIADFGIEALPRLDNLTSLSLTLDRCKRLQHLNFSAMPKRLRLWISDCPLVEALSD  
 GLGN 3673  
 493-7\_G14\_G22  
 WDSLPHYQLMQLSDLREIQIADFGIEALPRLDNLTSLSLTLVRCKRLQHLNFSAMPKRLRLWIRDCPLLEALSD  
 DLGN 3673  
 493-7\_G19  
 WDSLPHYQLMQLSNLREITTIADFGIEALPRLDNLTSLSLTLDRCKRLQHLNFSAMPKRLRLWISDCPLVEALSD  
 GLGN 3673  
 493-7\_G21  
 WDSLPHYQLMQLSDLREIQIADFGIEALPRLDNLTSLSLTLVRCKRLQHLNFSAMPKRLRLWIRDCPLLEALSD  
 DLGN 3673  
 493-9\_H5\_H30  
 WDSLPHYQLMQLSDLREITTIADFGIEALPRLDNLTSLSLTLVRCKRLQHLNFSAMPKRLRLWIRDCPLLEALSD  
 GLGN 3667



493-9\_H11\_H19\_H27  
 WDSLPHYQLMQLSNLREITTIADFGIEALPPRLDNLTSLLESITLDRCKRLQHLNFS DAMPKRLRLWISDCPLVEALSD  
 GLGN 3673  
 543-5\_C2  
 WDSLPHYQLMQLSNLREITTIADFGIEALPPRLDNLTSLLESITLERCKRLQHLNFS DAMPKRLRLWISDCPLVEALSD  
 GLGN 3673  
 561-2\_K4\_K14\_K22  
 WDSLPHYQLMQLSDLREITTIADFGIEALPPTLDNLTSLLESITLVRCKQLQHLNFS DAMPKRLRLWIRDCPLLEALSD  
 GLGN 3670  
 561-2\_K6\_K30\_K31  
 WDSLPHYQLMQLSDLREITTIADFGIEALPPRLDNLTSLLESITLVRCKRLQHLNFS DAMPKRLRLWIRDCPLLEALSD  
 DLGN 3673  
 849-1\_M8\_M18\_M20  
 WDSLPHYQIMQLSNLRKITIADFGIEALPPRLDNLTSLLESITLERCKRLQHLNFS DAMPKRLRLWISDCPLLEALSD  
 GLGN 3673  
 852-5\_E14\_E23  
 WDSLPHYQLMQLSDLREITTIADFGIEALPPTLDNLTSLLESITLVRCKQLQHLNFS DAMPKRLRLWIRDCPLLEALSD  
 GLGN 3673  
 852-5\_E28  
 WDSLPHYQLMQLSDLREITTIADFGIEALPPTLDNLTSLLESITLVRCKQLQHLNFS DAMPKRLRLWIRDCPLLEALSD  
 GLGN 3670  
 852-5\_E30  
 WDSLPHYQLMQLSNLRKITIADFGIEALPPRLDNLTSLLESITLERCKRLQHLNFS DAMPKRLRLWISDCPLLEALSD  
 GLGN 3676  
 RH\_D3\_D4\_D7  
 WDSLPHYQLMQLSNLRKITIADFGIEALPPRLDNLTSLLESITLERCKRLQHLNFS DAMPKRLRLWISDCPLLEALSD  
 GLGS 3673  
 Rpi-chc1\_ORF  
 WDSLPHYQLMQLSDLREITTIADFGIEALPPTLDNLTSLLESITLVRCKQLQHLNFS DAMPKRLRLWIRDCPLLEALSD  
 GLGN 3670  
 chc1\_BAC\_B07-1C15  
 WDSLPHYQLMQLSDLREIVIGDFGIEALPPSLDNLTSLLESITLVRCKQLQHLNFS DAMPKRLRLWIRDCPLLEALSD  
 GLGN 3547  
 chc2\_BAC\_B07-1C15  
 WDSLPHYQIMQLSDLREITTIADFGIEALPPRLVNLTSLLESITLVRCKQLQHLNFS DAMPKRLRLWIRDCPLLEALSD  
 GIGN 3547  
 chc\_RGC1\_BAC\_2D06-3D21  
 WDSLPHYQIMQLSDLREITTIADFGIEALPPRLDNLTSLERLSLAGCKWLQHLNFS DAMPKRLRLWISDCPLLEALSD  
 GLGN 3502  
 chc\_RGC2\_BAC\_2D06-3D21  
 WDSLPHYQLMQLSDLIAIKIADFGIEALPPRLDNLTSLERLTLKGCKWLQHLNFS DVMPLKRLWLLWINDCPLLEALSD  
 GLGN 3217  
 RH122B15 c247  
 2959  
 RH122B15 c88-5  
 WDSLPHYQLMQLSLTHIHICDFGIEALPHRFNLTSLLESITLARCQQLQVRVDFSDVMPKRLRYLEIHNCPLEALSD  
 GLGN 3484  
 RH137D14 c13-1  
 WDSLPHYQLMQLSDLREITTIADFGIEALPPRLDNLTSLLESITLVRCKQLQHLNFS DAMPKRLRLWIRDCPLLEALSD  
 GLGN 3742  
 RH137D14 c13-2  
 WDSLPHYQLMQLSNLRKITIADFGIEALPPRLDNLTSLLESITLERCKRLQHLNFS DAMPKRLRLWISDCPLLEALSD  
 GLGS 3673  
 RH77O23 c579-4  
 WDSLPHYQLMQLSALTHIHICDFGIEALPHRLDNLTSLLEITLVRCKWLQHVDFSDAMPKRLRYLRICDCPLLEALSD  
 AFCN 3526  
 RH77O23 c579-5  
 WDSLPHYQFMQLSGLTAIHICGFGIEALPHRFNLTSLLETMLLRCKRLQNLDFS VMPKRLQVLFVYESPLEALSD  
 GLGN 3514  
 RH77O23 c671 WDSLPHYQFMQLSGLTS-----ESRLFLIDLATL LLLER.  
 3358  
 RH77O23 c706-3 WDSLPHYQLLEFSSVTEIGITDFGIKAFP-----  
 IETLELVSCQQLQHL-----LINDCPYLEALSDGLSN 3481

RH77023 c706-4  
WDSLPLYQMLQSLALKEIRIYGFGEALPHRFNLTSLERLHLVGCNRLQHVD FSDMPKQLLWIQDCLLLEDLSN  
GLGN 3523  
ph2 candidate  
WDSLPLYQIMQLSALKNLSDIDFGIEALPHRFNLTSLRTLKRCRRLRHVD FSDAITKLRNLWIQDCPLLEALS  
GLGN 1160

```

Majority LVSLEELYLQDCEKLEHLPSRDAMRRLTKLWNMGIGK-
CPKLEESFTNYS----QWSKISHISNIELGGWR-----RTA
-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
+-----+-----+-----+-----+
1290 1300 1310 1320
1330 1340 1350 1360
-----+-----+-----+-----+
94-2031_L4_L7_L8 LVSLEELYLHDCEKLEHLPSRDAMRRLTKLWNMGIK-
CPKLEESFTNYS----QWSKISHISNIELGGWR-----RTA 3877
324-2_J1_J3_J8 LVSLEELYLHDCEKLEHLPSRDAMRRLTKLWNMGIK-
CPKLEESFTNYS----QWSKISHISNIELGGWR-----RTA 3877
324-2_J2_J5_J6 LVSLEELYLQDCEKLELLPSRDAMRRLTKLWNMGIGK-
CPKLEESFTNYS----QWSKISHISNIELGGWR-----RTA 3880
487-1_I4_I6_I8 LVSLEELYLQDCEKLEHLPSRDAMRRLTKLWNMGIK-
CPKLEESFTNYS----QWSKISHISNIELGGWR-----RTA 3880
493-5_F1_F5_F7 LVSLEELYLQDCEKLELLPSRDAMRRLTKLWNMGIGK-
CPKLEESFTNYS----QWSKISHISNIELGGWR-----RTA 3880
493-7_G2 LVSLEELYLQDCEKLELLPSRDAMRRLTKLWNMGIGK-
CPKLEESFTNYS----QWSKISHISNIELGGWR-----RTA 3880
493-7_G10 LVSLEELYLHDCEKLEHLPSRDAMRRLTKLWNMGIGK-
CPKLEESFTNYS----QWSKISHISNIELGGWR-----RTA 3880
493-7_G12 LVSLEELYLQDCEKLELLPSRDAMRRLTKLWNMGIGK-
CPKLEESFTNYS----QWSKISHISNIELGGWR-----RTA 3880
493-7_G14_G22 LVSLEELYLLDCKKLEGLPSRDAMRRLTKLWNMGIGK-CPKLEKET-----
-----WSKISHIPRIEFGGMII-----KDT 3865
493-7_G19 LVSLEELYLQDCEKLELLPSRDAMRRLTKLWNMGIGK-
CPKLEESFTNYS----QWSKISHISNIELGGWR-----RTA 3880
493-7_G21 LVSLEELYLLDCKKLEGLPSRDAMRRLTKLWNMGIGK-CPKLEKET-----
-----WSKISHIPRIEFGGMII-----KDT 3865
493-9_H5_H30 LVSLEELYLHDCEKLEHLPSRDAMRRLTKLWNMGIGK-
CPKLEESFTNYS----QWSKISHISNIELGGWR-----RTT 3874
493-9_H11_H19_H27 LVSLEELYLQDCEKLELLPSRDAMRRLTKLWNMGIGK-
CPKLEESFTNYS----QWSKISHISNIELGGWR-----RTA 3880
543-5_C2 LVSLEELYLQDCEKLELLPSRDAMRRLTKLWNMGIGK-
CPKLEESFTNYS----QWSKISHISNIELGGWR-----RTA 3880
561-2_K4_K14_K22 LVSLEELYLHDCEKLEHLPSRDAMRRLTKLWNMGIK-
CPKLEESFTNYS----QWSKISHISNIELGGWR-----RTA 3877
561-2_K6_K30_K31 LVSLEELYLLDCKKLEGLPSRDAMRRLTKLWNMGIGK-CPKLEKET-----
-----WSKISHIPRIEFGGMII-----KDT 3865
849-1_M8_M18_M20 LVSLEELYLQDCEKLEHLPSRDAMRRLTKLWNMGIK-
CPKLEESFTNYS----QWSKISHISNIELGGWR-----RTT 3880
852-5_E14_E23 LVSLEELYLHDCEKLEHLPSRDAMRRLTKLWNMGIK-
CPKLEESFTNYS----QWSKISHISNIELGGWR-----RTA 3880
852-5_E28 LVSLEELYLHDCEKLEHLPSRDAMRRLTKLWNMGIK-
CPKLEESFTNYS----QWSKISHISNIELGGWR-----RTA 3877
852-5_E30 LVSLEELYLQDCEKLEHLPSRDAMRRLTKLWNMGIK-
CPKLEESFTNYS----QWSKISHISNIELGGWR-----RTT 3883
RH_D3_D4_D7 LVSLEELYLQDCEKLEHLPSRDAMRRLTKLWNMGIK-
CPKLEESFTNYS----QWSKISHISNIELGGWR-----RTT 3880
Rpi-chc1_ORF LVSLEELYLHDCEKLEHLPSRDAMRRLTKLWNMGIK-
CPKLEESFTNYS----QWSKISHISNIELGGWR-----RTA 3877
chc1_BAC_B07-1C15 LVSLEELYLQDCEKLEHLPSRDAMRRLTKLWNMGIGK-CPKLEESFTN-
S-----QWSKISHISNIELGGWR-----DDR 3754

```



```

chc2_BAC_B07-1C15      LVSLEELYLQDCEKLEHLPSRDAMRRLTKLWNLEIKG-CPKLEESCTN-
S----QWSKISHIPNIEVGGRII-----KDR      3754
chc_RGC1_BAC_2D06-3D21  LVSLQELYLQDCEKLEHLPSRDAMRRLTKLWNLEIEGCPKLEESCTN-
S----QWSKISHIPNIEVGGRII-----KDR      3712
chc_RGC2_BAC_2D06-3D21  PVSLEELYLQDCEKLEHLPSRDAIRRLTKLWNLGIEG-CPKLEENCIN-
S----QWSKISHIRNIEVGGRII-----KDR      3424
RH122B15 c247
2959
RH122B15 c08-5          LVSLEELTLRNCCKLEHLPSQDAMRRLTKLQSLKIKG-
CPKLEESCNNRSGPNSQWSNISHIPKVKVGRSII-----QDL      3706
RH137D14 c13-1          LVSLQELHLQSCCKLENLPSRDAMRRLTKLWNLEIIG-CPKLEESCTN-
S----QWSKISHISYIEVGMII-----NDR      3949
RH137D14 c13-2          IVSLEELYLQDCEKLEHLPSRDAMRRLTKLWNMRIKG-
CPKLEESFTNYS----QWSKISHISNIELGWR-----RTT      3880
RH77023 c579-4          LVSLEELRLNCKCKLEHLPSREAMRRLTKLWYLKIKG-
CPKLEESCNNRSGPNTQWSNISHIPKVKVGRSII-----QDL      3748
RH77023 c579-5          LVTLELLHLENCKELEYLPSRDTMRHLKKLQSLQING-
CPKLEESCTNRSGPNSQWSNISHIQRIEVGRIP-----LYQC      3736
RH77023 c671
3358
RH77023 c706-3          LVSLVELSLSNCKNLQHLPSRDAMRRLTKLRLNLIK-
CPQLEESCTNRSGPNSQWSKISHIPQISVEFTT-----IQDL      3703
RH77023 c706-4          LVTLQQLTLWNSKKLEHLPC.
3586
ph2 candidate           LASLEQLLILNCKKLEHLPSRDAMRRLTKLRILHIVG-
CPQLGESCTKQSGPNSQWSKISHIPDIEVGAFMKITEAMARL      1239

```

Majority			ISLGFSFTF-----
-----			-----+-----+-----+-----
+-----+-----+-----+			
1410	1420	1430	1440
-----+-----+-----+-----			
+-----+-----+-----+			
94-2031_L4_L7_L8			ISLGFSFTF.
3907			
324-2_J1_J3_J8			ISLGFSFTF.
3907			
324-2_J2_J5_J6			ISLGFSFTF.
3910			
487-1_I4_I6_I8			ISLGFSFTF.
3910			
493-5_F1_F5_F7			ISLGFSFTF.
3910			
493-7_G2			ISLGFSFTF.
3910			
493-7_G10			VSLGFSFTF.
3910			
493-7_G12			ISLGFSFTF.
3910			
493-7_G14_G22			CKCWFLFHFLN
3898			
493-7_G19			ISLGFSFTF.
3910			
493-7_G21			CKCWFLFHFLN
3898			
493-9_H5_H30			VSLGFSFTF.
3904			
493-9_H11_H19_H27			ISLGFSFTF.
3910			

561-2\_K4\_K14\_K22  
3907  
561-2\_K6\_K30\_K31  
3898  
849-1\_M8\_M18\_M20  
3910  
852-5\_E14\_E23  
3910  
852-5\_E28  
3907  
852-5\_E30  
3913  
RH\_D3\_D4\_D7  
3910  
Rpi-chc1\_ORF  
3907  
chc1\_BAC\_B07-1C15  
FNGIQQLLSLCDLAVYGRGHWDSPYQIMQLSDLRETTIADFGIEALPPRLDNLTSLERLSLAGCKRLQHLNFSDA  
MPKL 4714  
chc2\_BAC\_B07-1C15 -----  
----- 3790  
chc\_RGC1\_BAC\_2D06-3D21 -----  
----- 3754  
chc\_RGC2\_BAC\_2D06-3D21 -----  
----- 3445  
RH122B15 c247  
2959  
RH122B15 c88-5 -----  
----- 3739  
RH137D14 c13-1 -----  
----- 4000  
RH137D14 c13-2  
3910  
RH77O23 c579-4  
3766  
RH77O23 c579-5  
3784  
RH77O23 c671  
3358  
RH77O23 c706-3 -----  
----- 3748  
RH77O23 c706-4  
3586  
ph2 candidate  
1265

Majority -----  
-----  
+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
1730 1740 1750 1760 1690 1700 1710 1720  
+-----+-----+-----+-----+-----+-----+  
94-2031\_L4\_L7\_L8  
3907  
324-2\_J1\_J3\_J8  
3907  
324-2\_J2\_J5\_J6  
3910  
487-1\_I4\_I6\_I8  
3910

```

487-1_I4_I6_I8
3910
493-5_F1_F5_F7
3910
493-7_G2
3910
493-7_G10
3910
493-7_G12
3910
493-7_G14_G22
3898
493-7_G19
3910
493-7_G21
3898
493-9_H5_H30
3904
493-9_H11_H19_H27
3910
543-5_C2
3910
561-2_K4_K14_K22
3907
561-2_K6_K30_K31
3898
849-1_M8_M18_M20
3910
852-5_E14_E23
3910
852-5_E28
3907
852-5_E30
3913
RH_D3_D4_D7
3910
Rpi-chc1_ORF
3907
chc1_BAC_B07-1C15
GLEKLRITDCPLLKSIPNQFEILRELRIEGVDSEMLLLNLCSNLTSLVHLAVSNVKELTCLPDEMLRNNVSLQHIM
IFHC 4234
chc2_BAC_B07-1C15 -----QIAT-----
----- 3790
chc_RGC1_BAC_2D06-3D21 -----TFMG-----
----- 3754
chc_RGC2_BAC_2D06-3D21 -----IAS-----
----- 3445
RH122B15 c247
2959
RH122B15 c88-5 -----
----- 3739
RH137D14 c13-1 -FY-----ICS-----
----- 3997
RH137D14 c13-2
3910
RH77023 c579-4
3766
RH77023 c579-5
3784
RH77023 c671
3358
RH77023 c706-3 -----
----- 3748

```

RH77023 c706-4  
3586  
ph2 candidate  
1265

```

Majority -----
-----
+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
1570      1580      1590      1600      1530      1540      1550      1560
-----+-----+-----+-----+-----+-----+
94-2031_L4_L7_L8
3907
324-2_J1_J3_J8
3907
324-2_J2_J5_J6
3910
487-1_I4_I6_I8
3910
493-5_F1_F5_F7
3910
493-7_G2
3910
493-7_G10
3910
493-7_G12
3910
493-7_G14_G22
3898
493-7_G19
3910
493-7_G21
3898
493-9_H5_H30
3904
493-9_H11_H19_H27
3910
543-5_C2
3910
561-2_K4_K14_K22
3907
561-2_K6_K30_K31
3898
849-1_M8_M18_M20
3910
852-5_E14_E23
3910
852-5_E28
3907
852-5_E30
3913
RH_D3_D4_D7
3910
Rpi-chc1_ORF
3907
chc1_BAC_B07-1C15
GEFRELPQSLYNLHSLKRLEISSCINFSSFPVPRGDNYLTSLQLFHLCPVEVGIHRLTGRLGLEIGPFSEMVDFDA
FQLI      4474
chc2_BAC_B07-1C15 -----
-----
3790

```

```

chc_RGC1_BAC_2D06-3D21 -----
----- 3754
chc_RGC2_BAC_2D06-3D21 -----
----- 3445
RH122B15 c247
2959
RH122B15 c88-5 -----
----- 3739
RH137D14 c13-1 -----V-
----- 4000
RH137D14 c13-2
3910
RH77O23 c579-4
3766
RH77O23 c579-5
3784
RH77O23 c671
3358
RH77O23 c706-3 -----
----- 3748
RH77O23 c706-4
3586
ph2 candidate
1265

```

```

Majority -----
-----
+-----+-----+-----+-----+
1650      1660      1670      1680      1610      1620      1630      1640
-----+-----+-----+-----+
+-----+-----+-----+
94-2031_L4_L7_L8
3907
324-2_J1_J3_J8
3907
324-2_J2_J5_J6
3910
487-1_I4_I6_I8
3910
493-5_F1_F5_F7
3910
493-7_G2
3910
493-7_G10
3910
493-7_G12
3910
493-7_G14_G22
3898
493-7_G19
3910
493-7_G21
3898
493-9_H5_H30
3904
493-9_H11_H19_H27
3910
543-5_C2
3910

```

```

543-5_C2          ISLGFSFTF.
3910
561-2_K4_K14_K22 ISLGFSFTF.
3907
561-2_K6_K30_K31 XKCWFLFHFLN
3898
849-1_M8_M18_M20 ISLGFSFTF.
3910
852-5_E14_E23     ISLGFSFTF.
3910
852-5_E28         ISLGFSFTF.
3907
852-5_E30         ISLGFSFTF.
3913
RH_D3_D4_D7       ISLGFSFTF.
3910
Rpi-chc1_ORF       ISLGFSFTF.
3907
chc1_BAC_B07-1C15
QYYFPRVPEKKFCTMVKGTOWNVVDIGAVGDSGCTKLENSFFLVETTVCIDGPCRDVFGNVRCMFIPYYFHKIVHA
NVYP              3994
chc2_BAC_B07-1C15 CAKMKIMG-----
-----              3778
chc_RGC1_BAC_2D06-3D21 RTTT--VHS-----LWD-----
-----              3742
chc_RGC2_BAC_2D06-3D21 HYQS-----
-----              3436
RH122B15 c247
2959
RH122B15 c88-5     PQTSGPTNIS-----
-----              3739
RH137D14 c13-1     QYYFPRVPEK-----K-----
-----              3982
RH137D14 c13-2     ISLGFSFTF.
3910
RH77O23 c579-4     HKSHF.
3766
RH77O23 c579-5     LSKSLFLFQFPSRIF.
3784
RH77O23 c671
3358
RH77O23 c706-3     RKFLFLFSFQSFSFN-----
-----              3748
RH77O23 c706-4
3586
ph2 candidate      IGETLEVTEPFHRKFDFARQIFFGTEI
1265

```

```

Majority -----
-----
+-----+-----+-----+
1490      1500      1510      1520      1450      1460      1470      1480
-----+-----+-----+
+-----+-----+-----+
94-2031_L4_L7_L8
3907
324-2_J1_J3_J8
3907
324-2_J2_J5_J6
3910

```

```

493-5_F1_F5_F7
3910
493-7_G2
3910
493-7_G10
3910
493-7_G12
3910
493-7_G14_G22
3898
493-7_G19
3910
493-7_G21
3898
493-9_H5_H30
3904
493-9_H11_H19_H27
3910
543-5_C2
3910
561-2_K4_K14_K22
3907
561-2_K6_K30_K31
3898
849-1_M8_M18_M20
3910
852-5_E14_E23
3910
852-5_E28
3907
852-5_E30
3913
RH_D3_D4_D7
3910
Rpi-chc1_ORF
3907
chc1_BAC_B07-1C15
WLLWISDCPLLEALS DGLGNLVSLEDLYIGNCKKLEHLPSRDAMQHLTKLRNLRIEGCPKLEENCTNSQWSKISHI
PRIN 4954
chc2_BAC_B07-1C15 -----
----- 3790
chc_RGC1_BAC_2D06-3D21 -----
----- 3754
chc_RGC2_BAC_2D06-3D21 -----
----- 3445
RH122B15 c247
2959
RH122B15 c88-5 -----
----- 3739
RH137D14 c13-1 -----
----- 4000
RH137D14 c13-2
3910
RH77023 c579-4
3766
RH77023 c579-5
3784
RH77023 c671
3358
RH77023 c706-3 -----
----- 3748
RH77023 c706-4
3586

```

ph2 candidate  
1265

```

Majority -----
-----
+-----+-----+-----+-----+-----+-----+
1810      1820      1830      1840      1770      1780      1790      1800
-----+-----+-----+-----+-----+-----+
94-2031_L4_L7_L8
3907
324-2_J1_J3_J8
3907
324-2_J2_J5_J6
3910
487-1_I4_I6_I8
3910
493-5_F1_F5_F7
3910
493-7_G2
3910
493-7_G10
3910
493-7_G12
3910
493-7_G14_G22
3898
493-7_G19
3910
493-7_G21
3898
493-9_H5_H30
3904
493-9_H11_H19_H27
3910
543-5_C2
3910
561-2_K4_K14_K22
3907
561-2_K6_K30_K31
3898
849-1_M8_M18_M20
3910
852-5_E14_E23
3910
852-5_E28
3907
852-5_E30
3913
RH_D3_D4_D7
3910
Rpi-chc1_ORF
3907
chc1_BAC_B07-1C15
VDGRIIKDRHYQSVLCFQHACPLELNCSSSNSSSMVAGSKRLCGKSSQIVTRGTTSVILYEEQHSTVDSLWDTLM
SIWV      5194
chc2_BAC_B07-1C15      -----FCFSGDCG-----
-----3814-----
chc_RGC1_BAC_2D06-3D21 -----IWVLNNLEF-----
-----3781-----

```



```

chc_RGC2_BAC_2D06-3D21 -----MLCFQHSACP-----
-----3475
RH122B15 c247
2959
RH122B15 c88-5 -----
-----3739
RH137D14 c13-1 -----VD-----
F--H-----4012
RH137D14 c13-2
3910
RH77023 c579-4
3766
RH77023 c579-5
3784
RH77023 c671
3358
RH77023 c706-3 -----
-----3748
RH77023 c706-4
3586
ph2 candidate
1265

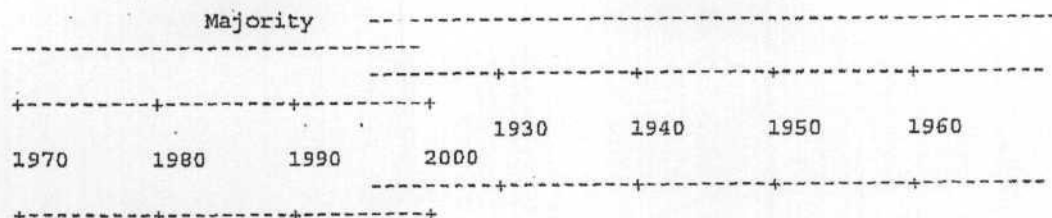
```

```

Majority -----
-----+-----+-----+-----+
+-----+-----+-----+
1890      1900      1910      1920      1850      1860      1870      1880
-----+-----+-----+-----+
+-----+-----+-----+
94-2031_L4_L7_L8
3907
324-2_J1_J3_J8
3907
324-2_J2_J5_J6
3910
487-1_I4_I6_I8
3910
493-5_F1_F5_F7
3910
493-7_G2
3910
493-7_G10
3910
493-7_G12
3910
493-7_G14_G22
3898
493-7_G19
3910
493-7_G21
3898
493-9_H5_H30
3904
493-9_H11_H19_H27
3910
543-5_C2
3910
561-2_K4_K14_K22
3907

```

561-2\_K6\_K30\_K31  
 3898  
 849-1\_M8\_M18\_M20  
 3910  
 852-5\_E14\_E23  
 3910  
 852-5\_E28  
 3907  
 852-5\_E30  
 3913  
 RH\_D3\_D4\_D7  
 3910  
 Rpi-chc1\_ORF  
 3907  
 chc1\_BAC\_B07-1C15 LNNLFGELKSTYETSKTQMRSYMCIDEDIGSN-----  
 ---GWSLVSM DAVGRMLWYKGNLGGIGAF 5371  
 chc2\_BAC\_B07-1C15 ---CTKLESSSYKMNILOQYEVTIHTN---N-----  
 ---LQPTISQETPQIT----- 3925  
 chc\_RGC1\_BAC\_2D06-3D21 -----  
 ELKSTYETSKTQKCIGCSMRSYTGLSSVFAWPCLSFYSPLLMSDPLLSQPLVSM DAVGRMLWYKGNLGGIATF  
 4003  
 chc\_RGC2\_BAC\_2D06-3D21 -----LELICCSSNSSS-----  
 -----MVTSSKVM--L----- 3538  
 RH122B15 c247  
 2959  
 RH122B15 c88-5 -----HIPKIEVVGSLIPISKVILEHCCG-----  
 ISSENFWAAITSGELSIRILLPSLHKAGKFKE  
 3907  
 RH137D14 c13-1 -----LKSIFTSLSTQG-----T-----  
 ---DNNVVDIGAVG----- 4084  
 RH137D14 c13-2  
 3910  
 RH77023 c579-4  
 3766  
 RH77023 c579-5  
 3784  
 RH77023 c671  
 3358  
 RH77023 c706-3 -----PLELFDTFEIFTPLKMCFN-----  
 ---HQSLYSLS. 3832  
 RH77023 c706-4  
 3586  
 ph2 candidate  
 1265



94-2031\_L4\_L7\_L8  
 3907  
 324-2\_J1\_J3\_J8  
 3907  
 324-2\_J2\_J5\_J6  
 3910  
 487-1\_I4\_I6\_I8  
 3910

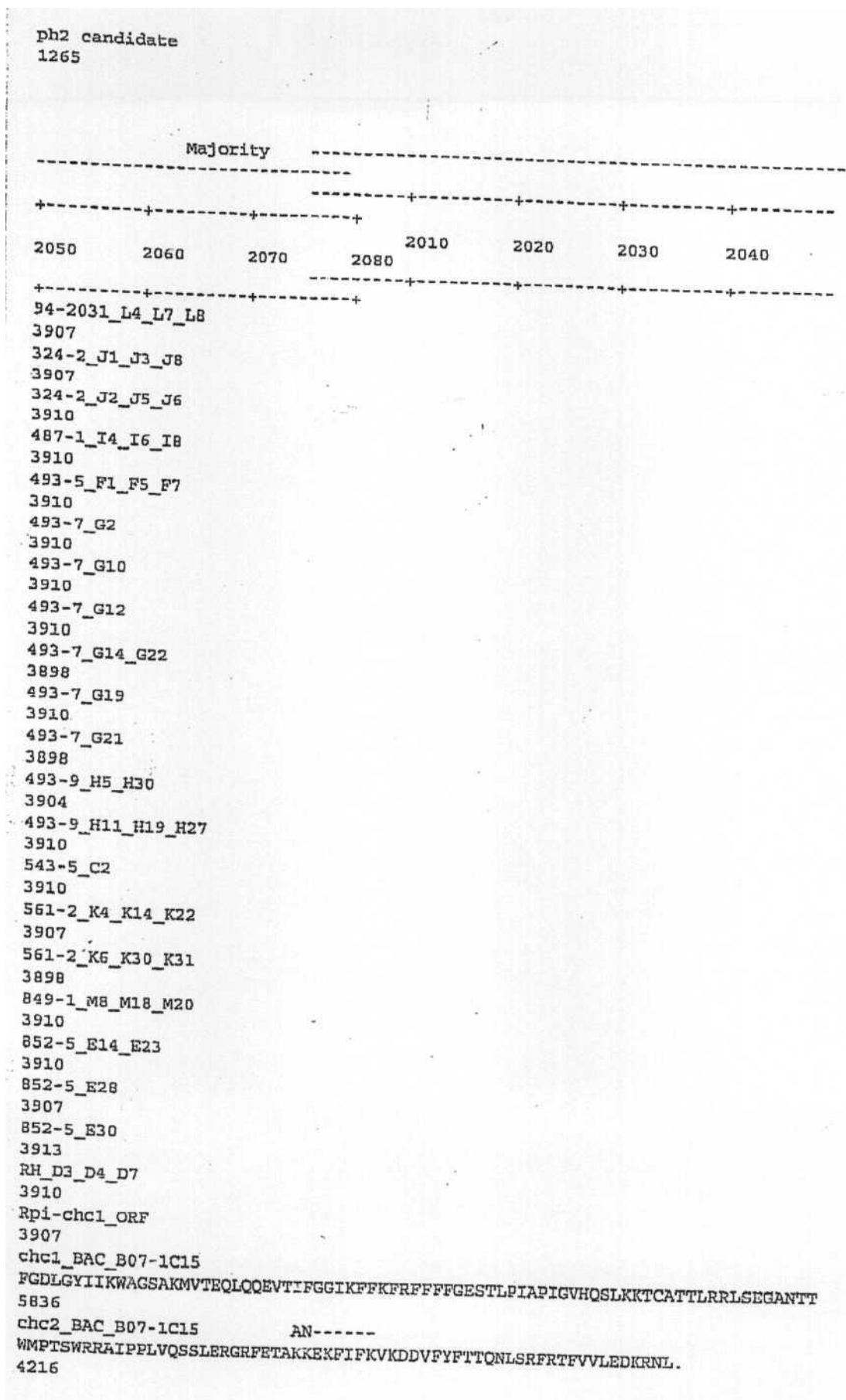
```

493-5_F1_F5_F7
3910
493-7_G2
3910
493-7_G10
3910
493-7_G12
3910
493-7_G14_G22
3898
493-7_G19
3910
493-7_G21
3898
493-9_H5_H30
3904
493-9_H11_H19_H27
3910
543-5_C2
3910
561-2_K4_K14_K22
3907
561-2_K6_K30_K31
3898
849-1_M8_M18_M20
3910
852-5_E14_E23
3910
852-5_E28
3907
852-5_E30
3913
RH_D3_D4_D7
3910
Rpi-chc1_ORF
3907
chc1_BAC_B07-1C15
CFSGDCGCTKLESSSNAPCVGCVSVSSLAREIAICKLICIWQNVNWRSRKGSKEQLLPVTLDFSTMYMGHIGTFC
ISGA 5611
chc2_BAC_B07-1C15 ----TFICSRSQSGN-----RHIK-----
-----NKKRHGLRFDITFQGA 4021
chc_RGC1_BAC_2D06-3D21 CFSGDCGCTKLESLSMGLVEMQLSDLREIEIADFGIEAFPPRLDN-----
-----LISLERLTLVRCKRLQHLNPSDA 4207
chc_RGC2_BAC_2D06-3D21 ----ERQCGKSS,
3565
RH122B15 c247
2959
RH122B15 c88-5 FMIFRCSCTFMEGDVDIFVRFYKRHKNYWHNT.
4006
RH137D14 c13-1 ----DSGCTKLENSR-----
-----TISP-----FIK TSA 4147
RH137D14 c13-2
3910
RH77O23 c579-4
3766
RH77O23 c579-5
3784
RH77O23 c671
3358
RH77O23 c706-3
3832
RH77O23 c706-4
3586

```

ph2 candidate  
1265

Majority							
2050	2060	2070	2080	2010	2020	2030	2040
94-2031_L4_L7_L8							
3907							
324-2_J1_J3_J8							
3907							
324-2_J2_J5_J6							
3910							
487-1_I4_I6_I8							
3910							
493-5_F1_F5_F7							
3910							
493-7_G2							
3910							
493-7_G10							
3910							
493-7_G12							
3910							
493-7_G14_G22							
3898							
493-7_G19							
3910							
493-7_G21							
3898							
493-9_H5_H30							
3904							
493-9_H11_H19_H27							
3910							
543-5_C2							
3910							
561-2_K4_K14_K22							
3907							
561-2_K6_K30_K31							
3898							
849-1_M8_M18_M20							
3910							
852-5_E14_E23							
3910							
852-5_E28							
3907							
852-5_E30							
3913							
RH_D3_D4_D7							
3910							
Rpi-chc1_ORF							
3907							
chc1_BAC_B07-1C15							
FGDLGYIIKWAGSAKMVTEQLQQEVTIFGGIKFFKFRFFFFGESTLPIAPIGVHQSLLKKTTCATTLRRLSEGANTT							
5836							
chc2_BAC_B07-1C15							
AN-----							
WMPTSWRRRAIPPLVQSSLERGRFETAKKEKFIFKVKDDVFYF'fTQNLRSRFTFVVLEDKRNL.							
4216							



chc\_RGC1\_BAC\_2D06-3D21  
 MPKLQDLWINDCPLEALLDGLRNLVSLQELHLRNYEKLHLPSRDAMRRLTKLWKLDIIGCPKLQESCTNSQWSK  
 ISHI 4447  
 chc\_RGC2\_BAC\_2D06-3D21  
 3565  
 RH122B15 c247  
 2959  
 RH122B15 c88-5  
 4006  
 RH137D14 c13-1 N-----EGLQQR.  
 4171  
 RH137D14 c13-2  
 3910  
 RH77023 c579-4  
 3766  
 RH77023 c579-5  
 3784  
 RH77023 c671  
 3358  
 RH77023 c706-3  
 3832  
 RH77023 c706-4  
 3586  
 ph2 candidate  
 1265

Majority -----  
 -----+  
 2090  
 -----+

94-2031\_L4\_L7\_L8  
 3907  
 324-2\_J1\_J3\_J8  
 3907  
 324-2\_J2\_J5\_J6  
 3910  
 487-1\_I4\_I6\_I8  
 3910  
 493-5\_F1\_F5\_F7  
 3910  
 493-7\_G2  
 3910  
 493-7\_G10  
 3910  
 493-7\_G12  
 3910  
 493-7\_G14\_G22  
 3898  
 493-7\_G19  
 3910  
 493-7\_G21  
 3898  
 493-9\_H5\_H30  
 3904  
 493-9\_H11\_H19\_H27  
 3910  
 543-5\_C2  
 3910  
 561-2\_K4\_K14\_K22  
 3907  
 561-2\_K6\_K30\_K31  
 3898

849-1\_MB\_M18\_M20  
 3910  
 852-5\_E14\_E23  
 3910  
 852-5\_E28  
 3907  
 852-5\_E30  
 3913  
 RH\_D3\_D4\_D7  
 3910  
 Rpi-chc1\_ORF  
 3907  
 chc1\_BAC\_B07-1C15  
 5836  
 chc2\_BAC\_B07-1C15  
 4216  
 chc\_RGC1\_BAC\_2D06-3D21      PRIEVVLNE.  
 4477  
 chc\_RGC2\_BAC\_2D06-3D21  
 3565  
 RH122B15 c247  
 2959  
 RH122B15 c88-5  
 4006  
 RH137D14 c13-1  
 4171  
 RH137D14 c13-2  
 3910  
 RH77O23 c579-4  
 3766  
 RH77O23 c579-5  
 3784  
 RH77O23 c671  
 3358  
 RH77O23 c706-3  
 3832  
 RH77O23 c706-4  
 3586  
 ph2 candidate  
 1265

---

Комп'ютерна верстка А. Крижанівський

---

Державна служба інтелектуальної власності України, вул. Василя Липківського, 45, м. Київ, МСП, 03680, Україна

---

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